

Experiências em pré-melhoramento de mandioca

UTILIZAÇÃO DO POTENCIAL DE ESPÉCIES SILVESTRES DE MANDIOCA
COMO FONTE DE RESISTÊNCIA A ESTRESSES BIÓTICOS E ABIÓTICOS

Alfredo A. C. Alves¹; Rui A. Mendes²; Martin Fregene³; Anthony Bellotti³

¹Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, Cruz das Almas, Brasil (aalves@cnpmf.embrapa.br);

²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Brasil; ³Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia

A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma das principais fontes de energia em todo o mundo. Apesar de sua rusticidade, a mandioca sofre grandes perdas causadas por fatores bióticos (pragas e doenças) e abióticos (seca e baixa fertilidade dos solos). Além disso, a mandioca possui elevada deterioração fisiológica pós-colheita (DFP) em todas as suas variedades comercialmente utilizadas, o que reduz muito a vida de prateleira das raízes. Até o momento, o programa de melhoramento de mandioca da Embrapa vem trabalhando apenas com a diversidade genética da única espécie cultivada do gênero. As espécies silvestres que, abrigam genes de resistência aos principais estresses bióticos e abióticos que afetam a mandioca, são muito pouco estudadas e muitas delas estão ameaçadas de extinção.

O potencial de utilização de espécies silvestres tem sido recentemente confirmado por estudos desenvolvidos no CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical). Dos resultados dessas experiências, destaca-se: 1) Moderado a alto níveis de resistência a ácaro, mosca branca e cochonilha foi encontrado em híbridos inter-específicos de *M. esculenta* sub spp *flabellifolia* (Burbano et. al., 2005); 2) A única fonte de resistência a mandarová e uma fonte de resistência ao vírus do mosaico foram identificadas na 4^a prole de retrocruzamentos de *M. Glaziovii* (Chavarriaga et al., 2004); 3) Surpreendente redução da DFP foi identificado em um híbrido inter-específico entre *M. esculenta* e *M. walkerae* (CIAT, 2003); 4) *M. glaziovii*, *M. catingae* e *M. carthaginensis*, são adaptadas às condições semi-áridas e são potenciais fontes de genes para tolerância à seca. Por outro lado, a natureza heterozigota e o longo ciclo reprodutivo da mandioca torna a introgressão e a piramidação desses genes um esforço de longo prazo. Em particular, problemas de segregação distorcida (Jiang et al., 2000), supressão de recombinação

(Paterson et al., 1990) e arraste de genes deletérios (Young e Tanksley, 1989) são frequentemente encontrados em cruzamentos inter-específicos. Por estas razões, os melhoristas de plantas tradicionalmente possuem boas razões para não utilizar esses cruzamentos. Uma alternativa para superar esses problemas é o método de retrocruzamento avançado, sugerido por Tanksley e Nelson (1996), que se sobrepõe a algumas das limitações ao se utilizar espécies silvestres em programas de melhoramento. A vantagem do retrocruzamento avançado (ABC, do inglês) é a possibilidade de transferir alelos favoráveis de germoplasma não-melhorado/adaptado para linhagens elite de programas de melhoramento, ao mesmo tempo em que evita o efeito epistático de genes deletérios encontrado em espécies silvestres (Tanksley e McCouch 1997). Outra vantagem do método de retrocruzamento avançado é que a análise de locos de características quantitativas (QTL) da progênie resultante pode ser utilizada para identificar alelos de interesse no doador silvestre/selvagem. Estes alelos podem avaliados em outros cruzamentos via seleção assistida por marcadores (Tanksley e Nelson 1996). Apesar do método de retrocruzamento avançado ser aplicado em grande número de espécies autógamas, especialmente cereais, feijão (Blair et al., 2006) e algodão (Chee et al., 2005), ele já vem sendo utilizado recentemente com sucesso em espécies alógamas, como em mandioca (CIAT 2005).

