



IDENTIFICAÇÃO DE ACESSOS DE MANDIOCA COM RESISTÊNCIA MULTIPLA À PODRIDÃO RADICULAR

Sandielle Araújo Vilas Boas¹, Saulo Alves Santos de Oliveira², Camila Santiago Hohenfeld³, Vanderlei da Silva Santos⁴ e Eder Jorge de Oliveira⁵

¹Mestranda em Ciências Agrárias, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Campus Cruz das Almas, CEP 44380-000 Cruz das Almas, BA, Brazil. E-mail: sandyvilasboas@hotmail.com;
²saulo.oliveira@embrapa.br; ³chohenfeld@gmail.com; ⁴vanderlei.silva-santos@embrapa.br;
⁵eder.oliveira@embrapa.br

Temática: Melhoramento genético e biotecnologia

Resumo

A podridão radicular da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) tem sido apontada como um dos principais problemas da cultura no Brasil. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar fontes de resistência a múltiplos patógenos causadores da podridão radicular (PR). Foram avaliadas a severidade dos sintomas da PR causados por *Fusarium* spp., *Phytophthora* spp. e espécies da família Botryosphaeriaceae na casca e polpa das raízes de 277 acessos, por meio de inoculações artificiais. Os dados genotípicos para resistência aos patógenos foram obtidos pelo método REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Predictor*). O índice de seleção clássico (IC) foi utilizado para identificação de acessos com resistência múltipla. As reduções na severidade da podridão radicular foram acima de 45% para *Fusarium* spp., 21% para *Phytophthora* spp., e 38% para espécies da família Botryosphaeriaceae. Portanto, o IC propiciou reduções elevadas e equilibradas da PR para cada patógeno. A compreensão da base genética da resistência à podridão radicular e a identificação de fontes com resistência múltipla poderão ser utilizados nas diferentes estratégias de manejo da doença.

Palavras Chave: REML/BLUP, *Manihot esculenta* Crantz, doença, raiz.

Introdução

Embora a podridão radicular da mandioca seja uma das principais doenças da cultura, poucos estudos tem sido dedicados à compreensão dos mecanismos de resistência e dos patógenos envolvidos. O manejo integrado da doença com base no plantio de cultivares resistentes associado a práticas de manejo do solo e água, bem como rotação de culturas e uso de material propagativo com qualidade fitossanitária constituem-se em técnicas econômicas e confiáveis para o controle da podridão da raiz da mandioca. Entretanto, o principal pilar deste manejo tem sido associado à resistência varietal (ONYEKA et al., 2005; OLIVEIRA et al., 2013), embora a variabilidade genética para esta característica não tenha sido completamente explorado no germoplasma de *M. esculenta*.

Para o desenvolvimento de resistência genética mais duradoura a identificação de fontes de resistência deve ser feita de forma simultânea para os patógenos mais comumente associados à podridão radicular no Brasil, que estão relacionados à podridão seca (*Fusarium* spp.), podridão mole causada por *Phytophthora* spp. e podridão negra causada por espécies da família Botryosphaeriaceae (*Neoscytalidium hyalinum*, *Lasiodiplodia theobromae* e *L. euphorbicola*). Assim, o objetivo deste trabalho foi proceder a seleção simultânea de fontes de resistência à podridão radicular da mandioca no germoplasma de *M. esculenta*.

Material e Métodos

No total foram avaliados 277 acessos de germoplasma pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca (BAG-Mandioca) da Embrapa Mandioca e Fruticultura (Cruz das Almas, Bahia). Fazem parte deste conjunto de acessos: um clone elite (9624-09), onze variedades melhoradas (BRS Amansa Burro, BRS Caipira, BRS BRS Dourada, BRS Gema



de Ovo, BRS Kiriris e IAC90), bem como variedades locais (Mani Branca, Cigana Preta, Eucalipto e Fécula Branca).

A colheita foi realizada manualmente entre 10 e 12 meses após plantio (2013), tomando-se o cuidado para evitar fermentos nas raízes. Para identificação de fontes de resistência à podridão radicular raízes inteiras de mandioca foram lavadas e desinfestadas em solução de hipoclorito de sódio (1%), e em seguida colocadas para secar por alguns minutos. Em seguida, furos uniformes de aproximadamente 3 a 4 mm de profundidade foram realizados na região central da raiz com auxílio de furador metálico de 8 mm de diâmetro. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com nove repetições por acesso (cada parcela foi representada por uma raiz com três pontos de inoculação).

Um mix de isolados agressivos de *Fusarium* spp., *Phytophthora* spp. e espécies da família Botryosphaeriaceae foi obtido em inoculações artificiais no ponto de perfuração das raízes com uma suspensão de esporos (2×10^5 esporos mL⁻¹). O controle da inoculação consistiu de raízes perfuradas e inoculadas com água destilada, e armazenadas sob as mesmas condições dos materiais inoculados.

