

XII Congresso
Fluminense
de Iniciação Científica
e Tecnológica



V Congresso
Fluminense
de Pós-Graduação

Ciência para o Desenvolvimento Sustentável

Parâmetros genéticos para características do fruto de seis famílias de irmãos completos de maracujazeiro-azedo oriundas de RC₂ visando resistência ao CABMV

Débora Souza Mendes, Fernando Henrique de Barros Walter, Ravena Ferreira Vidal, Natan Ramos Cavalcante, Deurimar Herênio Gonçalves Junior, Sandra da Costa Preisigke, Alexandre Pio Viana

A virose do endurecimento dos frutos, causada pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV), é considerada uma das doenças de maior importância econômica na cultura do maracujazeiro-azedo (*Passiflora edulis*). A doença afeta severamente a qualidade e o valor comercial dos frutos, além de reduzir drasticamente o período de vida útil dos pomares brasileiros. Não existem cultivares comerciais resistentes ao CABMV e o desenvolvimento destes cultivares por meio do cruzamento interespecífico entre *P. edulis* e *P. setacea* é uma alternativa para o controle dessa doença. Dessa forma, o objetivo do presente trabalho foi realizar a estimativa de parâmetros genéticos e a predição ganho de seleção quanto à qualidade de frutos via REML/BLUP de seis famílias de irmãos completos oriundas da segunda geração de retrocruzamento (RC₂) de maracujazeiro-azedo visando resistência ao CABMV. O delineamento experimental foi em bloco ao acaso com seis repetições e seis famílias de irmãos completos (17, 153, 293, 355, 501 e 516). Os genótipos foram avaliados por meio das seguintes características: massa média de frutos (MF), comprimento médio dos frutos (CF), diâmetro médio dos frutos (DF), rendimento de polpa (RP) e teor de sólidos solúveis (TSS). As análises de predição dos ganhos genéticos e a estimativa dos componentes de variância foram via procedimento REML/BLUP utilizando-se software de análise genética Selegen, modelo estatístico 147. A herdabilidade da média de progênies (h^2_{mp}) variou de 90,27 a 96,93%, revelando que o controle genético para esses caracteres é elevado. As maiores estimativas foram observadas para MF (96,93) e RP (95,08%), isso mostra que a seleção pode ser mais efetiva utilizando informações das progênies. No que se refere à acurácia seletiva, os valores encontrados variaram de 95,27 a 98,45%, considerados altos, indicando alta precisão nos valores genéticos preditos, facilitando a identificação e a seleção genótipos. Os caracteres que obtiveram maiores ganhos genéticos foram MF, DF e CF. Considerando os 33 indivíduos que apresentaram os melhores ganhos genéticos, pode-se destacar as seguintes famílias: para MF (famílias 501,17 e 355), para RP (famílias 293, 516 e 501), para CF (famílias 355 e 153), para DF (famílias 293,17 e 355) e para TSS (famílias 501,516 e 293). As famílias que se mostraram com melhor desempenho para qualidade do fruto foram as 293, 355 e 501 sendo as mais indicadas para dar seguimento ao programa de melhoramento genético de maracujazeiro.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ) e a UENF.