

Variação Agronômica de Novas Linhagens de Mamoeiro

Eder Jorge de Oliveira¹; Vania Jesus dos Santos de Oliveira²; Gilmara Alvarenga Fachardo Oliveira³; Ana Cristina Vello Loyola Dantas⁴, Jorge Luiz Loyola Dantas¹

Resumo

Este trabalho teve como objetivo avaliar 42 linhagens de mamoeiro obtidas via seleção assistida por marcadores microssatélites, além de estimar a sua variabilidade quanto a características de importância agronômica. O experimento foi montado em delineamento de blocos aumentados, com quatro repetições e duas testemunhas comerciais (Sunrise e Tainung). Observou-se diferença significativa entre os genótipos avaliados para nove das dez características avaliadas. Os altos valores de herdabilidade e a predominância de efeitos genotípicos em relação aos ambientais indicam que a seleção para os caracteres avaliados pode ser promissora. Associado ao alto potencial produtivo e de qualidade de frutos, a análise de componentes principais (ACP) revelou ampla dispersão dos genótipos na análise gráfica, indicando considerável variação agronômica que pode ser explorada na obtenção de híbridos ou com uso das linhagens per se.

Introdução

Nos últimos anos, o uso de híbridos de mamoeiro vem ganhando espaço no sistema de produção do mamoeiro. Entretanto, sua obtenção depende da existência de linhas puras, de forma a evitar segregação na geração F_1 . Assim, a obtenção de linhagens de mamoeiro tem sido uma estratégia bastante utilizada nos programas de melhoramento genético pela uniformização dos genótipos, se utilizados per se como variedades ou em combinações híbridas.

A obtenção de linhagens de mamoeiro pode levar mais de 12 anos, considerando ciclo de dois anos e no mínimo seis gerações de autofecundação, a partir das populações segregantes. Contudo, o uso da seleção assistida por marcadores codominantes, como os microssatélites tem contribuído para reduzir drasticamente este tempo (Oliveira et al. 2010). Assim, este trabalho foi conduzido com o objetivo de avaliar o comportamento produtivo e de qualidade de frutos de novas linhagens de mamoeiro, selecionadas via seleção assistida por marcadores microssatélites.

Materiais e Métodos

Foram avaliadas 42 novas linhagens de mamoeiro pertencentes ao programa de melhoramento genético da Embrapa Mandioca e Fruticultura e duas testemunhas comerciais (Sunrise e Tainung). O ensaio foi instalado em Cruz das Almas, BA, Brasil (12°48'38"S e 39°6'26"W), na área Experimental da Embrapa, em julho de 2009, em delineamento de blocos aumentados, com duas testemunhas e quatro repetições. O plantio foi realizado no espaçamento de 2,0 x 2,0 metros, seguindo-se todos os tratamentos culturais recomendados para a cultura.

As características avaliadas foram: 1) Produtividade em $t\cdot ha^{-1}$ no primeiro ano de produção (computado pela contagem de frutos na planta x peso médio de frutos) (PROD); 2) Altura da planta aos 12 meses (m) (AP12); 3) Número de frutos comerciais (NFC); 4) Número de frutos deformados (NFD); 5) Número de nós sem frutos (NNSF); 6) Comprimento do fruto (cm) (CF); 7) Diâmetro do fruto (DF); 8) Massa do fruto (g) (PF); 9) Sólidos solúveis totais, medido em °brix, com auxílio de refratômetro manual (SST); 10) Firmeza do fruto (FIR), medida em libras utilizando penetrômetro manual modelo FT 327 (McCormick Fruit Tech, Yakima, EUA).

