



VARIABILIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÃO BASE DO PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE DE MAMOEIRO BASEADA NA FREQUÊNCIA DE ANOMALIAS FLORAIS

Nádia Fernandes Moreira¹, Telma Nair Santana Pereira¹, Renato Santa Catarina¹, Tathianne Pastana De Souza Poltronieri¹, Alinne Oliveira Nunes Azevedo¹, Júlio Cesar Fiorio Vettorazzi¹, Messias Gonzaga Pereira¹.

¹ Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro
e-mail do autor: nadia_fernandesm@yahoo.com.br

O objetivo do estudo foi avaliar a diversidade genética na população base procedente de polimorfismo sexual do Programa de Seleção Recorrente de Mamoeiro UENF/Caliman, a partir das anomalias florais. As características número de frutos pentândricos (NFP), número de frutos carpelóides (NFC), número de frutos bananóides (NFB) e número de nó sem frutos (NSF) que infere a esterilidade de verão, foram avaliadas em 261 indivíduos, originados do cruzamento entre 5 progênies femininas de mamão (M1, M2, M3, M4 e M5) polinizadas por uma mistura de pólen de 5 genitores elites, sendo 4 do grupo heterótico Formosa (JS12, SEKATI, 41/7, 36/6) e 1 do Solo (72/12). A análise de divergência genética foi realizada utilizando como método de dissimilaridade a distância euclidiana média padronizada, na qual foi obtida a matriz de distância genética (MDG). Com a MDG foi realizado o agrupamento hierárquico pelo método UPGMA. O ajuste entre a MDG e a matriz de agrupamento foi realizado por meio do coeficiente de correlação cofenética (CCC). Também foi estimada a contribuição relativa das características para diversidade genética proposta por Singh (1981). O CCC foi de 0,74%. A análise de agrupamento formou 15 grupos com corte na distância 0,17. Dois, desses grupos, reuniram maior número de indivíduos I e VI. Os grupos XI, XII, XIII e XV foram os mais divergentes formados pelos indivíduos 111, 55, 87 e 22, respectivamente. O grupo III apresentou em média menor NFP (3,14), NFC (2,14) e NFB (3,86), o grupo II e IV apresentaram menor e maior NSF (6,83 e 39), respectivamente. O grupo X apresentou maior NFB (31), o grupo XIII apresentou maior NFC (18) e o XV apresentou maior NFP (61). Verifica-se que a característica que proporcionou maior contribuição relativa para a diversidade genética foi NSF 31,69%. A análise dos dados revelou ampla variabilidade genética na população base, sendo possível identificar genótipos com menor frequência de anomalias florais, passíveis de serem trabalhadas no programa de melhoramento genético de mamão.

Palavras-chave: *Carica papaya* L., Carpeloidia, Pentândria.

Instituição de fomento: CAPES, UENF, Caliman Agrícola S.A.