

**XII** Congresso  
Fluminense  
de Iniciação Científica  
e Tecnológica



**V** Congresso  
Fluminense  
de Pós-Graduação

**Ciência para o Desenvolvimento Sustentável**

## **Estudo da variabilidade genética em genitores de híbridos de mamoeiro (*Carica papaya* L.)**

*Adriana Azevedo Vimercati Pirovania, Helaine Christine Cancela Ramos, Renato Santa-Catarina, Alex Souza Rodrigues, Daniel Pereira Miranda, Julio Cesar Fiorio Vettorazzi, Izaias Rodrigues da Silva Júnior, Rafaela Pereira Duarte, Dieimes Bohry, Messias Gonzaga Pereira*

Segregação em linhagens genitoras de mamoeiro pode gerar híbridos desiguais, o que justifica os esforços para identificar variações a fim de avançar gerações via autofecundação, visando a fixação dos locos. Assim, objetivou-se estudar a variabilidade dos genótipos JS-12, Sekati e SS-72/12, genitores dos híbridos 'Calimosa' e 'UC-10'. O experimento foi conduzido na Caliman Agrícola S/A, Linhares-ES. As características altura da planta altura da inserção do primeiro fruto, diâmetro do caule, número de frutos comerciais (NFC), número de frutos deformados, nós sem fruto, foram avaliadas por fenotipagem digital via software ImageJ v1.50c. Para isso, 264 plantas foram identificadas e fotografadas aos 180, 270 e 360 dias após o plantio. Os frutos colhidos no estágio de maturação RST1 aos 270, 360 e 450 dias após o plantio, foram pesados obtendo-se o peso médio dos frutos (PMF). Posteriormente, metade do fruto foi escaneada, para avaliação do comprimento do fruto; diâmetro do fruto; comprimento da cavidade ovariana; diâmetro da cavidade ovariana; espessura da polpa e a porcentagem de volume de polpa via software ImageJ v1.50c. A outra metade do fruto foi usada para medir a firmeza do fruto e a firmeza da polpa, utilizando-se Penetrômetro digital, e o teor de sólidos solúveis através de refratômetro digital. A produção foi obtida pela multiplicação do  $\sum$ NFC com o PMF. A distância Euclidiana foi usada para obtenção da matriz de dissimilaridade genética, com base nas 15 características avaliadas. Em seguida, foi realizada a análise de agrupamento pelo método UPGMA, no programa R. Houve a formação de seis grupos, dos quais o grupo II reuniu o maior número de indivíduos sendo constituído por plantas dos genótipos Sekati, JS12-G e JS12-P. Os grupos I, III e IV foram formados por plantas dos genótipos Sekati e JS12-G enquanto o grupo V reuniu plantas dos genótipos Sekati e JS12-P. Por outro lado, as plantas do grupo Solo SS-72/12 formaram um único grupo (VI). Assim, fica evidente o agrupamento dos genótipos por grupo heterótico Solo e Formosa, os quais se diferenciam basicamente pelo tamanho dos frutos. Há variabilidade nos genitores tendo em vista a segregação observada, principalmente nos genótipos do grupo Formosa: Sekati e JS-12. Assim, ressalta-se a importância de identificar representantes de cada genótipo com maior nível de fixação alélica, ou seja, menor variação genética para viabilizar o desenvolvimento de híbridos com maior uniformidade genética. Por outro lado, a existência de variação possibilita a seleção de linhagens com diferentes padrões, para exploração no programa de melhoramento do mamoeiro, ajustando os híbridos à demanda do mercado consumidor.