A análise físico-química dos frutos foi realizada com uso de cinco frutos oriundos de plantas hermafroditas, colhidos no estágio 2 de amadurecimento (frutos com até 25% da superfície amarela) e avaliados quando os frutos atingiram o estágio 5 (frutos com 100% da superfície amarela).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância, de acordo com o modelo; $Y_{ij} = m + t_i + B_j + e_j$, em que: Y_{ij} é o valor da característica para a i -ésima testemunha no j -ésimo bloco; m é a média geral do experimento; t_i é o efeito do i -ésimo tratamento, que pode ser decomposto em $T_i =$ efeito da i -ésima testemunha,

¹Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, CEP 44380-000, Cruz das Almas-Ba, e-mail: eder@cnpmf.embrapa.br; loyola@cnpmf.embrapa.br

²Doutoranda em Ciências Agrárias, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, CEP 44380-000, Cruz das Almas, BA, e-mail: vania79br@yahoo.com.br

³Graduanda em Biologia, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, CEP 44380-000, Cruz das Almas, BA, e-mail: gfachardo@yahoo.com.br

⁴Professora da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, CEP 44380-000, Cruz das Almas, BA, e-mail: anacristinaloyola@yahoo.com.br

com $i = 1, 2, \dots, t$ e $G_i^j =$ efeito do i -ésimo genótipo, com $i = 1, 2, \dots, g_j$; B_j é o efeito do j -ésimo bloco; e_{ij} é o erro aleatório. Em seguida foram estimados os parâmetros genéticos com uso do Programa Genes (Cruz et al., 2006).

Os dados foram submetidos à análise por componentes principais (ACP) com uso do programa R (R Development Core Team).

Resultados e Discussão

Observaram-se diferenças significativas pelo teste F para todas as características avaliadas exceto para DF (Tabela 1). O coeficiente de variação experimental variou de 3,47 a 26,52%, demonstrando boa precisão experimental pelo fato da maioria estar abaixo de 20%. O coeficiente de variação genética (CVg), foi elevado para a maioria dos descritores, com variação de 12,13% (DF) e 124,52% (NFD). Altos valores de CVg estão associados à grandes diferenças entre os genótipos para as características avaliadas, por exemplo no caso de NFD, em que a amplitude foi de 0 para os genótipos L04-2, L04-4, L32-1, L36-5, L42-3, L42-6, L45-3, L49-6 e Tainung a 14,92 frutos para a linhagem L05-6.

Tabela 1: Resumo da análise de variância, média geral, média dos genitores, média dos cruzamentos e coeficiente de variação experimental (CV%), para os caracteres agrônômicos.

Fatores	Características									
	PROD	AP12	NFC	NFD	NNSF	CF	DF	PF	SST	FIR
QM_{GA}	467,99*	0,27**	127,59**	9,78**	29,92*	18,61**	2,15 ^{ns}	126386,85*	3,96**	2,51*
\bar{X}_{GC}	33,02	2,36	18,29	0,25	3,42	12,02	6,25	551,81	7,45	3,38
\bar{X}_{GNC}	51,91	2,76	39,10	2,62	11,93	18,16	9,15	721,77	10,61	4,40
\bar{X}_P	50,47	2,73	37,91	2,49	11,43	17,71	8,91	699,74	10,42	4,33
CVe(%)	13,38	4,02	5,66	16,33	17,24	3,47	7,90	24,02	4,31	26,52
σ_f^2	323,39	0,25	128,41	10,78	27,86	17,45	1,76	97359,13	4,17	3,23
σ_a^2	47,70	0,01	4,53	0,15	3,65	0,40	0,53	31158,11	0,21	1,41
σ_g^2	275,69	0,24	123,88	10,64	24,21	17,06	1,23	66201,02	3,95	1,81
h^2 (%)	85,25	94,75	96,47	98,65	86,91	97,73	70,08	68,00	94,92	56,22
CVg (%)	31,99	17,67	28,47	124,52	41,25	22,74	12,13	35,65	18,74	30,62
IV	2,39	4,40	5,03	7,62	2,39	6,56	1,54	1,48	4,35	1,15

QM_{GA} = quadrado médio de genótipos ajustados; \bar{X}_{GC} = média dos genótipos comuns; \bar{X}_{GNC} = média dos genótipos não comuns; \bar{X}_P = média ponderada; CVe(%) = coeficiente de variação experimental; σ_f^2 = variância fenotípica; σ_a^2 = variância ambiental; σ_g^2 = variância genotípica; h^2 (%) = herdabilidade no sentido amplo; CVg (%) = coeficiente de variação genético; IV = índice de variação; PROD = produtividade em t.ha⁻¹; AP12 = altura da planta aos 12 meses; NFC = número de frutos comerciais; NFD = número de frutos deformados; NNSF = número de nós sem frutos; CF = comprimento do fruto; DF = diâmetro do fruto; PF = massa do fruto; SST = sólidos solúveis totais.

