

Seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma via modelos mistos

Marcelo Vivas (^{1*}); Silvaldo Felipe da Silveira (²); Janieli Maganha Silva Vivas (²); Alexandre Pio Viana (¹); Antonio Teixeira do Amaral Junior (¹); Messias Gonzaga Pereira (¹)

(¹) Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Avenida Alberto Lamago, 2000, 28013-602 Campos dos Goytacazes (RJ), Brasil.

(²) UENF, Laboratório de Entomologia e Fitopatologia, 28013-602 Campos dos Goytacazes (RJ), Brasil.

(*) Autor correspondente: mrclvivas@hotmail.com

Recebido: 2/jul./2014; Aceito: 3/set./2014.

Resumo

Genótipos crioulos são importantes fontes de genes de adaptação, rusticidade e resistência de plantas a doenças bióticas e a estresse ambiental. Avaliou-se neste trabalho o potencial genético de contribuição de genótipos crioulos de mamoeiro na resistência a mancha-de-phoma. O experimento, implantado em blocos casualizados com seis repetições, foi composto de 24 progênies dioicas de meios-irmãos de mamoeiro que segregaram para o sexo, sendo avaliadas apenas as plantas com flores femininas. Foram estimados os componentes de variância e o valor genético de progênies para incidência e severidade de mancha-de-phoma via modelos mistos. As estimativas de herdabilidade e acurácia seletiva permitiram prever situação muito favorável à seleção de progênies resistentes, com destaque para as progênies STA-02, STA-04, STA-05, STA-06, STA-07, STA-11, STA-12, STA-16, STA-21 e STA-22, com valores negativos de efeitos genéticos aditivos tanto para severidade quanto para incidência da doença nas folhas.

Palavras-chave: *Carica papaya*, resistência genética, *Stagonosporopsis caricae*, variabilidade genética.

Selection of female papaya progenies for resistance to phoma-spot using mixed models

Abstract

Landraces genotypes present with source of genes for adaptation, rusticity and resistance to disease and environmental stress. In this work the potential of landraces papaya genotypes in contributing to resistance genes phoma-spot was evaluated. The experiment was implemented in a randomized block design with six replications, was composed of 24 half-sib progenies of dioecious papaya - which segregated for sex. Only plants with female flowers were evaluated and estimate variance components and predict genetic value of landraces to incidence and severity of phoma-spot, by mixed model. Heritability estimates and selective accuracy demonstrate a favorable situation to the selection of progeny that can contribute to the reduction of disease. 'STA-02', 'STA-04', 'STA-05', 'STA-06', 'STA-07', 'STA-11', 'STA-12', 'STA-16', 'STA-21' and 'STA-22' showed negative values of additive genetic effects for both t incidence and severity of phoma-spot.

Key words: *Carica papaya*, genetic resistance, *Stagonosporopsis caricae*, genetic variability.

A cultura do mamoeiro no Brasil está vulnerável ao ataque de inúmeros fitopatógenos, entre os quais se destaca em importância o fungo *Stagonosporopsis caricae* (Sydow e P. Sydow) Aveskamp, Gruyter e Verkley [= *Phoma caricae-papayae* (Tar) Punith.] (Aveskamp et al., 2010), agente causador da mancha-de-phoma e da podridão peduncular. Nas folhas novas, as lesões necróticas e marrom-escuras crescem e coalescem, atingindo 3 a 5 centímetros, comprometendo grande porção da área foliar (Rezende e Martins, 2005). Sob condição climática favorável, na ausência de controle químico a doença chega a provocar a perda de todas as folhas apicais.

Uma das formas de controle para essa doença é a resistência genética. Embora existam trabalhos de

melhoramento direcionados à obtenção de cultivares resistentes a mancha-de-phoma (Vivas et al., 2010; 2013a), ainda não existem variedades comerciais com resistência completa ou economicamente efetiva (Vivas et al., 2010), havendo necessidade de se ampliar a base genética nessa cultura, bem como de se intensificarem as pesquisas que enfoquem a resistência genética do mamoeiro a doenças em geral. Para ampliação da base genética pode-se fazer uso de variedades crioulas. Nesse contexto, diferentes trabalhos relatam o uso de genótipos crioulos para aumento da variabilidade genética e frequência de genes de adaptação, rusticidade e resistência a estresse biótico e abiótico (Medeiros et al., 2008; Neitzke et al., 2009; Vivas et al., 2012; 2013b).

