

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES MORFO-AGRONÔMICOS ENTRE CULTIVARES DE MARACUJÁ (*Passiflora* sp.)

Freitas, J.C.¹; Santos, H.N.²; Silva, R.A.M.³

1. Engenheiro agrônomo, discente egresso, Instituto Federal do Pará/IFPA, novosaborcda1995@gmail.com.
2. Engenheiro agrônomo, discente egresso, Instituto Federal do Pará/IFPA, hitallo.neres17@gmail.com.
3. Engenheiro agrônomo, docente, Instituto Federal do Pará/IFPA, ricardo.silva@ifpa.edu.br.

Resumo: O Brasil ocupa o posto de maior produtor e consumidor mundial de maracujá, porém com baixas produtividades, o que pode ser melhorado observando os fatores limitantes da cultura e a ampla variabilidade presente em espécies do gênero *Passiflora* que possa refletir a necessidade do melhoramento genético no desenvolvimento de cultivares para caracteres fenotípicos desejáveis. O objetivo visa quantificar a variabilidade estimando os parâmetros genéticos para caracteres morfo-agronômico entre cultivares melhoradas de maracujá. No estudo avaliou-se 12 caracteres morfo-agronômicos para cinco genótipos de cultivares de *Passiflora* sp. em um delineamento experimental em blocos ao acaso com quatro repetições e parcelas perdidas realizados na Fazenda Novo Sabor, Conceição do Araguaia-PA. A análise de variância mostrou-se significativo a 1% de probabilidade para os caracteres CLF1 e CTF1, com reflexos em baixos valores de CV_e% (<10%) para CLF1 (7,46%), RLT1 (7,75%), CLF2 (8,32%) e CTF2 (7,13%). Enquanto que a h²_m apresentou valores altos (≥40%) para variáveis CLF1 (85,10%), CTF1 (84,17%), RLT1 (74,15%), CLF2 (79,02%), ESC (78,47%) e REP (78,07%). Para o teste de comparação de médias de Tukey a 5% de probabilidade, a cultivar em destaque foi a Gigante Amarelo para os descritores CLF1 e CTF1. Assim, conclui-se que a variabilidade observada para os caracteres estudados podem ser objeto de seleção para futuros programas de melhoramento.

Palavras chave: análise univariada, cultivares, descritores fenotípicos, parâmetros genéticos.

ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS FOR MORPHO-AGRONOMIC CHARACTERS AMONG CULTIVARS OF PASSION FRUIT (*Passiflora* sp.)

Abstract: Brazil is the world's largest producer and consumer of passion fruit, but with low yields, which can be improved by observing the limiting factors of the crop and the wide variability present in species of the *Passiflora* genus that may reflect the need for genetic improvement in development of cultivars for desirable phenotypic characters. The objective is to quantify the variability by estimating the genetic parameters for morpho-agronomic traits among improved passion fruit cultivars. The study evaluated 12 morpho-agronomic characters for five genotypes of cultivars of *Passiflora* sp. in a randomized block experimental design with four replications and lost plots carried out at Fazenda Novo Sabor, Conceição do Araguaia-PA. The analysis of variance was significant at 1% probability for the characters CLF1 and CTF1, with reflections in low values of CV_e% (<10%) for CLF1 (7,46%), RLT1 (7,75%), CLF2 (8,32%) and CTF2 (7,13%). While h²_m presented high values (≥40%) for variables CLF1 (85,10%), CTF1 (84,17%), RLT1 (74,15%), CLF2 (79,02%), ESC (78,47%) and REP (78,07%). For the Tukey mean comparison test at 5% probability, the cultivar highlighted was the Yellow Giant for the descriptors CLF1 and CTF1. Thus, it is concluded that the variability observed for the studied characters can be the object of selection for future breeding programs.

Key words: univariate analysis, cultivars, phenotypic descriptors, genetic parameters.