O índice de variação foi maior que a unidade em todas as características, indicando predominância de efeitos genéticos. Os altos valores das herdabilidade sugerem que há possibilidade de ganhos expressivos no processo de seleção para a maioria das características avaliadas (Tabela 1). Estes resultados são consistentes com as estimativas de herdabilidade no sentido restrito em populações segregantes, cujos valores variaram de 60,42% para número de frutos por planta e 84,10% para peso de frutos, apontando alta viabilidade do emprego de métodos simples de seleção em populações segregantes (Cattaneo et al. 2005).

Dentre os componentes da variância, observou-se maior participação da variância genotípica em todas as características estudadas (Tabela 1), indicando que a maior participação da variação fenotípica é respondida pela variação genética. Segundo Cruz & Carneiro (2003), a utilização de parâmetros genéticos no melhoramento de plantas permite a identificação da variabilidade genética e análise da eficiência das estratégias de melhoramento utilizadas para maximizar os ganhos e ao mesmo tempo manter a base genética da população.

Observaram-se fortes correlações (>0,70) positivas para as características PROD x PF; CF x (DF, PF); DF x DF. Em relação aos componentes principais (PC), verificou-se que as características PROD, CF, DF e PF, foram responsáveis por explicar grande parte da variação presente no primeiro componente principal (PC1), enquanto que no PC2 foram as características PROD, AP12, NFC e NNSF, e no PC3 a característica FIR

(Figura 1). Nestes dois últimos componentes principais a explicação da variação genética com base nas características supracitadas foi de menor magnitude.

