



DIVERSIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS E HÍBRIDOS DE MAMOEIRO QUANTO À REAÇÃO EM CAMPO AO VÍRUS DA MANCHA ANELAR

Ana Maria Pereira Bispo de Castro¹, Paulo Ernesto Meissner Filho², Josimare Queiroz da Conceição¹,
Viviane Peixoto Borges¹, José Raimundo dos Reis Silva¹, Sebastião de Oliveira e Silva¹,
Carlos Alberto da Silva Ledo²

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia- UFRB, CEP 44380-000, Cruz das Almas, BA; ²Embrapa Mandioca e Fruticultura, CEP 44380-000, Cruz das Almas, BA. E-mail: anamariapbs@hotmail.com, paulo.meissner@embrapa.br, josimareqc@gmail.com, vivipborges@yahoo.com.br, josereisilva1@hotmail.com, ssliva3000@gmail.com, carlos.ledo@embrapa.br

INTRODUÇÃO

O mamoeiro, *Carica papaya* L. é um representante da família Caricaceae, a qual possui seis gêneros e 35 espécies, ocorrendo em regiões tropicais e subtropicais das Américas e África (VANDROOGENBROECK et al., 2004). A fruta possui elevado valor nutritivo e excelente sabor, sendo muito consumida “in natura” ou por produtos industrializados (SERRANO e CATTANEO, 2010).

Atualmente a mancha anelar é considerada uma das doenças mais destrutivas da cultura. Ela é causada pelo *Papaya ringspot virus*, PRSV-p e tem sido fator limitante para a produção de mamão, inviabilizando a cultura em algumas regiões (VENTURA; COSTA; TATAGIBA, 2013).

Ainda não existem no Brasil cultivares s resistentes ao PRSV. As tentativas de controle pelo uso de variedades tolerantes e com a proteção cruzada não têm apresentado sucesso no controle amplo e duradouro dessa virose. No Brasil, a melhor solução encontrada para evitar a disseminação dessa virose e para o seu controle, tem sido a erradicação precoce das plantas infectadas, amparada por legislação estadual (VENTURA; COSTA; TATAGIBA, 2013).

A variabilidade genética disponível nos bancos de germoplasma pode ser explorada nos programas de melhoramento. Para isso, é imprescindível conhecer a diversidade genética existente para selecionar genitores geneticamente divergentes e com características interessantes como, produção, qualidade de frutos e tolerância a doenças, e desta forma compor cruzamentos dialélicos, a fim de produzir híbridos com maior efeito heterótico e maior variabilidade nas gerações segregantes (FALCONER, 1987).

Esse trabalho objetivou avaliar a diversidade genética em linhagens e híbridos de mamoeiro para o PRSV em condições de campo e infecção natural pelo vírus.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi instalado em dezembro de 2016 no Campo Experimental da Embrapa Mandioca e Fruticultura, em Cruz das Almas, BA, localizada no Recôncavo da Bahia, situada a 12°40'39" de latitude S e 39°06'22" de longitude O de Greenwich, a 226 m de altitude. O clima da região é do tipo subúmido, com temperatura média de 24,1 °C, umidade relativa de 86% e pluviosidade média anual de 1.400 mm, com períodos de chuvas entre os meses de março e agosto (INMET, 2014). O solo é classificado como Latossolo Vermelho-Amarelo, de textura argilosa e declividade de 0% a 3% (RODRIGUES et al., 2009).

Foram avaliadas, duas cultivares (Golden do grupo Solo e Rubi do grupo Formosa), sete linhagens L33, L36, L45, L54, L60, L72, L74 e os híbridos H10x26, H10x54, H10x83, H26x72, H33x36, H33x56, H52x54, H52x72, H52x83, H54x74, H54x78, H56x52, H56x60, H56x74, H58x74, H60x74, H60x83, H78x84, VIGx54, VIGx72, VIGx78, totalizando 30 genótipos.

O delineamento foi em blocos casualizados com 30 tratamentos, com quatro blocos, em que cada parcela experimental foi representada por seis plantas, totalizando 720 plantas dispostas em linhas no espaçamento 3 x 2 m.

