



Diversidade genética em uma população segregante RC₁ de maracujazeiro

Valquíria Oliveira dos Santos; Sandra da Costa Preisigke; Paulo Ricardo dos Santos;
Alexandre Pio Vlana

No estudo de melhoramento genético de plantas, a divergência genética é uma das mais importantes etapas a serem avaliadas pelo melhorista nas fases iniciais, para a correta caracterização e avaliação dos genótipos disponíveis. O objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética entre 91 genótipos de uma população RC₁ de *Passiflora*. No programa de melhoramento do maracujazeiro-azedo da UENF foram realizados cruzamentos interespecíficos entre as espécies *P. setacea* (resistente ao CABMV) e *P. edulis* (espécie comercial suscetível ao CABMV) visando resistência ao *Cowpea aphidborne mosaic virus* (CABMV) para obtenção dos híbridos interespecíficos. Os híbridos mais promissores foram então retrocruzados com *P. edulis* para obtenção da população RC₁. A diversidade genética entre as 91 progênieis foi avaliada em relação a 23 caracteres de fruto, flor e folha descritos pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA). As variáveis quantitativas e qualitativas foram analisadas simultaneamente, utilizando o procedimento Ward-MLM para composição dos grupos de genótipos. A estratégia de classificação Ward-MLM para análise dos dados morfoagronômicos permitiu a separação dos 91 genótipos em dois grupos homogêneos, agrupados de acordo com suas semelhanças. O grupo I foi constituído por 17 genótipos, sendo 14 parentais e 3 híbridos enquanto o grupo II foi constituído por 74 genótipos, sendo 5 parentais e 69 híbridos. Em relação às características quantitativas, o grupo I conteve os genótipos com os maiores valores para os caracteres florais. Em relação aos descritores agrônômicos dos frutos, o grupo II conteve os maiores valores. As duas primeiras variáveis canônicas obtidas por Ward-MLM explicaram 100% da variação total. Essa porcentagem indica que um gráfico bidimensional é adequado para visualizar a relação entre os grupos e entre os genótipos dentro dos grupos. A partir desse trabalho, podemos concluir que houve variabilidade genética entre os genótipos de RC₁ estudados considerando-se as variáveis morfoagronômicas.

Palavras-chave: Melhoramento genético, Cruzamento interespecífico, *Passiflora*

Instituição de fomento: FAPERJ, UENF.