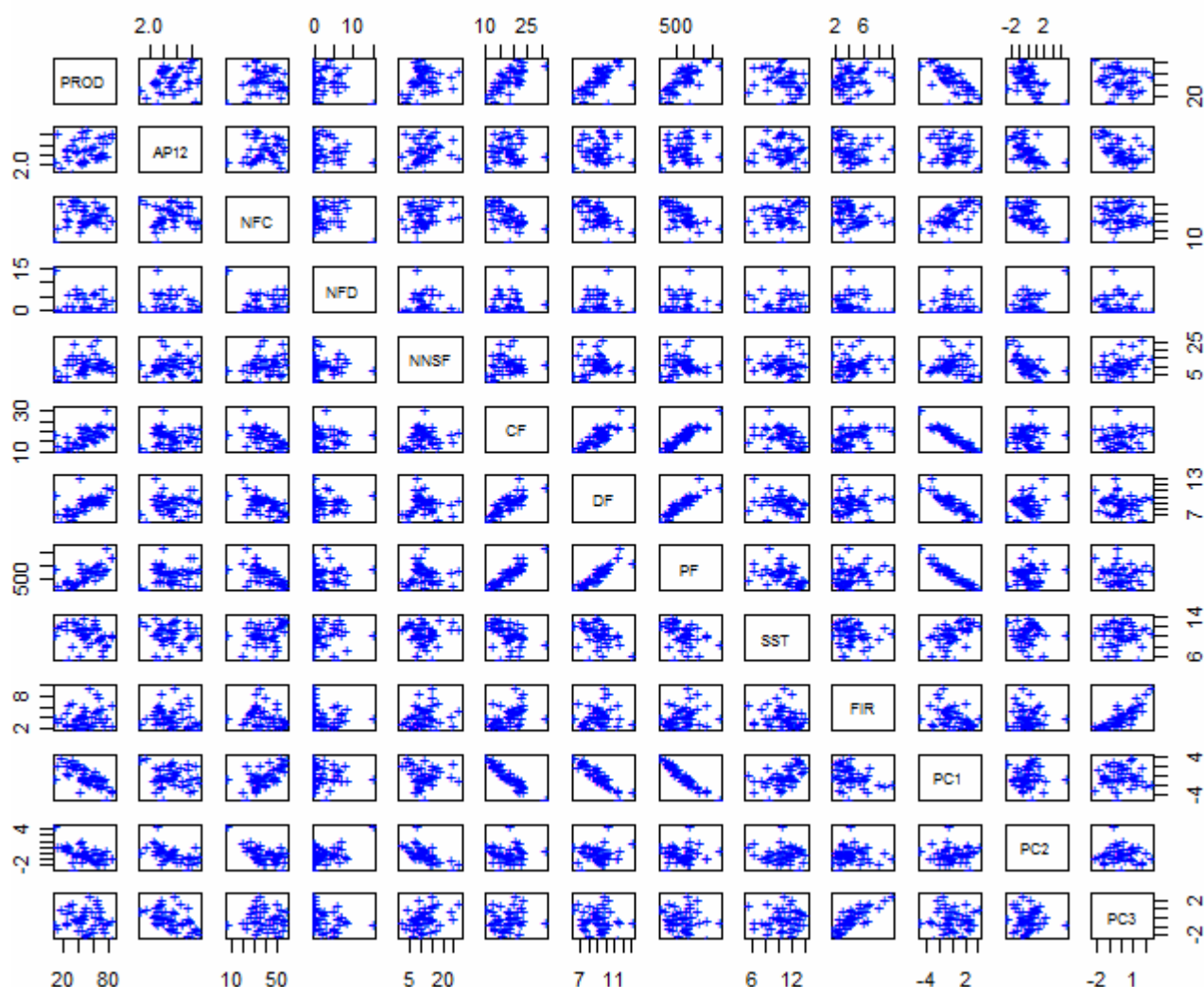


Figura 1: Gráfico de dispersão das características agrônômicas avaliadas aos pares, em linhagens de mamoeiro, bem como sua associação com os três primeiros componentes principais (PC1, PC2 e PC3).

O ordenamento dos genótipos e das características foi realizado no mesmo gráfico da ACP, ou seja, adotou-se a utilização de vetores identificando os principais fatores (variáveis) responsáveis pelos agrupamentos das amostras. A ACP demonstrou que a dispersão dos genótipos foi bastante elevada, indicando a existência de linhagens de mamoeiro com alta variabilidade genética, ou seja, a partir de sua exploração será possível obter híbridos ou variedades com boas características agrônômicas e diferenciais às cultivares atuais e mais utilizadas comercialmente, que são a Sunrise e o híbrido Tainung (Figura 2).

Embora haja ampla distribuição dos genótipos em função da sua caracterização, observa-se que as características SST, NFC, NNSF, AP12, PROD e FIR foram capazes de agrupar mais de 60 % das linhagens, além da testemunha Tainung. As linhagens L28-6 e L05-6 ficaram isoladas na representação gráfica, destacando-se das demais, pelo maior SST e NFC; e maior NFD, respectivamente (Figura 2).

As linhagens L28-1 e L42-3 foram agrupadas, sobretudo por apresentarem alto NFC. Por outro lado, as linhagens L06-4, L07-6, L08-3, L11-5, L14-3, L20-3, L23-8, L31-1, L36-5, L37-1, L37-6, L39-4, L39-6, L49-6 e a testemunha Sunrise, destacaram-se pela combinação de menor AP12 e NNSF, e maior SST.

Outro agrupamento formado pelas linhagens L01-5, L02-5, L04-2, L04-4, L09-1, L12-6, L14-2, L15-3, L15-, L21-6, L24-4, L25-1, L27-6, L32-1, L40-1, L40-3, L42-6, L45-3 e Tainung, destacaram-se pelas características de maior PROD e PF, e menor NFD. De maneira análoga, as características de menor AP12 e maior PF, DF e CF, permitiram o agrupamento dos genótipos L01-2, L03-5, L05-2, L17-8, L24-7 e L45-5 (Figura 2).

Estes resultados demonstraram que as novas linhagens de mamoeiro identificadas com uso da seleção assistida por marcadores moleculares, em populações segregantes e acessos de germoplasma, apresentam

potencial produtivo e de qualidade de frutos, semelhantes ou superiores a genótipos utilizados comercialmente. Além disso, ampla variabilidade agronômica detectada nestas linhagens permitirá ampliar a oferta de variedades e híbridos de mamoeiro no Brasil, que se caracteriza como um dos principais produtores mundiais.