Em mamoeiro, há relatos de progênies crioulas como fonte de resistência a pinta preta, causada por *Asperisporium caricae* (Speg.) Maubl. (Vivas et al., 2012). Acredita-se que elas também possam contribuir quanto à resistência a outras doenças, notadamente à mancha-de-phoma, sendo importante conhecer a variabilidade existente em tais progênies. Para se conhecer a variabilidade existente torna-se necessário o delineamento de estratégias de melhoramento eficientes, as quais são de fundamental importância para a estimação de componentes de variância (parâmetros genéticos) e a predição dos valores genotípicos. Entretanto, a experimentação de campo está vulnerável a desbalançamento de dados devido a vários motivos. No presente estudo o desbalançamento dos dados foi causado pela segregação das progênies dioicas em flores femininas e masculinas (Vivas et al., 2013b).

No caso de dados desbalanceados, a ANOVA conduz a estimativas imprecisas de componentes de variância, sendo, portanto, a predição de valores genéticos duvidosa. Nesses casos, o REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada) torna-se um procedimento ótimo de avaliação genotípica (Resende, 2006). Em mamoeiro, o uso de modelos mistos ainda é pouco explorado, há relatos de sua utilização na estimação de parâmetros genéticos e valores genotípicos em populações segregantes visando a seleção de indivíduos de mamoeiro para caracteres morfoagronômicos tais como comprimento e peso do fruto, sólidos solúveis totais e firmeza do fruto (Oliveira et al., 2012; Pinto et al., 2013), bem como para a redução da mancha-fisiológica (Pinto et al., 2013). Entretanto, para características relacionadas a doenças essa abordagem é pioneira. Neste trabalho estimaram-se os componentes de variância e foram preditos os valores genéticos de progênies crioulas de mamoeiro quanto à resistência a mancha-de-phoma em folhas a partir de experimento de campo, utilizando-se o procedimento BLUP/REML.

O experimento foi instalado em junho de 2010, na Fazenda Água Limpa, município de Mimoso do Sul (latitude 21°03'52"S, longitude 41°21'59"W), estado de Espírito Santo, em blocos casualizados, com seis repetições de 24 progênies dioicas de mamoeiro que segregaram para

o sexo, conforme apresentado por Vivas et al. (2012). Em junho de 2011, ocasião em que a doença ocorreu naturalmente no campo, realizaram-se, apenas nas plantas com flores femininas – plantas com flores masculinas não selecionadas por Vivas et al. (2013b) foram eliminadas para se evitar contaminação com pólen indesejado –, avaliações da incidência e da severidade de mancha-de-phoma. A incidência (%) de folhas com sintomas de mancha-de-phoma foi calculada com a razão do número de folhas com sintomas pelo número total de folhas por planta multiplicada por cem. A severidade de mancha-de-phoma foi estimada visualmente na quinta folha completamente expandida, com o auxílio de escala diagramática adotada por Vivas et al. (2010).

Com os dados fenotípicos obtiveram-se, via *software* Selegen-Reml/Blup (Resende, 2006), as estimativas dos componentes de variâncias (REML Individual) e foi predito via BLUP o efeito genético aditivo predito dos genitores, bem como o efeito genético aditivo predito para cada indivíduo, para cada variável. Utilizou-se para tal o modelo 19: $y = Xr + Za + e$. Em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Visando auxiliar no processo de seleção das melhores progênies femininas, os efeitos genéticos aditivos preditos para cada genitor foram utilizados para a confecção de um gráfico de dispersão de dados, considerando a severidade e a incidência de mancha-de-phoma, respectivamente, nos eixos x e y . Posteriormente fez-se inferência sobre os genitores pela análise gráfica dos escores distribuídos no gráfico.

Pela análise dos componentes de variância obtidos pela máxima verossimilhança restrita (REML), constatou-se para severidade de mancha-de-phoma em folha que a variância fenotípica foi explicada quase que absolutamente pela variância aditiva. Observou-se também que as magnitudes das herdabilidades estimadas com base na média de progênies foram superiores a 73% para as duas variáveis em estudo (Tabela 1). Isso demonstra uma situação favorável à seleção de progênies que possam contribuir para a

Tabela 1. Estimativas de componentes de variância obtidos para incidência de folha com sintoma e mancha-de-phoma e severidade de mancha-de-phoma em folha, por meio da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), Mimoso do Sul, 2011

Componentes de variância	Incidência	Severidade
Herdabilidade da média de progênie	0,7344	0,7324
Acurácia da seleção de progênie	0,8570	0,8558
Coefficiente de variação genética aditiva individual (%)	31,0501	91,2455
Coefficiente de variação genética entre progênies (%)	15,5251	45,6227
Coefficiente de variação residual (%)	22,8670	67,5442
Coefficiente de variação relativa	0,6789	0,6755
Desvio padrão do valor genotípico predito	4,1629	1,4355
Média geral do experimento	52,0334	6,0828

redução da mancha-de-phoma, haja vista que grande parte da variação fenotípica observada em campo é devida ao componente genético.