Introdução:

O Brasil tem posição de destaque na fruticultura mundial no cultivo de maracujá,

principalmente com o lançamento de cultivares melhoradas que possibilitaram a expansão de novas fronteiras agrícolas. Porém algumas limitações que desencadeiam baixa produtividade em frutos de maracujá estão associadas ao uso inadequada de variedades, mudas contaminadas por fungos e de origem duvidosa, falta de esquema apropriado de adubação e corretivos para acidez do solo, e manejos inadequados ou falta deles para irrigação, pragas, doenças e polinização manual. Assim, na tentativa de alcançar altas produtividades é necessário considerar aqueles fatores limitantes, bem como a ampla variabilidade presente em espécies do gênero *Passiflora* que possam refletir a necessidade do melhoramento genético no desenvolvimento de variedades com atributos agronômicos desejáveis, seja para sua introdução direta nos sistemas de produção, assim como para aqueles passíveis de serem utilizados em programas de melhoramento. Então, o objetivo deste trabalho visa quantificar a variabilidade estimando os parâmetros genéticos para caracteres morfo-agronômico entre cultivares melhoradas de maracujá.

Material e Métodos:

O material utilizado foram sementes de frutos de maracujá (*Passiflora* sp.) de quatro cultivares melhoradas da Embrapa Cerrados/DF, entre eles estão BRS Gigante Amarelo, BRS Pérola do Cerrado, BRS Rubi do Cerrado, BRS Mel do Cerrado e uma testemunha de ocorrência natural da região objeto do estudo. O delineamento empregado foi o blocos ao acaso com quatro repetições e cinco tratamentos distribuídos em 20 parcelas localizada na Fazenda Novo Sabor, município de Conceição do Araguaia/PA.

Os descritores morfo-agronômicos empregados na caracterização foram: comprimento longitudinal das folhas (CLF1); comprimento transversal das folhas (CTF1); relação do comprimento longitudinal e transversal das folhas (RLT1); comprimento do pecíolo, (CPE); comprimento longitudinal do fruto (CLF2); comprimento transversal do fruto (CTF2); relação do comprimento longitudinal e transversal do fruto (RLT2); espessura da casca (ESC); massa média do fruto (MMF); massa média da casca (MMC); massa média da polpa (MMP); e rendimento de polpa (REP).

Os dados foram submetidos à análise variância (ANAVA) ao programa estatístico GENES (CRUZ, 2008), opção “*blocos casualizados com parcelas perdidas*”, resultando em quadrados médios entre amostras, confrontando-os com testes de hipóteses e comparação de médias (teste Tukey a 5% de probabilidade), gerando também a média geral e as estimativas componentes de variância associados aos efeitos de variância genética (V_g); ambiental (V_e); e fenotípica (V_f), bem como parâmetros genéticos para herdabilidade da média de genótipos (h^2_m); coeficiente de variação genética ($CV_g\%$); e ambiental ($CV_e\%$).

Resultados e Discussão:

A análise de variância apresentou valores para quadrados médios altamente significativos a 1% de probabilidade para os caracteres CLF1 e CTF1, e significativos a 5% de probabilidade para os caracteres RLT1, CTF2, ESC e REP, quanto submetidos ao teste F, Fisher (Tabela 1). Outra variação notável foi aquela que garante precisão ao ensaio, como o coeficiente de variação ambiental ($CV_e\%$), o que exibiu valores abaixo de 10% para os caracteres CLF1 (7,46%), RLT1 (7,75%), CTF2 (8,32%) e CLF2 (7,13%), sendo assim considerados de ótima acurácia.

Jesus et al. (2014) encontraram resultados muito próximas desta pesquisa quando obtiveram variações para características morfo-agronômica com valores médios de 10,74 cm para comprimento da planta; e 13,02 cm para largura da planta, estando as duas características associadas a atividade fotossintética, bem como valores médios de 5,75 cm para diâmetro transversal do fruto; e 31,57%, de rendimento de polpa, essas variáveis estão diretamente relacionadas a produtividade e conseqüentemente irão produzir frutos com melhor competitividade no mercado.

Tabela 1. Quadrados médios, componentes de variância e estimativas de parâmetros genéticos entre 12 caracteres morfo-agronômicos em cinco cultivares de maracujá (*Passiflora* sp.). Fazenda Novo Sabor, Conceição do Araguaia-PA, 2019.

