



DISTÂNCIA GENÉTICA NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS PARA COMPOSIÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMOEIRO DO GRUPO FORMOSA.

Alyce Carla Rodrigues Moitinho¹, Juliana de Oliveira Batista¹, Fabíola Lacerda de Souza Barros², Karin Tesch Kuhlcamp², Sarah Ola Moreira³.

¹Faculdade Pitágoras. Av. São Mateus, 1458, Araçá, 29901-398, Linhares-ES, Brasil, alycecarla022@hotmail.com, julianabatistainfor@gmail.com,

²Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural – Incaper, Centro Regional de Desenvolvimento Rural Centro Norte. Rodovia BR 101 Norte, Km 151, 29900-970, Linhares-ES, Brasil, fabiola.barros@incaper.es.gov.br, karin.kuhlcamp@incaper.es.gov.br.

³Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural – Incaper, Centro Regional de Desenvolvimento Rural Centro Serrano. Rodovia BR 262, Km 94, Fazenda do Estado, 29375-000, Venda Nova do Imigrante-ES, Brasil, sarah.ola@gmail.com.

Resumo – Na obtenção de linhagem para a composição de híbridos é imprescindível a manutenção da distância genética, favorecendo a expressão da heterose. O objetivo do estudo foi avaliar a diversidade genética entre famílias de meios-irmãos (FMI) de mamoeiro para formação de linhagens e composição de híbridos. O delineamento experimental adotado foi blocos ao acaso, em que os tratamentos foram constituídos de 19 FMI, com cinco repetições. Foram avaliados: altura de planta; massa de fruto; teor de sólidos solúveis; número total de frutos; número nós sem fruto; produção por planta e; a incidência de ácaro branco nas plantas. As FMI foram agrupadas pelo método da ligação média entre grupo (UPGMA) e após a seleção foram calculados o diferencial e o ganho de seleção. Pelas informações obtidas do dendrograma verificou a formação de seis grupos com acurácia de 76,49%. Para manter a variabilidade genética disponível, foi selecionada uma FMI de cada grupo. Exceto para a massa do fruto, a seleção praticada foi favorável aos objetivos do programa de melhoramento.

Palavras-chave: *Carica papaya*; UPGMA; diversidade genética; ganhos de seleção.

Área do Conhecimento: Ciência Agrônômica

Introdução

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) é uma das fruteiras tropicais de grande importância no Brasil, sendo o segundo maior produtor mundial, e o terceiro maior exportador da fruta. Apesar de sua importância econômica, poucas cultivares e híbridos comerciais, que atendam tanto ao mercado interno quanto ao externo e que agreguem além de alta produtividade e qualidade de frutos, a resistência a doenças, estão disponíveis no mercado (VIVAS et al., 2010). O crescimento contínuo da cultura do mamão aliado a um reduzido número de cultivares tem resultado em uma uniformidade nos plantios comerciais e uma consequente redução da variabilidade genética (PINTO et al. 2013).

Para o desenvolvimento de novas cultivares, o conhecimento da diversidade genética disponível é de fundamental importância, pois além de identificar combinações que possam expressar elevada heterose, aumenta a perspectiva de seleção de segregantes superiores, com a potencialização da variabilidade no cruzamento entre genótipos divergentes (BEZERRA NETO et al., 2010). Para a obtenção de híbridos, o conhecimento da divergência genética é utilizado para selecionar genitores geneticamente distantes e com características interessantes, como a produção, qualidade de frutos e tolerância a pragas e doenças, utilizados para compor a análise dialélica (LUCENA; DANTAS, 2015).

O primeiro híbrido de mamão registrado no Brasil, o 'Uenf/Caliman01' (Calimosa), foi obtido por Marin et al. (2006) utilizando uma hibridação entre materiais genéticos do grupo Solo e Formosa, recomendado aos agricultores e vem sendo cultivado em diferentes regiões produtoras do Brasil, como nos Estados do Rio Grande do Norte, Bahia e Espírito Santo (VIVAS et al., 2010). Para híbridos obtidos dentro do grupo Formosa, Vivas et al. (2010) observaram que não superaram as médias dos seus genitores, não manifestando, portanto, a heterose, em função da pouca distância genética entre os parentais.

O objetivo do estudo foi avaliar a diversidade genética entre famílias de meios-irmãos de mamoeiro, buscando selecionar materiais contrastantes para formação de linhagens a serem usadas na obtenção de híbridos.

