

Diversidade de acessos de mamoeiro quanto à reação natural em campo ao vírus PRSV

Josimare Queiroz da Conceição¹, Ana Maria Pereira Bispo de Castro¹, Viviane Peixoto Borges², Paulo Ernesto Meissner Filho³, Carlos Alberto da Silva Ledo³

¹Estudante da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, josimareqc@gmail.com, anamariapbs@hotmail.com, ²Pós-doutoranda PNPd/CAPES/UFRB, vivipborges@yahoo.com.br; ³Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, paulo.meissner@embrapa.br, carlos.ledo@embrapa.br

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) é uma cultura de grande relevância para o agronegócio brasileiro, por ser considerado um dos principais produtores mundiais da fruta. Dentre os problemas enfrentados pela cultura a susceptibilidade a doenças afeta diretamente sua produtividade. A mancha anelar é uma das principais doenças do mamoeiro, causada pelo *Papaya ringspot virus*, PRSV, que causa danos irreversíveis a cultura. Para evitar que a virose comprometa todo o pomar, a medida de controle utilizada é a remoção das plantas infectadas. Desta forma, o avanço econômico da cultura depende do desenvolvimento de cultivares com características superiores. Para isto, é relevante explorar o Banco Ativo Germoplasma de mamão da Embrapa Mandioca e Fruticultura, com intuito de compreender a variabilidade genética existente. Assim, este trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade genética de acessos pertencentes ao Banco ativo de Germoplasma de mamão para o PRSV em condições de campo e infecção natural pelo vírus. A pesquisa foi conduzida na Embrapa Mandioca e Fruticultura, em Cruz das Almas – BA. Foram avaliados 119 acessos de mamoeiro do grupo Solo e Formosa, compostos por uma fileira de 11 plantas, totalizando 1.419 plantas. As avaliações foram feitas no período de abril de 2017 a março de 2018, cada planta foi observada visualmente para detectar os sintomas característicos da mancha anelar. Os sintomas observados foram clareamento das nervuras, mosaico, distorção das folhas jovens, estrias nos pecíolos e anéis nos frutos. Foi realizada análise multivariada de agrupamento, considerando a distância euclidiana como medida de dissimilaridade a partir dos dados padronizados. Os agrupamentos hierárquicos a partir da matriz de distância foram obtidos pelo método UPGMA – *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*. A validação dos agrupamentos foi determinada por meio do coeficiente de correlação cofenético. O critério para definição do número de grupos foi baseado no pacote “NbClust” do programa R. As análises foram realizadas com auxílio do programa estatístico R. Os resultados das análises de agrupamento indicaram a formação de quatro grupos. Os acessos CMF 072 e CMF 249 formaram o grupo 1, nele foi constatado o aparecimento da doença, logo no mês de abril, apresentando 27% das plantas infectadas e em agosto 100% das plantas estavam infectadas. No grupo 2, constituído por 10 acessos, foi constatado a presença da doença a partir do mês de maio, com 10% das plantas apresentando a doença e com seis de avaliação, no mês de outubro, 100% das plantas encontravam-se infectadas. O grupo 3 constituído por 20 acessos, nele foi observado a presença da doença a partir do mês de junho apresentando 10% de plantas infectadas e em outubro quase 100% das plantas já apresentavam a doença. Em relação ao grupo 4, o maior grupo, constituído por 87 acessos. Nele, grande parte das plantas apresentou a doença nos últimos meses de avaliação, em dezembro, 10% das plantas estavam infectadas, até ao término das avaliações as plantas não foram infectadas completamente. Com isto, pode-se concluir que existe diversidade genética entre os acessos estudados e que os acessos do grupo 4 apresentam potencial para serem utilizados em programas de hibridação visando a geração de cultivares resistentes ao vírus.

Significado e impacto do trabalho: Apesar de o Brasil ser o segundo país produtor de mamão, sua comercialização no mercado internacional de frutas é limitada. O vírus (*Papaya ringspot virus*), PRSV reduz a produção da cultura em algumas regiões. Os acessos presentes no BAG de mamoeiro são caracterizados e avaliados para conhecer a sua potencialidade para posterior utilização no programa de melhoramento genético, dando a este a possibilidade de direcionar o desenvolvimento de genótipos com características superiores, visando ampliar a base genética atual do mamoeiro pela geração de novas cultivares, de forma a se ter maior qualidade de frutos e resistência às principais pragas e doenças.