Fonte de variação ²	GL	Quadrado Médios (QM) ¹					
		CLF1 (cm)	CTF1 (cm)	RLT1 (cm)	CPE (cm)	CLF2 (mm)	CTF2 (mm)
Tratamento	4	19,6455**	75,2382**	0,0847*	3,03823 ^{NS}	152,1278 ^{NS}	697,3201*
Bloco	3	0,5984	1,6625	0,0013	0,7214	25,9303	196,8960
Resíduo	12	2,9269	11,9038	0,0219	1,4014	93,61414	146,3205
V_g	-	4,1796	15,8336	0,0157	0,4091	16,3294	153,7673
V_f	-	4,9113	18,8095	0,0211	0,7595	42,4542	194,6009
V_e	-	0,7317	2,9759	0,0054	0,3503	26,1248	40,8336
h²_m	-	85,10	84,18	74,15	53,87	38,46	79,02
CV_g%	-	17,83	23,78	13,23	16,56	5,64	16,15
CV_e%	-	7,46	10,31	7,75	15,33	7,13	8,32
Média geral	-	11,4598	16,731	0,947	3,860	71,589	76,773

Fonte de variação ²	GL	Quadrado Médios (QM) ¹					
		RLT2 (cm)	MMF (g)	ESC (mm)	MMC (g)	MMP (g)	REP (%)
Tratamento	4	0,1332 ^{NS}	6718,2724 ^{NS}	22,9704*	2222,1491 ^{NS}	583,8889 ^{NS}	619,5889*
Bloco	3	0,0634	1026,0667	12,9807	242,6195	495,0509	116,0014
Resíduo	12	0,0888	4527,4736	4,9454	1412,3435	642,0381	135,8664
V_g	-	0,0123	611,3857	5,0302	225,9922	14,5373	29,7375
V_f	-	0,0371	1874,8667	6,4103	620,1346	145,9722	172,9085
V_e	-	0,0248	1263,4810	1,3801	394,1423	160,5095	37,9162
h²_m	-	33,28	32,61	78,47	36,44	9,95	17,18
CV_g%	-	10,09	18,57	26,55	18,88	8,19	13,96
CV_e%	-	14,33	26,70	13,91	24,93	27,21	15,76
Média geral	-	1,0988	133,1105	8,4461	79,6183	46,5555	39,0705

¹Comprimento longitudinal da folha (CLF1); comprimento transversal da folha (CTF1); relação do comprimento longitudinal e transversal da folha (RLT1); comprimento do pecíolo (CPE); comprimento longitudinal do fruto (CTF2); comprimento transversal do fruto (CTF2); relação do comprimento longitudinal e transversal do fruto (RLT2); massa média do fruto (MMF); espessura da casca (ESC); massa média da casca (MMC); massa média da polpa (MMP); e rendimento de polpa (REP).² variância genotípica (V_g); variância ambiental (V_e); variância fenotípica (V_f); herdabilidade da média de genótipos (h²_m); coeficiente de variação genética (CV_g%); coeficiente de variação residual (CV_e%); e média geral.

Quanto as estimativas de parâmetros genéticos constatou-se considerável variabilidade genética em vista da magnitude da variância genética (V_g) e coeficiente de variação genética (CV_g%) para os caracteres CLF1, CTF1, RLT1, CTF2 e ESC. Já a herdabilidade média de genótipos (h²_m), este serve para indicar o quanto da variação fenotípica é de origem genética, e que valores maiores que 40% são vistos como excelentes para fins de seleção de indivíduos. Assim, os resultados na tabela 1 demonstraram h²_m alta para os caracteres CLF1 (85,10%), CTF1 (84,18%), RLT1 (74,15%), CTF2 (79,02%) e ESC (78,47%), o que pode ser explicado pela variabilidade genética expressa pelo CV_g% associada ao baixo valor do CV_e%.

Gonçalves et al. (2007) estimaram coeficientes de herdabilidade alta em uma população de maracujá-amarelo com 85,33% e 69,83% para os descritores largura do fruto e espessura da casca, respectivamente, demonstrando semelhança aos caracteres CTF2 e ESC neste estudo.