Três mudas, com aproximadamente 20 cm de altura, foram plantadas por cova na área experimental, para assegurar que, após a sexagem, houvesse a presença de pelo menos uma planta hermafrodita por cova.

O monitoramento das plantas teve início no mês de abril de 2017 após 4 meses do transplântio. Todas as plantas foram avaliadas visualmente para identificação dos sintomas característicos do PRSV. Foram observados sintomas de clareamento das nervuras, mosaico, distorção das folhas jovens, estrias nos pecíolos e anéis nos frutos, esta avaliação foi conduzida até que 100% do plantio estivesse infectado, o que ocorreu no 8º mês de avaliação.

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* (SNEATH; SOKAL, 1973). A validação dos agrupamentos foi determinada por meio do coeficiente de correlação cofenético (SOKAL; ROHLF, 1962). O critério para definição do número de grupos foi baseado no pacote “NbClust” do programa R (CHARRAD et al., 2014). As análises foram realizadas com auxílio do programa estatístico R (R Core Team, 2018).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O dendrograma obtido pela análise de agrupamento dos 30 genótipos pelo método UPGMA, com base nas distâncias genéticas generalizada de Mahalanobis (D2), utilizando-se para a progressão da doença da mancha anelar no período de avaliação estudado encontra-se representado na Figura 1.

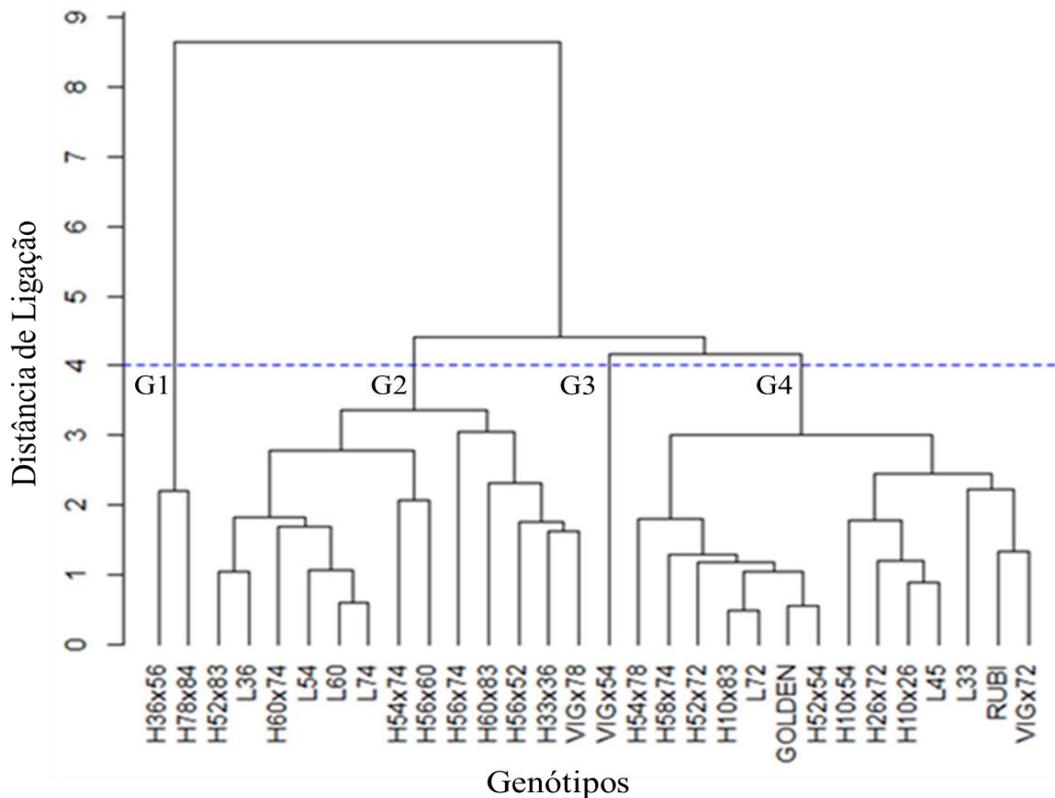


Figura 1. Dendrograma baseado na distância euclidiana e método de agrupamento UPGMA.