Metodologia

O experimento foi instalado na Fazenda Experimental do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper) em Sooretama, ES (19°03'S; 40°08'W) principal região produtora de mamoeiro. O clima da região é classificado como tropical com estação seca (classificação de Köppen: Aw), com temperatura do ar anual média de 23,5 °C e precipitação anual média de 1.276 mm (ALVARES et al., 2013).

Foram avaliadas 19 famílias de meios-irmãos (FMI) previamente selecionadas de uma população da cultivar Rubi Incaper 511 (MELO et al., 2015). Para formação das FMI estudadas, 150 plantas foram selecionadas para maior produtividade e teor de sólidos solúveis. As sementes das plantas selecionadas, em que o parental feminino era conhecido e o parental masculino era a mistura de pólen da população, formaram as FMI.

O delineamento experimental foi de blocos ao acaso, com cinco repetições e nove plantas por parcela, sendo cinco delas consideradas úteis. Como bordadura foi utilizada a 'Rubi Incaper 511'. O espaçamento utilizado foi de 3,5 x 2 m, o sistema de irrigação foi por gotejamento e os tratos culturais foram realizados conforme recomendação para cultura (MARTINS; COSTA, 2003). O plantio foi realizado em novembro de 2015.

Foram avaliadas as seguintes características:

- Altura de planta (AP), em cm, avaliada aos oito meses após o transplântio;
- Incidência de ácaro branco (*Polyphagotarsonemus latus*) (ACA), obtido pelo somatório do número médio de plantas afetadas por parcela, entre os meses de julho e dezembro de 2016;
- Número total de frutos (NFT), avaliado pela contagem de frutos por planta aos 180, 240 e 360 dias após o transplântio;
- Número de nós sem fruto (NSF), avaliado pela contagem de nós sem a presença de frutos aos 180, 240 e 360 dias.
- Massa de fruto (MF) em g; pesados em uma amostra de três frutos por planta, aos 180 dias após o transplântio;
- Teor de sólidos solúveis (SS), em °Brix, medidos em uma amostra de três frutos por planta colhidos aos 180 dias após o transplântio no estágio 2 de maturação (15% da superfície da casca amarela);
- Produtividade (PROD), em kg planta⁻¹, obtido pela multiplicação do NFT pela MF;

Para a quantificação de divergência genética foi estimada a matriz de dissimilaridade genética pela Distância de Mahalanobis. A partir da matriz foi realizado o agrupamento dos genótipos utilizado o método hierárquico da ligação média entre grupo (*Unweighted Pair-Group Average – UPGMA*). A validação dos agrupamentos foi determinada pelo Coeficiente de Correlação Cofenético (CCC) (SOKAL; ROHLF, 1962). A significância da correlação cofenética foi calculada pelo Teste de Mantel (1967) (1.000 permutações).

A partir do agrupamento gerado, a seleção foi praticada de modo a obter a maior variabilidade possível, visando explorar o vigor híbrido causado pela heterose. Para tal, foi selecionada uma família de cada agrupamento formado pelo UPGMA. A partir dos genótipos selecionados, para cada característica foi calculada a nova média, o diferencial de seleção e o ganho de seleção. Para o cálculo do ganho de seleção foi utilizada a herdabilidade obtida pela análise de variância. A análise dos dados foi realizada com auxílio do programa Genes (CRUZ, 2013). Para o agrupamento pelo método UPGMA e para a determinação da correlação cofenética, utilizou-se o Programa R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2006).

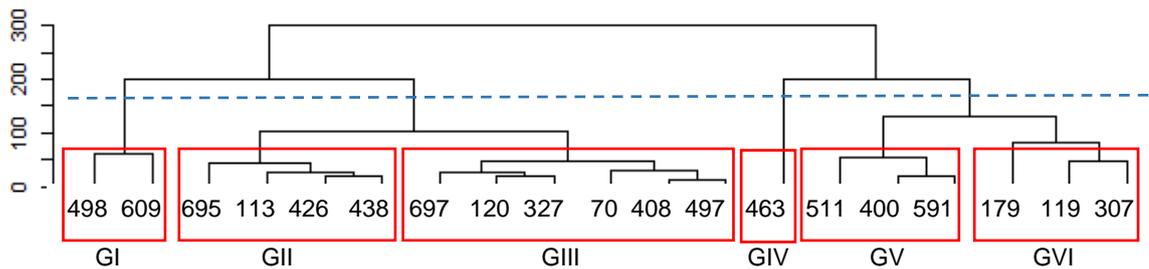
Resultados

O agrupamento das famílias de meios-irmãos pelo método hierárquico da ligação média entre grupo (UPGMA) dividiu os genótipos em seis grupos (Figura 1):