Para análise de comparação de médias pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade foi evidenciado diferenças entre os tratamentos para os caracteres CLF1, CTF1, RLT1, CTF2, ESC e REP (Tabela 2), com a cultivar Gigante Amarelo obtendo média diferenciada das demais cultivares para os caracteres CLF1 e CTF1, enquanto que a cultivar Mel do Cerrado se destacou para os descritores RLT1 e ESC.

Atáides et al. (2004) também observaram diferenças não significativas para o caráter massa da casca (MC) e diâmetro longitudinal dos frutos (DL) se comparadas as médias dos cultivares FB-100, FB-200, BRS Rubi do Cerrado, BRS Ouro Vermelho, BRS Sol do Cerrado,

BRS Gigante Amarelo quando avaliados no ano/safra em 2012, o que evidenciou similaridade com a pesquisa para os descritores MMC e CLF2.

Tabela 2. Comparação de médias entre 12 caracteres morfo-agronômicos em cinco cultivares de maracujá (*Passiflora* sp.) pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Fazenda Novo Sabor, Conceição do Araguaia-PA, 2019.

CLF1		CTF1		RLT1		CPE	
Trat. ¹	Médias (cm)						
1	18,19 a	1	22,65 a	3	1,18 a	1	5,35 a
4	15,86 ab	4	19,57 ab	2	0,99 ab	4	3,83 a
3	14,64 ab	5	15,87 ab	1	0,86 ab	2	3,55 a
5	13,42 b	2	12,88 b	5	0,85 b	3	3,38 a
2	12,52 b	3	12,66 b	4	0,84 b	5	3,17 a

CLF2		CTF2		RLT2		MMF	
Trat. ¹	Médias (mm)	Trat. ¹	Médias (mm)	Trat. ¹	Médias (mm)	Trat. ¹	Médias (g)
1	80,64 a	2	86,83 a	2	1,37 a	1	195,29 a
4	73,74 a	1	83,13 a	5	1,19 a	3	136,25 a
2	71,15 a	5	83,09 a	4	1,07 a	5	134,44 a
5	64,92 a	4	77,37 a	1	1,03 a	4	113,82 a
3	64,77 a	3	48,70 b	3	0,78 a	2	73,78 a

ESC		MMC		MMP		REP	
Trat. ¹	Médias (mm)	Trat. ¹	Médias (g)	Trat. ¹	Médias (g)	Trat. ¹	Médias (%)
3	12,37 a	1	98,55 a	1	66,78 a	2	65,64 a
4	10,05 ab	3	95,01 a	2	47,26 a	5	38,89 b
1	7,78 bc	4	87,71 a	5	45,10 a	1	35,23 b
5	6,84 bc	5	76,36 a	3	38,7 a	4	33,57 b
2	5,31 c	2	31,29 a	4	35,31 a	3	27,90 b

¹Tratamentos: Gigante Amarelo (1); Pérola do Cerrado (2); Mel do Cerrado (3); Rubi do Cerrado (4); Maracujá nativo (5).

Conclusões:

As avaliações do material genético são promissoras para os caracteres CLF1, CTF1, RLT1, CTF2, ESC e REP, tendo a estimativa de herdabilidade das cultivares Gigante do Cerrado, Mel do Cerrado e Pérola do Cerrado como boa indicação para seleção de indivíduos superiores e criação de nova variabilidade genética.

Referências Bibliográficas:

ATAÍDES E. M. et al. Produtividade e característica de frutos de seis cultivares de maracujazeiro azedo no Semiárido Pernambucano. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 23. 2014, Cuiabá. **Anais...** Cuiabá, MT: Sociedade Brasileira de Fruticultura. 2014.

CRUZ, C. D. **Programa genes: diversidade genética**. Ed. Viçosa, MG: UFV. 2008. 278 p.

JESUS, F. N. et al. **Caracterização morfoagronômica de acessos da coleção de maracujá da Embrapa Mandioca e Fruticultura**. Cruz das Almas, BA: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2014. (Embrapa Mandioca e fruticultura. Boletim de Pesquisa, 61).

GONÇALVES, G. M. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 42, n. 2, p.193-198, fev. 2007.