O método de agrupamento UPGMA permite o estabelecimento dos grupos de forma que exista heterozigiosidade entre grupos e homozigiosidade dentro do grupo (CRUZ; CARNEIRO, 2003). O coeficiente de correlação cofenético (CCC) foi de $R=0.87^{**}$ e está de acordo com os valores propostos por Bussab et al. (1990), que consideram valores aceitáveis de coeficiente de correlação cofenético a partir de 0,80 para as análises de agrupamento.

Desta forma, constatou-se a formação de quatro grupos entre as linhagens e híbridos avaliados, o que indica a existência de variabilidade entre os genótipos avaliados. O grupo 1 foi constituído por 2 híbridos, o H36x56 e H78x844. O grupo 2 foi constituído por 13 genótipos, dos quais 4 são as linhagens L36, L54, L60 e L74, e os outros foram os híbridos, H52x83 H60x74, H54x74, H56x60, H56x74, H60x83, H56x52, H33x36, VIGx78. Por sua vez, o grupo 3 foi formado por apenas um híbrido, o VIGx54.

O grupo 4 foi o maior, composto pelos híbridos H54x78, H58x74, H52x72, H10x83, H52x54, H10x54, H26x72, H10x26, VIGx72, pelas linhagens L72, L45, L33 e pelas cultivares Golden e Rubi, dos grupos Solo e Formosa respectivamente, apesar de pertencerem a grupos distintos. Desta forma, a progressão da doença foi semelhante para as duas cultivares, assim como em todos os grupos formados o que demonstra a eficiência do método UPGMA.

CONCLUSÃO

O método de agrupamento UPGMA evidenciou que houve diversidade genética entre os genótipos estudados.

REFERÊNCIAS

- BUSSAB, W. de O.; MIAZAKI, E. S.; ANDRADE, D. F. **Introdução à Análise de Agrupamentos**. In: 9º Simpósio Nacional de Probabilidade e Estatística, São Paulo. Associação Brasileira de Estatística, 105p.,1990.
- CHARRAD, N.; GHAZZALI, N.; BOITEAU, V.; NIKNAFS, A. NbClust: NbClust package for determining the best number of clusters. R package version 2.0.1. Disponível em: <http://CRAN.R-project.org/package=NbClust>. 2014.
- CRUZ, C. D; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, v.2, 2003. 585 p.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.
- HAMILTON, R. A. Quantitative study of growth and fruiting in inbred and crossbred progenies from solo papaya strains. **Hawaii Agricultural Experimental Station Bulletin**, v.20, p.1-38, 1954.
- INMET, Instituto Nacional de Meteorologia, 2014. Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/portal/index.php> acesso em junho de 2018.
- R Core Team. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2018. Disponível em: URL <https://www.R-project.org/>.
- RODRIGUES, M. G. F. et al. Solos e suas relações com as paisagens naturais no município de Cruz das Almas - BA. **Revista de Biologia e Ciências da Terra**, Campina Grande, v. 9, n. 2, p. 193-205, 2009.
- ROHLF, F. J.; FISHER D. L. Test for hierarchical structure in random data sets. **Systematic Zoology**, v.17, p. 407 - 412. 1968.
- SERRANO, L. A. L.; CATTANEO, L. F. O cultivo do mamoeiro no Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, 32: 657-959, 2010.
- SNEATH, P. H.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy: the principles and practice of numerical classification**. San Francisco: W.H. Freeman, 1973. 573p.
- SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v.11 p.33-40. 1962.
- VAN DROOGENBROECK, B. et al. Phylogenetic analysis of the highland papayas (*Vasconcellea*) and allied genera (*Caricaceae*) using PCR-RFLP. **Theoretical and Applied Genetics**, v.108, p.1473-1486, 2004.

VENTURA, J. A.; COSTA, H.; TATAGIBA, J. S. Manejo de doenças. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.34, n.275, p.58-67, jul./ago.2013.