Com base nas descobertas preliminares, em espécies silvestres de mandioca, de fontes de resistência aos principais fatores bióticos e abióticos que afetam a mandioca cultivada, e na perspectiva de utilizar tecnologias de baixo custo, via marcadores moleculares, para introduzir genes úteis de espécies silvestres em progenitores elites, está sendo conduzido, desde 2005, o projeto “*Desenvolvimento de tecnologias de baixo custo para piramidação de genes úteis de espécies silvestres de mandioca em progenitores elites*”, financiado pelo Programa Desafio Geração (Generation Challenge Program-GCP), com os seguintes objetivos específicos: **1)** Desenvolver metodologias simples para reduzir o custo e a complexidade da seleção assistida por marcadores (MAS, em inglês); **2)** Identificar marcadores moleculares para: a) redução da DFP em um híbrido inter-específico (CW429-1) com *M. walkerea*; b) resistência a mandarová em MNg11 (60444), um indivíduo BC₄ obtido de *M. glaziovii*; e c)

resistência a mosca branca em um híbrido inter-específico (CW251-3) de *M. esculenta sub spp flabellifolia*, usando populações S₁, BC₁ e BC₅ recentemente desenvolvidas; **3)** Coletar espécies silvestres de *Manihot* em regiões com prolongado período de seca (semi-árido e cerrados) e onde as pragas e doenças de mandioca são endêmicas; **4)** Estabelecer uma avaliação sistemática de acessos de espécies silvestres e híbridos inter-específicos, para resistência a seca, pragas e doenças, e criar uma base de dados dos resultados dessas avaliações; e **5)** Desenvolver variedades que combinam resistência a ácaros e vírus do mosaico, e linhas que combinam redução da DFP e resistência a mandarová ou a mosca-branca, via MAS.

Os métodos utilizados e os progressos obtidos nos estudos preliminares e nas atividades em andamento do mencionado projeto, serão apresentados com mais detalhes neste relato.

Literatura citada

BLAIR, M. W.; IRIARTE, G.; BEEBE, S. QTL analysis of yield traits in an advanced backcross population derived from a cultivated Andean wild common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cross. **Theor. Appl. Genet.** v. 112, p. 1149–1163, 2006.

BURBANO, M.; CARABALÍ, A.; MONTOYA, J.; BELLOTTI, A. Resistencia natural de especies silvestres de *Manihot* (Euphorbiaceae) a *Mononychellus tanajoa*, (Acariformes), *Aleurotrachelus socialis*, y *Phenacoccus herreni* (Homoptera). **Revista Colombiana de Entomologia**, 2006 (Submitted).

CHAVARRIAGA, P.; PRIETO, S.; HERRERA, C.J.; LÓPEZ, D.; BELLOTTI, A.; TOHME, J. (2004). Screening transgenics unveils apparent resistance to hornworm (*E. ello*) in the non-transgenic, African cassava clone 60444. In: **Proceedings of the Sixth International Scientific Meeting of the Cassava Biotechnology Network**. 8-14 March 2004, Cali, Colombia: CIAT. Book of Abstracts, 2004. p. 4.

CHEE, P.; DRAYE, X.; JIANG, C. X.; DECANINI, L.; DELMONTE, T. A.; BREDHAUER, R.; SMITH, C.W.; PATERSON, A.H. Molecular dissection of interspecific variation between *Gossypium hirsutum* and *Gossypium barbadense* (cotton) by a backcross-self approach: I. Fiber elongation. **Theor. Appl. Genet.** v. 111, p. 757–763, 2005

CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical). **Improved Cassava for the Developing World**. Annual Report Project IP3. Cali, Colombia: CIAT, 2003. p. 8-65 to 8-68.

CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical). **Improved Cassava for the Developing World**. Annual Report Project IP3. Cali, Colombia: CIAT, 2005. p. 12-27

JIANG, C.; CHEE, P.; DRAYE, X.; MORRELL, P.; SMITH, C.; PATERSON, A. Multi-locus interactions restrict gene flow in advanced-generation interspecific populations of polyploid *Gossypium* (Cotton). **Evolution** v. 54, p. 798–814, 2000.

PATERSON, A. H.; SARANGA, Y.; MENZ, M.; JIANG, C.; WRIGHT, R. J. QTL analysis of genotype-environmental interactions affecting cotton fiber quality. **Theor. Appl. Genet.** v. 106, p. 384–396, 2003.

TANKSLEY, S. D.; MCCOUCH, S. Seed Banks and Molecular Maps: Unlocking Genetic Potential from the Wild. **Science** v. 277, p. 1063-1066, 1997.

TANKSLEY, S. D.; NELSON, J. C. Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines. **Theor. Appl. Genet.** v. 92, p. 191-203, 1996.

YOUNG, N.D.; TANKSLEY, S. D. RFLP analysis of the size of chromosomal segments retained around the *Tm-2* locus of tomato during backcross breeding. **Theor. Appl. Genet.** v. 77, p. 353–359, 1989.