

Seleção preliminar de famílias RC₂ de maracujazeiro resistente ao CABMV

Ravena Ferreira Vidal, Deurimar Herênio Gonçalves Junior, Bruno Dias Amaral, Débora Souza Mendes, Lucas Souza da Silva Leal, Natan Ramos Cavalcante, Sandra da Costa Preisigke, Eileen Azevedo Santos, Alexandre Pio Viana

O maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis*) é a mais importante espécie da família Passifloraceae sendo o Brasil o maior produtor e consumidor. A produção no país vem caindo ao longo dos últimos anos devido, principalmente, a virose do endurecimento do fruto, causada pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV). As plantas infectadas reduzem o número e a qualidade dos frutos causando perdas na cultura. Essa virose pode inviabilizar o cultivo do maracujazeiro visto que não há forma de controle eficiente do vírus. Uma alternativa de controlar essa doença é selecionar genótipos resistentes, através do cruzamento interespecífico. Dessa forma, propondo obter uma cultivar resistente e com bom desempenho agrônômico, o programa de melhoramento da UENF realizou o cruzamento interespecífico, seguidos de ciclos de seleção e retrocruzamentos para a introgressão de genes de resistência e recompor os caracteres desejáveis do *P. edulis*. Desde modo, o objetivo desse trabalho foi pré-selecionar famílias de irmãos completos de maracujazeiro resistentes ao CABM provenientes da segunda geração de retrocruzamento (RC₂). O delineamento experimental foi em DBC com seis repetições e seis famílias de irmãos completos do RC₂ (17, 153, 293, 355, 501 e 516). Há ocorrência natural do vírus na área dispensando a necessidade de inoculação. Os sintomas da doença foram avaliados a cada 15 dias durante 12 meses, através de escala de notas. Foram avaliadas as folhas jovens e a área total da planta sendo calculada a área abaixo da curva de progresso da doença média (AACPDM). A partir da AACPDM, foram estimados os componentes de variância e o valor genético via REML/BLUP. Foram selecionados 33 genótipos distribuídos nas famílias 17, 153, 293, 355 e 501 cada uma com 3, 4, 10, 5 e 11 genótipos respectivamente. A amplitude da AACPDM variou de 390 a 862,5. A estimativa da herdabilidade com base na média de família (h^2_{mp}) teve valor estimado alto (0,51) indicando seleção favorável de famílias. A acurácia (0,71) teve valor estimado alto ficando dentro dos valores desejáveis para identificação e seleção de genótipos. As famílias que se mostraram com melhor desempenho para resistência foram as 293 e 501 sendo as mais indicadas para dar seguimento ao programa de melhoramento genético de maracujazeiro.

Palavras-chave: Herdabilidade, REML/BLUP, Virose.

Instituição de fomento: FAPERJ e UENF