

## Similaridade entre genótipos de mamoeiro em relação ao padrão de temporal progresso da meleira (Similarity among papaya genotypes regarding temporal pattern of PMeV)

Martins, M. W. V. <sup>1</sup>; Maia, A. H. N. <sup>2</sup>; Lima, J. S. <sup>3</sup>; Araujo, F. S. A. <sup>1</sup>; Neto, F. C. V. <sup>1</sup>; Filho, P. E. M. <sup>4</sup>.  
<sup>1</sup>Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE; <sup>2</sup>Embrapa Meio Ambiente, Jaguariúna, SP; <sup>3</sup>Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia do Ceará/Campus Sobral, CE; <sup>4</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA. Email: ali.holanda@gmail.com.

A meleira do mamoeiro, considerada atualmente um dos maiores problemas fitossanitários é uma doença causada por um vírus isométrico, o vírus da meleira do mamoeiro (Papaya meleira virus, PMeV). A denominação 'meleira' deriva do aspecto melado dos frutos pelo escorrimento natural do látex que se torna escuro por um processo de oxidação. Outros sintomas como queima dos bordos foliares e mancha zonada nos frutos são também observados em pomares infectados pelo vírus. Com o objetivo de verificar o progresso da doença no campo, foi avaliada a incidência de plantas com sintomas em diferentes genótipos. Foram avaliadas dez plantas de cada genótipo, perfazendo um total de 20 avaliações num período de 220 dias após o plantio em Paraipaba, estado do Ceará. Foram ajustados modelos de Gompertz, Logístico e Monomolecular para descrever o padrão de progresso da doença, em cada genótipo. Esse padrão é expresso por um modelo não linear da porcentagem de plantas doentes em função do tempo, ajustado pelo método de quadrados mínimos não lineares. Para análise de agrupamentos foi escolhido o modelo Logístico, que apresentou melhor ajuste para o maior número de genótipos. Entre os trinta genótipos avaliados, foram excluídos quatro genótipos, para os quais não houve convergência do método de ajuste da curva de progresso e, conseqüentemente, não foram obtidas estimativas dos parâmetros da curva. Os genótipos foram agrupados com base na similaridade das curvas de progresso, representadas pelas estimativas dos seguintes parâmetros: alfa, a incidência máxima teórica; beta, relacionado à incidência correspondente ao inóculo inicial; e k taxa de crescimento da doença. Foram obtidos sete grupos de genótipos, que capturam 97% da variabilidade total entres os parâmetros de todos os clones. São eles: G1 – CMF-087; G2 – CALIMOSA e CMF-L75-08; G3 - CMF\_012 e CMF-235; G4 - CMF-021, CMF-018, L47-P5, CMF-233, CMF-L88-08, CMF\_024, CMF\_123, CMF\_L30\_08, CMF\_L48\_08 e CMF\_L12\_08; G5 – L47\_P08, CMF\_154, CMF\_092 CMF\_041, SUNRISE, TAINUNG\_F1, CMF\_065, CMF\_088, CMF\_087, CMF\_L62\_08 e CMF\_L75\_08; G6 - CMF\_020 e CMF\_L90\_08 e G7 GOLDEN e TAINUNG-F1. A caracterização das curvas de progresso de doenças de plantas é importante para a seleção de genótipos com resistência genética à patologia estudada, além de fornecer informações úteis nos estudos de formas de contágio.

**Palavras-chave:** Curvas de progresso; Análise de agrupamentos; Modelos não lineares

**Apoio:** Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária