

XU Congresso
Fluminense
de Iniciação
Científica e Tecnológica

28^o

Encontro de
Iniciação
Científica
da UENF

20^o

Circuito de
Iniciação
Científica do
IFFluminense

16^a

Jornada de
Iniciação
Científica
da UFF



UIII Congresso
Fluminense de
Pós-Graduação

23^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UENF

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
do IFFluminense

8^a

Mostra de
Pós-Graduação
da UFF

Estimativa de parâmetros genéticos e valores genotípicos de características de fruto em famílias de irmãos completos de *Passiflora*

Luis Carlos Loose Coelho 1, Alexandre Pio Viana 2, Julie Anne Vieira Salgado de Oliveira 3, Joameson Antunes Lima 4, Natan Ramos Cavalcante 5, Debora Souza Mendes 6, Thays Correa Costa 7, Flavia Alves da Silva 8

O maracujazeiro azedo (*Passiflora edulis* Sims) é a espécie de maior importância comercial dentro da família Passifloraceae, sendo o Brasil seu maior produtor mundial. No entanto, a produtividade é baixa, tendo em vista seu elevado potencial produtivo. Um dos fatores que limitam o aumento da produção e das áreas cultivadas é a virose do endurecimento dos frutos, causada pelo vírus cowpea aphid-borne mosaic virus (CABMV). O programa de melhoramento genético de maracujazeiro-azedo da UENF vem ao longo dos últimos anos utilizando cruzamentos interespecíficos e retrocruzamentos para obtenção de novas variedades resistentes ao CABMV. O objetivo deste trabalho foi estimar via REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada) os componentes de variância e os valores genotípicos de características de qualidade de fruto de 5 famílias de irmãos completos provenientes do terceiro ciclo de retrocruzamento (RC₃) do programa de melhoramento da UENF. O experimento foi instalado na escola agrícola Antônio Sarlo – Campos dos Goytacazes-RJ, utilizando o delineamento em blocos ao acaso com seis repetições, com 5 famílias de irmãos completos (RC₃), cada família foi composta por 22 genótipos, totalizando 660 plantas. As características avaliadas foram rendimento de polpa em % (RP) e teor de sólidos solúveis em °Brix (SS). Os dados foram analisados pelo programa Selegen REML/BLUP, modelo estatístico 147. Os resultados indicaram alta herdabilidade das médias de progênie para as características RP (93,78%) e SS (93,91%). A herdabilidade individual no sentido restrito foi de 43,92% e 59,48%, respectivamente, para RP e SS. Os altos valores de herdabilidade das médias de progênie observados sugerem que a seleção com base em informações de famílias pode ser uma abordagem mais eficaz. As análises apontaram alta acurácia da seleção de progênies para RP (96,84%) e SS (96,90%). Tal fato sugere que a experimentação foi bem-sucedida, o que torna a seleção de genótipos superiores mais confiável. Foi feito um ranqueamento dos 30 melhores indivíduos para cada uma das características com base no ganho genético. Os ganhos de RP foram de 17,51 a 24,27% e de SS variaram de 15,16 a 21,80%. No ranking pode-se destacar as famílias 293 e 355 com a maioria dos genótipos (RP) e 153 e 501 (SS), sendo que a família 17 não apresentou nenhum genótipo em ambas as variáveis. Com base nos parâmetros genéticos da população verificou-se que a seleção pode ser efetiva na geração RC₃, contribuindo para o avanço do programa de melhoramento do maracujá.

Instituição do Programa de IC, IT ou PG: UENF

Eixo temático: Genética e melhoramento de plantas

Fomento da bolsa (quando aplicável): FAPERJ / CAPES

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