No momento da avaliação, as raízes foram cortadas longitudinalmente, fotografadas digitalmente para posterior análise das imagens com auxílio do software ImageTool v.3.0, visando a obtenção da área colonizada pelo patógeno. Neste caso foram tomadas duas medidas, a primeira delas foi a severidade dos sintomas na casca das raízes e a segunda foi a severidade da podridão radicular na polpa das raízes.

As estimativas de predição pelo procedimento REML/BLUP foram realizados utilizando o programa *Selegen* (RESENDE, 2002). O ganho genético foi calculado como a média dos valores genéticos dos acessos selecionados. A seleção foi praticada utilizando os valores genéticos preditos dos 15 melhores acessos para cada patógeno.

Para seleção de acessos de mandioca com resistência múltipla aos patógenos causadores da podridão radicular utilizou-se o índice de seleção clássico (IC) de acordo com:
- $IC = ((p \times F_{spp}Casca) \times (VG \times F_{spp}Casca)) + ((p \times F_{spp}Polpa) \times (VG \times F_{spp}Polpa)) + ((p \times PdrCasca) \times (VG \times PdrCasca)) + ((p \times PdrPolpa) \times (VG \times PdrPolpa)) + ((p \times S_{spp}Casca) \times (VG \times S_{spp}Casca)) + ((p \times S_{spp}Polpa) \times (VG \times S_{spp}Polpa))$.

Resultados e Discussão

A existência de acessos resistentes a um determinado patógeno causador da podridão radicular e suscetível a outro faz criar dificuldades para o desenvolvimento de novas variedades, pois exige o melhoramento personalizado para cada patógeno. Porém, isto é impraticável, devido as dificuldades inerentes a qualquer programa de melhoramento genético, em termos de limitações do número de populações, custos financeiros e humanos. Assim, a prioridade na seleção de parentais deve ser a identificação de acessos com desempenho genotípico favorável contra diversos patógenos causadores da podridão radicular. Portanto, a aplicação da teoria dos índices de seleção é uma alternativa atraente para seleção simultânea de vários caracteres.

O índice de seleção clássico resultou na redução dos sintomas da podridão radicular causada por *Fusarium* spp em -45,24% e -46,08% na casca e polpa, respectivamente, enquanto que reduções de -28,13% e -21,12% na casca e polpa, respectivamente foram observadas para *Phytophthora* spp., e reduções de -41,26% e -38,57% na casca e polpa, respectivamente, foram observadas para espécies da família Botryosphaeriaceae (Tabela 1). Acurácia seletiva de moderada a alta magnitude foi observada para todos os patógenos, com média de 0,88 e 0,76 para *Fusarium* spp (casca e polpa, respectivamente), 0,85 e 0,86 para *Phytophthora* spp (casca e polpa, respectivamente), e 0,86 e 0,91 para Botryosphaeriaceae spp (casca e polpa, respectivamente). De modo geral, a acurácia seletiva foi mais elevada na polpa em relação à casca para todos os patógenos.



16º CONGRESSO BRASILEIRO DE MANDIOCA
1º CONGRESSO LATINO-AMERICANO E CARIBENHO DE MANDIOCA

Tabela 1. Acessos de mandioca selecionados com base no índice de seleção clássico para resistência múltipla a *Fusarium* spp. (Fssp), *Phytophthora* spp. (Pssp) e Botryosphaeriaceae (Bssp) causadores de podridão radicular, com seu ordenamento (Rk), efeito genotípico (g), valor genotípico predito ($\mu+g$), acurácia seletiva (Ac) e ganhos genéticos esperados (GS) com a seleção destes acessos para cada patógeno.

