



Identificação de genótipos de bananeira resistentes ao mal-do-Panamá a partir da avaliação em área infestada e em casa de vegetação

Tamyres Amorim Rebouças¹, Carlos Augusto Dórea Bragança¹, Carlos Alberto da Silva Ledo², Fernando Haddad², Claudia Fortes Ferreira², Edson Perito Amorim².

¹ Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, ² Embrapa Mandioca e Fruticultura.

e-mail. edson.amorim@embrapa.br

O objetivo desse trabalho foi identificar genótipos de bananeira resistentes ao mal-do-Panamá em área artificialmente infestada e por meio da inoculação de mudas micropropagadas com esporos do fungo em casa de vegetação. Foram avaliados 11 genótipos em campo e em casa de vegetação 19, incluindo diploides selvagens e cultivados, tri- e tetraploides, além da cultivar ‘Maçã’ utilizada como testemunha. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado com dez repetições por genótipo. Para avaliação de campo foram mensuradas cinco características agrônomicas, e a incidência do mal-do-Panamá foi avaliada com base na expressão dos sintomas internos da doença. Em condições de casa de vegetação as avaliações foram realizadas com base nos sintomas externos e internos da doença, estimando-se o índice de intensidade da doença (ID) e a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Os resultados foram agrupados pelo método k-médias. Foi realizada a correlação de Pearson com base nos dados de ID de campo e de casa de vegetação. O índice de intensidade da doença (ID), variou de 0,00 % a 94,00 % entre os genótipos analisados. A correlação entre os dados de campo e de casa de vegetação, obtidos a partir da análise dos genótipos em comum nas duas avaliações, foi de 0,97 ($p \leq 0,001$), fato que demonstra alta associação. A maioria dos genótipos testados mostrou-se resistente ou moderadamente resistente ao mal-do-Panamá, com destaque para os diploides ‘Birmanie’ e ‘Malaccensis’, que tem potencial para uso como parentais em cruzamentos com cultivares comerciais visando desenvolver genótipos resistentes a Foc.

Palavras-chave: *genótipos, melhoramento, variabilidade.*