No que se refere à qualidade do experimento, Resende (2007) afirma que esta deve ser inferida preferencialmente com base na acurácia. Considera-se ainda que para o processo de seleção em programas de melhoramento devem ser buscados valores de acurácia acima de 70%. No presente estudo, observou-se estimativas superiores a 85% para as duas características avaliadas (Tabela 1). Conforme apresentado por Resende (2007), tais estimativas de acurácia apresentam uma precisão alta, facilitando a identificação e seleção de progênies com características desejáveis. A análise gráfica a partir de valores genéticos aditivos das progênies, para severidade e incidência de mancha-de-phoma, permitiu a distribuição das progênies em quadrantes (Figura 1). Considerando apenas a variável severidade, os escores obtidos com os valores dos efeitos genéticos aditivos apontaram 14 genótipos como candidatos a seleção, pois apresentaram os menores valores. Por outro lado, para incidência de folhas com sintoma de mancha-de-phoma, 13 genótipos apresentaram valores negativos para os efeitos genéticos preditos, ou seja, tenderam a contribuir para a redução da incidência de mancha-de-phoma em folha nas novas gerações.

Considerando as duas estimativas em conjunto, constatou-se que as progênies STA-02, STA-04, STA-05, STA-06, STA-07, STA-11, STA-12, STA-16, STA-21 e STA-22 apresentaram valores de efeitos genéticos aditivos desejáveis para as duas variáveis. Dessas, as progênies STA-02, STA-06 e STA-11 foram as que apresentaram maiores valores negativos dos efeitos genéticos aditivos. É importante ressaltar que a seleção a partir do efeito genético aditivo facilita a obtenção de plantas superiores, pois foram descartadas plantas com valores fenotípicos maiores que os selecionados. Outro ponto a ser mencionado é a possibilidade de serem obtidos ganhos genéticos, tanto para resistência a mancha-de-phoma quanto a pinta preta (Vivas et al., 2012; 2013b). Esses autores observaram que as progênies STA-02, STA-04, STA-08, STA-13, STA-15 e STA-16 foram as mais promissoras para redução da severidade da pinta preta em folhas de mamoeiro e para o aumento de folhas sem sintomas de pinta preta. Vivas et al. (2013b), utilizando o índice de Mulamba e Mock (1978) para selecionar as 10 melhores progênies, apontaram além daquelas descritas por Vivas et al. (2012), STA-05, STA-17, STA-22 e STA-24. Sendo assim, com base no resultado obtido no presente estudo, bem como nos resultados apresentados nos trabalhos supracitados, concluiu-se que as progênies STA-02, STA-04, STA-05, STA-16 e STA-22