Acesso	FsspCasca				FsspPolpa				PsspCasca				PsspPolpa				BsspCasca				BsspPolpa			
	Rk	g	$\mu+g$	Ac																				
BGM0083	268	-34,00	34,97	0,89	237	-13,54	26,59	0,70	169	-7,61	33,81	0,82	212	-8,08	16,68	0,83	208	-13,05	36,96	0,84	164	-6,01	30,88	0,89
BGM0127	239	-25,31	43,67	0,89	249	-15,29	24,84	0,79	235	-13,28	28,13	0,86	193	-6,54	18,21	0,86	270	-24,54	25,48	0,88	154	-4,91	31,99	0,92
BGM0133	269	-34,38	34,60	0,89	222	-11,88	28,25	0,73	275	-23,48	17,94	0,82	166	-4,77	19,98	0,83	192	-10,08	39,93	0,84	226	-13,41	23,48	0,89
BGM0144	277	-37,41	31,57	0,89	174	-6,97	33,16	0,73	261	-17,23	24,19	0,87	64	4,03	28,78	0,87	256	-20,92	29,09	0,88	200	-10,06	26,83	0,92
BGM0479	262	-32,07	36,91	0,89	252	-15,51	24,62	0,73	223	-12,04	29,38	0,87	223	-8,77	15,98	0,87	247	-19,09	30,92	0,88	272	-22,72	14,17	0,92
BGM0511	263	-32,22	36,76	0,89	224	-11,94	28,19	0,73	149	-5,55	35,87	0,87	182	-6,08	18,68	0,87	276	-28,98	21,04	0,88	276	-25,76	11,13	0,92
BGM0974	252	-28,92	40,05	0,89	211	-10,47	29,66	0,73	266	-19,08	22,34	0,87	86	2,18	26,93	0,87	277	-31,69	18,33	0,88	165	-6,06	30,83	0,92
BGM1131	245	-27,18	41,80	0,89	201	-9,46	30,67	0,73	173	-7,83	33,59	0,82	78	2,58	27,34	0,80	265	-22,56	27,46	0,84	241	-15,27	21,62	0,89
BGM1183	243	-26,17	42,81	0,89	269	-17,61	22,51	0,79	271	-20,53	20,89	0,86	262	-12,61	12,15	0,87	217	-13,95	36,07	0,88	248	-16,78	20,11	0,92
BGM1193	256	-29,92	39,06	0,89	275	-19,27	20,86	0,79	250	-15,11	26,31	0,87	122	-1,35	23,40	0,87	262	-22,18	27,83	0,87	178	-7,51	29,38	0,92
BGM1194	273	-35,32	33,66	0,83	198	-9,20	30,92	0,79	227	-12,65	28,77	0,82	162	-4,69	20,06	0,87	261	-22,14	27,88	0,84	250	-17,12	19,77	0,92
BGM1202	255	-29,79	39,18	0,89	271	-17,86	22,26	0,79	146	-4,88	36,54	0,86	245	-10,13	14,62	0,86	273	-25,82	24,2	0,87	255	-18,18	18,72	0,92
BGM1318	233	-24,47	44,50	0,85	206	-9,90	30,23	0,73	121	-2,65	38,77	0,82	215	-8,2	16,56	0,83	236	-17,25	32,77	0,84	240	-15,00	21,90	0,89
BGM1381	274	-35,65	33,33	0,89	246	-14,64	25,49	0,79	186	-8,53	32,89	0,87	152	-3,85	20,91	0,87	205	-12,88	37,14	0,88	274	-24,36	12,53	0,92
BGM1452	272	-35,26	33,72	0,89	232	-12,9	27,23	0,79	139	-4,28	37,14	0,87	258	-12,04	12,72	0,87	269	-24,46	25,55	0,88	205	-10,36	26,53	0,92
Média		-31,20	37,77	0,88		-13,1	27,03	0,76		-11,65	29,77	0,85		-5,22	19,53	0,86		-20,64	29,38	0,87		-14,23	22,66	0,91
GS			-45,24				-46,08				-28,13				-21,12				-41,26				-38,57	



Além de pouco estudada a base genética da resistência a múltiplos patógenos é complexa considerando as interações ambientais, a presença de diferentes estirpes patogênicas, bem como a expressão diferenciada dos sintomas em diferentes partes da planta, a exemplo do que foi observado na casca e polpa das raízes de mandioca. Por outro lado, a análise quantitativa da resistência à podridão radicular pode auxiliar no estudo da resistência contra vários patógenos e identificar áreas de pesquisa que possam agregar informações a este patossistema considerando aspectos fisiológicos e moleculares.

Avaliações contínuas do germoplasma de mandioca para resistência aos principais patógenos relacionados à podridão radicular, bem como a compreensão da base genética da resistência, devem ser utilizados para implementação de estratégias de manejo integrado, identificação e introdução de resistência múltipla para garantir a sustentabilidade em áreas infestadas por patógenos de solo e aumentar o potencial produtivo da cultura.

Conclusão

Os acessos de mandioca BGM0083, BGM0127, BGM0133, BGM0144, BGM0479, BGM0511, BGM0974, BGM1131, BGM1183, BGM1193, BGM1194, BGM1202, BGM1318, BGM1381 e BGM1452 foram os mais promissores para resistência múltipla a *Fusarium* spp, *Phytophthora* spp. e Botryosphaeriaceae spp., constituindo-se em germoplasmas de alto valor para redução da podridão radicular.

Agradecimentos

Agradecimento à CAPES, Fapesb e CNPq pela concessão à bolsa e auxílio financeiro para a pesquisa.

Bibliografia

- OLIVEIRA, S.A.S.; HOHENFELD, C.S.; SANTOS, V.S.; HADDAD, F.; OLIVEIRA, E.J. Resistance to *Fusarium* dry root rot disease in cassava accessions. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, p.1414-1417, 2013.
- ONYEKA, T.J.; DIXON, A.G.O.; EKPO, E.J.A. Identification of levels of resistance to cassava root rot disease (*Botryodiplodia theobromae*) in African landraces and improved germplasm using in vitro inoculation method. **Euphytica**, v.145, p.281–288, 2005.
- RESENDE, M.D.V. **Software Selegen-Reml/Blup**. Embrapa Florestas, Colombo, 2002.