

**A Ciência e os caminhos do desenvolvimento**

**Seleção de famílias de irmãos completos de maracujazeiro azedo resistentes ao CABMV pelo método REML/BLUP**

*Deurimar Herênio Gonçalves Júnior, Ravena Ferreira Vidal, Bruno Dias Amaral, Natan Ramos Cavalcante, Lucas Souza da Silva Leal, Débora Souza Mendes, Sandra da Costa Preisigke, Felipe Ferreira da Silva, Suzana Silva Gonçalves, Moisés Ambrósio, Gisellya de Araújo Cruz, Eileen Azevedo Santos, Alexandre Pio Viana.*

A família Passifloraceae, pertencente à ordem Malpighiales, abriga o gênero *Passiflora* e tem ele como o maior representante em número e diversidade de espécies, cerca de 650. Dentre as espécies, o maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims) é a de maior importância econômica. Apesar de sua posição de destaque no mercado, a produção brasileira tem variado muito nos últimos anos. Diversas razões contribuem para essa variação, como a falta de cultivares produtivas e resistentes a doenças, todavia, as doenças estão entre os principais fatores que limitam a expansão das áreas cultivadas. Dentre as diversas doenças, a virose do endurecimento dos frutos causada pelo agente patogênico *Cowpea aphid-borne mosaic virus* – CABMV é a mais limitante, e, portanto, esse é um dos principais desafios enfrentado pelos programas de melhoramento de maracujá. Nesse contexto, o presente estudo foi conduzido com o objetivo de avaliar e selecionar famílias de irmãos completos resistentes ao CABMV. Para isso foram avaliadas três famílias de irmãos completos oriundas da recombinação de indivíduos da primeira geração de retrocruzamento do programa de melhoramento genético do maracujazeiro azedo da UENF. Os sintomas visuais do CABMV foram avaliados visualmente em folhas jovens e na planta por inteira e calculado a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Os parâmetros genéticos e valores genotípicos foram estimados a partir da média da AACPD da folha jovem e da planta por meio do procedimento REML/BLUP. Os valores das médias de AACPD variaram entre 793,88; 786,75 e 784,09 para as famílias 3, 2 e 1, respectivamente. A família que apresentou o menor ganho, ou seja, os melhores resultados para a resistência ao CABMV foi a família 1, com o ganho de zero na média, seguida pela família 2 e 1, com 2,66 e 9,79, respectivamente. No que se refere à acurácia seletiva, no presente estudo, observou-se uma estimativa superior a 77% para AACPD, tal estimativa facilita a identificação e a seleção de genótipos com a característica desejada. Com base nos resultados apresentados, aponta-se progresso no melhoramento visando resistência ao CABMV, dando-se continuidade ao programa através da seleção de genótipos dentro das melhores famílias e recombinando-os para se obter a próxima geração.

Palavras-chave: *Cowpea aphid-borne mosaic virus*, modelos mistos, predição.

Instituições de fomento: CAPES, CNPq, FAPERJ, UENF.