

Identificação de genótipos de bananeira resistentes ao mal-do-Panamá a partir da avaliação em área infestada e em casa de vegetação

Leandro Ferreira da Costa¹; Tamyres Amorim Rebouças²; Fernando Haddad³; Edson Perito Amorim³

¹Estudante de Agronomia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Bolsista IC Fapesb; ²Estudante de Mestrado do Curso de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia,

³Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. E-mails: leandroifbaianobonfim@gmail.com, tamyufrb@yahoo.com.br, fernando.haddad@embrapa.br, edson.amorim@embrapa.br

Introdução – O mal-do-Panamá, causado por *Fusarium oxysporum f. sp. cubense* (Foc), é considerada uma das mais destrutivas doenças que acometem a bananicultura mundial. As cultivares utilizadas no Brasil, em especial a ‘Prata-Anã’ e ‘Pacovan’ são suscetíveis ao mal-do-Panamá, ou tem apresentado relatos crescentes de áreas acometidas pelo patógeno. Essas duas cultivares ocupam aproximadamente 60% da área cultivada com banana no Brasil. Outra cultivar preferida pelo consumidor brasileiro, a ‘Maçã’, está em vias de extinção devido ao alto grau de suscetibilidade. Portanto, estratégias para mitigar esse problema e alavancar o agronegócio da banana no Brasil são prementes e necessários. Em função das suas peculiaridades, a melhor forma de controle para o mal-do-Panamá passa obrigatoriamente pela resistência genética, a partir da identificação de genótipos resistentes e posterior uso em cruzamentos com cultivares comerciais, a exemplo da ‘Prata-Anã’ e da ‘Maçã’, visando transferir alelos de resistência. **Objetivo** – Identificar genótipos de bananeira resistentes ao mal-do-Panamá em área artificialmente infestada com Foc e por meio da inoculação de mudas micropropagadas com esporos do fungo em casa de vegetação.

Material e Métodos – O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado com dez repetições por genótipo. Para avaliação de campo foram mensuradas cinco características agrônômicas, e a incidência do mal-do-Panamá foi avaliada com base na expressão dos sintomas internos da doença. Em condições de casa de vegetação as avaliações foram realizadas com base nos sintomas externos e internos da doença. Os dados agrônômicos foram submetidos à análise de variância. A escala de notas para os sintomas internos foi transformada para índice de intensidade da doença (ID); já para os dados de casa de vegetação, foi estimada a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) e o índice de intensidade da doença (ID). Os resultados foram agrupados pelo método k-médias. Foi realizada a correlação de Pearson com base nos dados de ID de campo e de casa de vegetação. **Resultados** – O índice de intensidade da doença (ID), variou de 0,00% a 94,00% entre os genótipos analisados. Com base nos dados de AACPD e ID, foi possível visualizar a formação de três agrupamentos: O G1(suscetíveis) composto por ‘Maçã’ e ‘Maçã 159’; o G2 (moderadamente resistentes) formado por ‘Princesa’, ‘Tropical’ e o mutante ‘Maçã 150’, todos do tipo Maçã; e G3 (resistentes), representados por ‘Birmanie’ e ‘Pisang Jaran’. A correlação entre os dados de campo e de casa de vegetação, obtidos a partir da análise dos genótipos em comum nas duas avaliações, foi de 0,97 ($p \leq 0,001$), fato que demonstra alta associação. Pelos resultados percebe-se que há comportamento diferenciado entre os genótipos quanto a resistência ou suscetibilidade a Foc. **Conclusões** – A maioria dos genótipos testados mostrou-se resistente ou moderadamente resistente ao mal-do-Panamá, com destaque para os diploides ‘Birmanie’ e ‘Malaccensis’, que tem potencial para uso como parentais em cruzamentos com cultivares comerciais visando desenvolver genótipos resistentes a Foc.

Palavras-chave: seleção; melhoramento genético; *Fusarium*; inoculação.