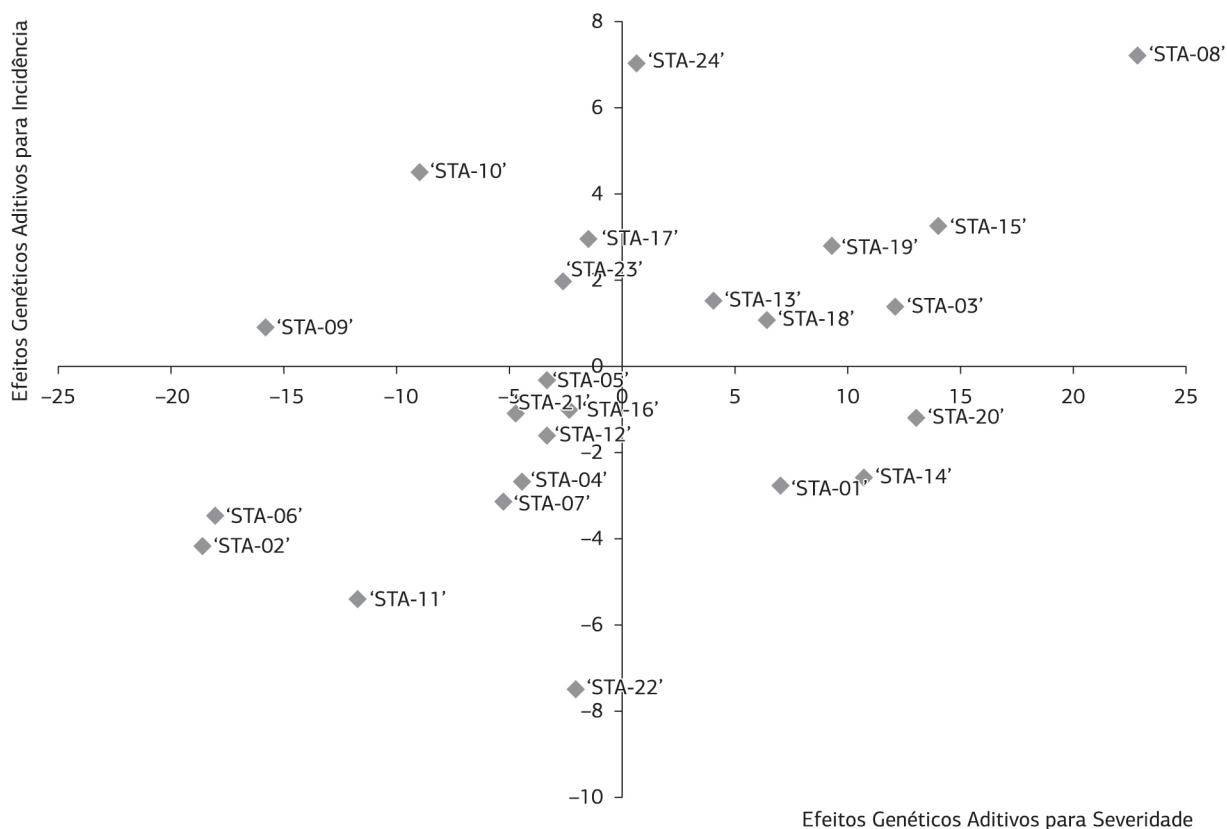


Figura 1. Gráfico contendo a distribuição dos escores nos quadrantes, discriminando a contribuição relativa de cada genitor para a formação da próxima geração.

Tabela 2. Estimativas dos efeitos fenotípicos (f) e dos efeitos genéticos aditivos preditos para incidência de folha com sintoma de mancha-de-phoma e severidade de mancha-de-phoma em folha, para as 20 melhores progênies e respectivos blocos, Mimoso do Sul, 2011

Ordem	Progênie (bloco)	Incidência de folhas		Progênie (bloco)	Severidade em folha	
		f	a		f	a
1	STA-06 (6)	21,43	-45,82	STA-18 (3)	0,00	-12,19
2	STA-09 (1)	23,08	-31,64	STA-22 (4)	0,00	-10,14
3	STA-11 (5)	23,08	-29,39	STA-11 (3)	1,00	-9,62
4	STA-02 (5)	23,08	-28,08	STA-22 (3)	2,00	-7,87
5	STA-02 (2)	37,50	-22,73	STA-03 (2)	0,00	-7,44
6	STA-10 (2)	40,00	-21,11	STA-05 (5)	2,00	-6,27
7	STA-02 (6)	40,00	-20,13	STA-06 (6)	0,00	-6,08
8	STA-22 (4)	41,67	-15,40	STA-02 (6)	0,00	-6,06
9	STA-05 (5)	35,71	-13,66	STA-07 (5)	2,00	-5,77
10	STA-22 (3)	42,86	-11,95	STA-04 (5)	2,00	-5,77
11	STA-19 (2)	50,00	-10,77	STA-22 (2)	1,00	-4,44
12	STA-07 (5)	37,50	-10,68	STA-14 (4)	5,00	-4,20
13	STA-21 (4)	45,00	-9,94	STA-01 (2)	2,00	-3,93
14	STA-04 (5)	38,10	-9,92	STA-11 (5)	3,00	-3,93
15	STA-23 (2)	50,00	-8,59	STA-02 (2)	2,00	-3,78
16	STA-12 (1)	42,86	-6,68	STA-23 (2)	3,00	-3,44
17	STA-17 (3)	47,37	-5,81	STA-12 (1)	0,00	-3,21
18	STA-16 (1)	44,44	-4,68	STA-01 (5)	4,00	-3,05
19	STA-10 (5)	42,11	-3,60	STA-02 (5)	4,00	-2,89
20	STA-17 (6)	54,55	-3,56	STA-06 (4)	6,00	-2,66

apresentaram potencial para a redução das duas doenças: pinta preta e mancha-de-phoma.