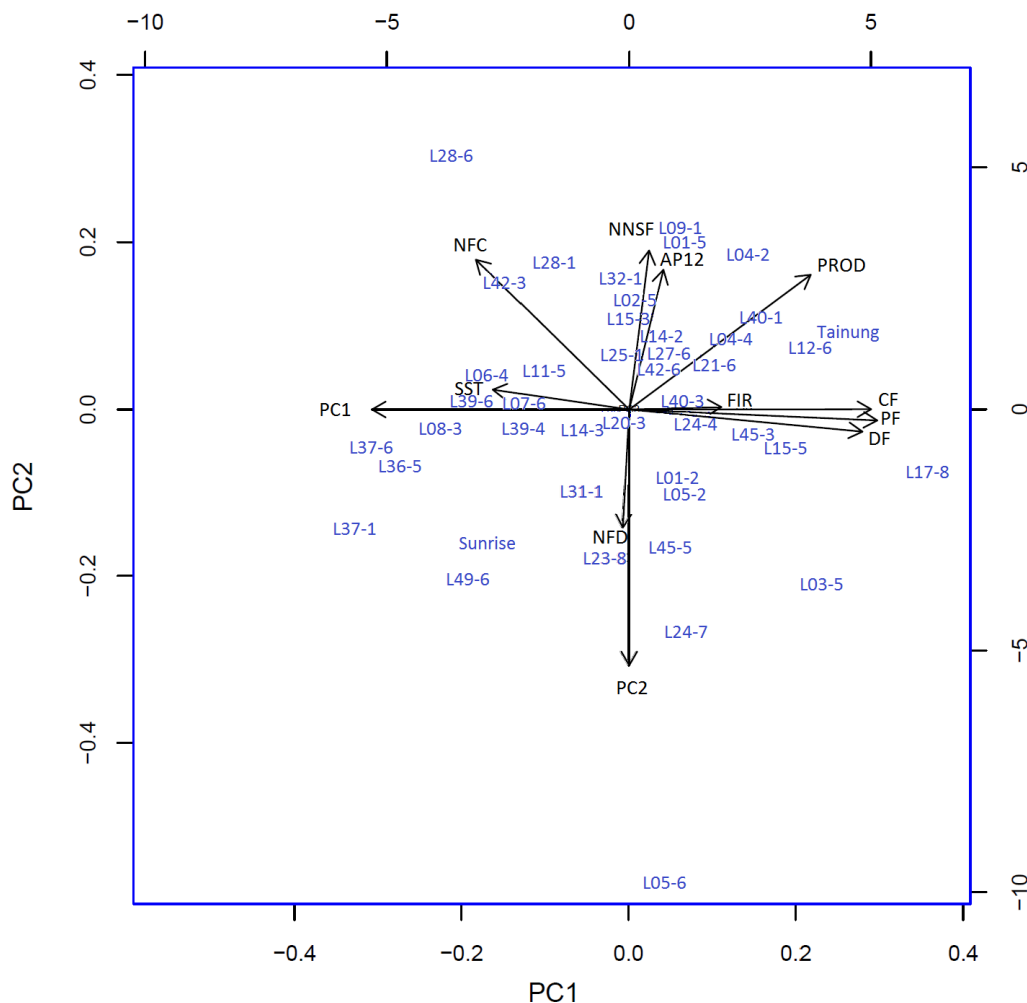


Figura 2: Representação gráfica da distribuição das linhagens de mamoeiro, com base na análise de componentes principais (PC-1 e PC-2) dos dados agronômicos. As setas representam o ordenamento das variáveis.

Referências

CATTANEO LF, PEREIRA MG, THIEBAUT JTL, MARIN SLD (2005) Estudo da herança de algumas características do mamoeiro In: PAPAYA BRASIL, Vitória. **Anais...**p. 298-300

Cruz CD (2006) **Programa Genes - Estatística Experimental e Matrizes**. Editora UFV, Viçosa, 285p.

CRUZ CD, CARNEIRO PCS (2003) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Editora UFV, Viçosa, 585p

OLIVEIRA EJ, SILVA AS, CARVALHO FM, SANTOS LF, COSTA JL, AMORIM VBO, DANTAS JLL (2010) Polymorphic microsatellite marker set for *Carica papaya* L. and its use in molecular-assisted selection. **Euphytica** **173**: 279–287