

II SIMPÓSIO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

25 a 28 de novembro de 2008

Hotel Nacional

Brasília-DF

ANAIS

Organização Administrativa

**Fundação de Apoio à Pesquisa Científica e Tecnológica -
FUNCREDI**

Organização Técnica

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

ANALISE GENÉTICA E FENOTÍPICA DE PROGÊNIES JOVENS DE PUPUNHEIRA PARA FRUTO

João Tomé de Farias Neto¹; Maria do Socorro Padilha de Oliveira¹

¹Embrapa Amazônia Oriental – tome@cpatu.embrapa.br

Palavras-chave: Variabilidade, Parâmetros Genéticos, *Bactris gasipaes*, Reml/Blup

A indisponibilidade de frutos de qualidade para os diversos caracteres do fruto como cor, textura, fibra e teor de óleo etc., é um dos principais gargalos na expansão do consumo de frutos da pupunha no estado do Pará. O produtor geralmente utiliza no plantio, sementes não selecionadas e consequentemente coloca no mercado produto de qualidade duvidosa. Para suprir o mercado com um produto que atenda a demanda do produtor, atacadista e consumidor a Embrapa Amazônia Oriental iniciou um programa de melhoramento genético da pupunheira para produção de frutos de qualidade. O presente trabalho apresenta estimativas de parâmetros genéticos e ambientais que permitem inferir sobre o nível de variabilidade genética presente na população, aos 12 meses pós-plantio para os caracteres altura da planta (AP), diâmetro da planta (DP), número de folhas vivas (NFV) e perfilhos (NP). O programa computacional Selegen-Reml/Blup foi utilizado para as análises. O caráter NP foi o que apresentou maior coeficiente de variação experimental (CVe=58,83%), seguido de AP (24,93%), DP (24,71%) e NFV (17,95%). Valores altos de CVe para NP têm sido verificados em estudos com pupunheira e açaí. Foram obtidos valores médios de 57,7cm, 6,7cm, 6,1 e 5,5 para AP, DP, NFV e NP, respectivamente. O coeficiente de variação genética entre progênies (CVg) foi mais expressivo para NP (28,34%) vindo a seguir os caracteres AP (15,38%), DP(13,52%) e NFV (5,48%). Esses valores quando comparados com os dados de população de outras palmáceas em geral, mostram elevada variação genética e que pode ser explorada por meio da seleção. A relação entre CVg/CVe mostrou valores mais elevados para AP (0,617) e DP (0,547), fato que associado as maiores estimativas de herdabilidade estimadas para AP (0,791) e DP (0,749) confirmam serem essas características mais facilmente alterados pela seleção. Correlação genética de alta magnitude foi obtida entre AP e DP (0,913) e de média magnitude (0,521 a 0,686) entre os demais caracteres, fato que permite afirmar que a seleção em um deles promoverá alterações positivas nos outros.

Fonte financiadora: Embrapa, CNPq.