Considerando as estimativas dos efeitos genéticos aditivos preditos, para incidência de folha com sintoma de mancha-de-phoma e severidade de mancha-de-phoma em folha de mamoeiro, para os 20 melhores indivíduos dentro de progênies e seus respectivos blocos, observou-se que STA-02 (2), STA-02 (5), STA-02 (6), STA-04 (5), STA-05 (5), STA-06 (6), STA-07 (5), STA-11 (5), STA-12 (1), STA-22 (3), STA-22 (4) e STA-23 (2) apresentaram-se como promissores, pois mostraram valores adequados tanto para incidência de folhas com sintoma de mancha-de-phoma quanto para severidade de mancha-de-phoma em folhas (Tabela 2). Dos indivíduos acima mencionados, Vivas et al. (2013b) apontaram STA-02 (2), STA-02 (6), STA-04 (5), STA-05 (5) e STA-22 (3) com potencial para redução da pinta-preta. Os indivíduos STA-16 (1) e STA-17 (6) foram promissores para a redução da pinta preta (Vivas et al., 2013b) e apresentaram valores adequados para redução da incidência de folhas com sintoma de mancha-de-phoma.

AGRADECIMENTOS

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro – FAPERJ e à Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, pelo suporte financeiro e logístico.

REFERÊNCIAS

- AVESKAMP, M.M.; GRUYTER, J.; WOUDEBERG, J.H.C.; VERKLEY, G.J.M.; CROUS, P.N. Highlights of the *Didymellaceae*: A polyphasic approach to characterise *Phoma* and related *pleosporalean* genera. *Studies in Mycology*, v.65, p.1-60, 2010. <http://dx.doi.org/10.3114/sim.2010.65.01>
- MEDEIROS, L.A.M.; BALARDIN, R.S.; COSTA, I.F.D.; GULART, C.A.; LENZ, G. Reação de germoplasma crioulo de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) a *Colletotrichum lindemuthianum* Tropical Plant Pathology, v.33, p.273-280, 2008. <http://dx.doi.org/10.1590/S1982-56762008000400003>
- MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt Journal of Genetics and Cytology*, v.7, p.40-51, 1978.
- NEITZKE, R.S.; BARBIERI, R.L.; HEIDEN, G.; BÜTTOW, M.V.; OLIVEIRA, C.S.; CORRÊA, L.B.; SCHWENGBER, J.E.; CARVALHO, F.I.F. Caracterização morfológica e dissimilaridade genética entre variedades crioulas de melão. *Horticultura Brasileira*, v.27, p.534-538, 2009. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362009000400021>
- OLIVEIRA, E.J.; FRAIFE FILHO, G.A.; FREITAS, J.P.X.; DANTAS, J.L.L.; RESENDE, M.D.V. Plant selection in F₂ segregating populations of papaya from commercial hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.12, p.191-198, 2012. <http://dx.doi.org/10.1590/S1984-70332012000300005>
- PINTO, F.O.; LUZ, L.N.; PEREIRA, M.G.; CARDOSO, D.L.; RAMOS, H.C.C. Metodologia dos modelos mistos para seleção combinada em progênies segregantes de mamoeiro. *Revista Brasileira*

de Ciências Agrárias, v.8, p.211-217, 2013. <http://dx.doi.org/10.5039/agraria.v8i2a2409>

REZENDE, J.A.M.; MARTINS, M.C. Doenças do mamoeiro (*Carica papaya* L.). In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A. (Ed.). Manual de fitopatologia: Doenças das plantas cultivadas. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. p.435-443.

RESENDE, M.D.V. O software Selegen Reml/Blup. Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2006. 299p. (Embrapa Gado de Corte. Documentos)

RESENDE, M.D.V. Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético. Embrapa Florestas: Editora Colombo, 2007. 561p.

VIVAS, M.; SILVEIRA, S.F.; TERRA, C.E.P.S.; PEREIRA, M.G. Reação de germoplasma e híbridos de mamoeiro à mancha-de-

phoma (*Phoma caricae-papayae*) em condições de campo. Tropical Plant Pathology, v.35, p.323-328, 2010. <http://dx.doi.org/10.1590/S1982-56762010000500009>

VIVAS, M.; SILVEIRA, S.F.; VIVAS, J.M.S.; PEREIRA, M.G. Patometria, parâmetros genéticos e reação de progênies de mamoeiro à pinta-preta. Bragantia, v.71, p.235-238, 2012. <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052012005000021>

VIVAS, M.; SILVEIRA, S.F.; PEREIRA, M.G.; CARDOSO, D.L.; FERREGUETTI, G.A. Análise dialélica em mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma. Ciência Rural, v.43, p.945-950, 2013a. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782013005000054>

VIVAS, M.; SILVEIRA, S.F.; VIVAS, J.M.S.; PEREIRA, M.G. Predição de ganhos genéticos e seleção de progênies de mamoeiro para resistência à pinta-preta. Tropical Plant Pathology, v.38, p.142-148, 2013b. <http://dx.doi.org/10.1590/S1982-56762013000200008>