



FEPEG

FÓRUM DE ENSINO,
PESQUISA, EXTENSÃO
E GESTÃO

TRABALHOS CIENTÍFICOS APRESENTAÇÕES ARTÍSTICAS E CULTURAIS DEBATES MINICURSOS E PALESTRAS

23 A 26 SETEMBRO DE 2015
Campus Universitário Professor Darcy Ribeiro

ISSN 1806-549X

A HUMANIZAÇÃO NA CIÊNCIA, TECNOLOGIA E INOVAÇÃO

REALIZAÇÃO



APOIO



CARECTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DO HÍBRIDO DE MORANGO (*Fragaria anassa* Duch.) ALELUIAxCAMINHO REAL (AL.CR) PARA FINS DE INTRODUÇÃO NO NORTE DE MINAS GERAIS

Autor(es): Rubens Gabriel Caires Campos, Luciana Nogueira Londe, FLÁVIO HENRIQUE SILVA DE SENA

Objetivo: Este trabalho teve como objetivo caracterizar fenotipicamente híbridos de morango obtidos por diallelo completo, além de oferecer subsídio para estimar parâmetros genéticos para cada uma das características analisadas. **Metodologia:** Foram plantados mudas com três folhas definitivas e aproximadamente 15cm em vasos em casa de vegetação dia 15 de Julho de 2014. O delineamento usado foi inteiramente casualizados e três repetições (uma planta por repetição). As características avaliadas foram número de frutos por planta e massa média do fruto (g) comerciais e não comerciais, deformados e não deformados. As colheitas foram realizadas com mais da metade da superfície vermelha dos frutos, de Agosto de 2014 a Dezembro de 2014. Os resultados foram submetidos à análise de variância e a comparação das médias foi realizada pelo teste de Tukey, ao nível de 5 % de probabilidade, utilizando o programa SAS. **Resultados:** Houve frutos comerciais com mais de 6 gramas (MFCMA) alcançando valores médios em torno de 21g. Porém o número de frutos comerciais foram relativamente pequenos, cerca de 11 frutos comerciais por planta. Houve uma mesma proporção de frutos deformado em massa e número. O híbrido alcançou valores para tamanho e diâmetro em torno de 4,34 e 3,34 cm não diferenciando de valores comerciais médios encontrado na literatura. **Conclusão:** Faz-se necessário estimar parâmetros genéticos populacionais com os parentais através de marcadores moleculares distantes para verificar associação significativa entre variáveis analisadas e distância genética.