

Caracterização de genótipos de *Passiflora* spp. para subsidiar o desenvolvimento de novos híbridos

Luana Nascimento da Silva¹, Filipe Silva Aguiar², Lucas Kennedy Silva Lima³, Taliane Leila Soares⁴, Onildo Nunes de Jesus⁴

¹Estudante de Engenharia Agrônoma da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - UFRB, bolsista Fapesb, luahnascimento@outlook.com; ²Engenheiro Agrônomo da UFRB felipeaguiiar@hotmail.com; ³Pós-doutorando Jr. da Embrapa Mandioca e Fruticultura, bolsista PDJ-CNPq, lucas18kennedy@gmail.com; ⁴Bolsista de Pós-Doutorado PNP/CAPEs, talialeila@gmail.com; ⁴Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, onildo.nunes@embrapa.br

O gênero *Passiflora* é o mais representativo da família Passifloraceae com mais de 500 espécies, porém poucas são exploradas economicamente. A espécie *Passiflora edulis* Sims (maracujazeiro amarelo) é considerada a mais importante economicamente, sendo responsável por cerca de 95% da produção nacional. Entretanto, as espécies silvestres de *Passiflora* são pouco exploradas e estudadas apesar da sua importância como fonte de alelos de resistência a fatores bióticos e abióticos e também tem amplo potencial farmacológico e ornamental. Dessa forma, trabalhos de caracterização são essenciais para identificar as potencialidades dos genótipos presentes nos Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs). Portanto, o objetivo deste trabalho foi caracterizar genótipos de *Passiflora* spp. do BAG-Maracujá da Embrapa Mandioca e Fruticultura por meio de descritores morfoagronômicos. O experimento foi realizado em condições de campo e os frutos foram avaliados no Laboratório de Pós-colheita. Para a caracterização morfológica foram avaliados 53 genótipos de *Passiflora* spp. com uso de 54 descritores qualitativos que fazem parte da lista dos descritores morfoagronômicos ilustrados para *Passiflora* spp., incluindo atributos relacionados à folha, flor e ramo. Também foi avaliada a qualidade físico-química dos frutos de 113 genótipos de *Passiflora* spp. com base nos seguintes caracteres: peso do fruto, comprimento e diâmetro do fruto, relação comprimento/diâmetro do fruto, espessura de casca, peso da casca, peso da polpa sem sementes, teor de sólidos solúveis totais, rendimento do suco, acidez titulável e ratio. Para análise morfológica dos dados qualitativos foi considerada a moda de três repetições para cada descritor, enquanto para os dados físico-químicos dos frutos foram estimadas as médias da avaliação de cinco frutos por genótipo. Os dados morfológicos foram submetidos à análise multivariada utilizando como medida de dissimilaridade o coeficiente de coincidência simples e o método de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Grouped Method Average*). Com base na matriz de dissimilaridade genética dos 53 genótipos de maracujazeiro obtida a partir dos dados de caracterização morfológica, observou-se uma dissimilaridade média de 0,35 e coeficiente de correlação cofenética (CC) de 0,90, indicando boa representação das distâncias no dendrograma. De acordo com a análise de agrupamento realizada com base nas distâncias genéticas utilizando-se o método UPGMA, observou-se a subdivisão dos 53 genótipos em três grupos a partir da distância de Gower. O grupo I foi constituído de 46 genótipos (86,8%), pertencentes a três espécies de *Passiflora*, sendo 34 de *P. edulis*, 2 de *P. gibertii* N.E.Br. e 10 *P. cincinnata* Mast. O grupo II formado por cinco genótipos, todos pertencentes a *P. setacea* D.C. Já o grupo III alocou apenas dois genótipos sendo um *P. malacophylla* Mast e um *P. cincinnata* Mast. Com relação a matriz de dissimilaridade dos 115 genótipos de maracujazeiro obtida a partir dos dados de caracterização física e química dos frutos verificou-se uma dissimilaridade média de 0,67 com CC de 0,75. A maior distância genética entre os genótipos de maracujazeiro, calculadas aos pares, a partir da distância de Gower, foi observada entre o BGP274 (*P. cincinnata*) e o BGP009 (*P. edulis*) com 0,78. Por outro lado, os genótipos BGP274 e o BGP332 de *P. edulis* não divergiram para os caracteres avaliados. Para a caracterização físico-química a análise de cluster permitiu a formação de cinco grupos. Os grupos I e II foram representados por 48 e 35 genótipos, todos pertencentes a *P. edulis*. O grupo III reuniu 30 genótipos, sendo 17 de *P. cincinnata* e 13 de *P. edulis*. Já os grupos IV e V foram representados por apenas um genótipo (BGP349 de *P. cincinnata*) e (BGP117 de *P. edulis*), respectivamente, sugerindo que esses indivíduos apresentaram uma maior divergência genética com os demais genótipos estudados. Os resultados confirmam que os genótipos de maracujazeiro avaliados possuem divergência genética para o conjunto de variáveis morfoagronômicas avaliadas, podendo estes serem utilizados como fonte de variabilidade genética para futuros programas de melhoramento, visando maior heterose ou ganho com a seleção.

Significado e impacto do trabalho: O melhoramento do maracujá é um processo demorado dividido em várias etapas, dentre elas a caracterização que é fundamental para identificação e seleção de plantas produtivas e com bons atributos de fruto. Esse trabalho identificou ampla variação genética entre as plantas avaliadas tanto os caracteres morfológicos como para as características do fruto. Essas informações podem ser utilizadas para a obtenção de novas cultivares com características interessantes para o consumidor.