- Grupo I, composto pelas FMI 489 e 609, agrupou os genótipos com plantas mais baixas e alta produtividade por planta;
- Grupo II, formado por quatro FMI com as menores incidências de ácaro branco;
- Grupo III, formado por seis FMI que se caracterizam por serem altas;
- Grupo IV, formado pelo genótipo 463, que é o genótipo de maior teor de sólidos solúveis e menor massa de fruto;
- Grupo V, composto pelas FMI 400 e 591, além da cultivar Rubi Incaper 511, que são os genótipos de menor teor de sólidos solúveis;
- Grupo VI, composta pelas FMI 179, 119 e 307, que são genótipos de teor de sólidos solúveis altos e baixos números de nós sem fruto.

O coeficiente de correlação cofenético, que expressa a adequação da representação gráfica do agrupamento às distâncias reais entre os genótipos foi de 0,7649 e significativo pelo teste de Mantel.

Figura 1 - Dendrograma de dissimilaridade genética entre 19 famílias de meios-irmãos de mamoeiro obtido pelo método hierárquico de médias ponderadas (UPGMA), com base em sete descritores quantitativos. Coeficiente de correlação cofenética (CCC): 0,7649*.



Fonte: os autores

A média geral dos genótipos avaliados indicou uma produtividade por planta de 44,79 Kg/planta, com 38,64 frutos de 1.158,64g com teor de sólidos solúveis de 9,02°Brix. A seleção foi praticada com objetivo de manter a variabilidade genética da cultivar, para, posteriormente, explorar a heterose por meio de híbridos. Para isso, foram selecionados as FMI 70; 113; 179; 400; 463 e 498, um genótipo de cada grupo formado pelo agrupamento UPGMA apresentado na Figura 1 (Tabela 1).

As FMI selecionadas mantiveram as médias bem próximas aos originais. Os maiores diferenciais foram obtidos para o número total de frutos (ganho de 3,40%) e número de nós sem fruto (redução de 10,26%). Como a herdabilidades dessas características é de 51,07 e 77,90%, respectivamente, os ganhos genéticos, que refletem os ganhos efetivos na próxima geração são de 1,73 e -8,00% (Tabela 1).

Os valores de herdabilidade variaram de 40,24% para incidência de ácaro nas folhas e 86,22% para a massa dos frutos. Já os ganhos genéticos, variaram de -8,00 a 2,15% para o número de nós sem fruto e teor de sólidos solúveis, respectivamente. Para NSF, AP e ACA o ganho de seleção negativo é favorável aos objetivos de programa.

Discussão

Um importante fator a ser considerado na análise de grupamentos é sua consistência e adequação aos dados. A correlação cofenética é uma análise que estabelece uma correlação entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado a partir dela. Assim, o coeficiente de correlação cofenético (CCC) podem ser empregado para aumentar a confiabilidade das conclusões frente à interpretação dos dendrogramas (SOKAL; ROHLF, 1962). O CCC obtido nesse estudo foi de 76,48% e significativo pelo teste de Mantel, o que possibilita a realização de inferências por meio da avaliação do dendrograma. Esse resultado corrobora com outros trabalhos descritos na literatura que relatam que os agrupamentos mais consistentes, revelados por maior coeficiente de correlação cofenética, foram

aqueles formados pelo método da ligação média entre grupo – UPGMA (CARGNELUTTI FILHO et al., 2010).

Tabela 1 – Famílias de meios-irmãos (FMI) de mamoeiro selecionadas, média geral e das FMI selecionadas, diferencial de seleção e ganho de seleção para sete características avaliadas.

Famílias	Variáveis						
	AP	MF	ACA	SS	NFT	PROD	NSF
FMI 70	174,10	1200,40	1,63	9,48	40,29	47,96	21,09
FMI 113	136,93	1309,00	1,75	8,93	45,49	59,14	15,12
FMI 179	149,25	881,56	1,12	10,27	33,41	29,50	14,74
FMI 400	160,62	1088,80	2,06	7,86	44,31	48,62	18,98
FMI 463	149,57	798,00	1,55	10,63	41,08	32,89	15,49
FMI 498	126,67	1461,40	1,73	8,56	35,15	51,48	13,91
Média Geral	153,27	1158,64	1,65	9,02	38,64	44,79	18,45
Média das FMI Selecionadas	149,52	1123,19	1,64	9,29	39,96	44,93	16,56
Diferencial de seleção	-3,75	-35,45	-0,01	0,27	1,31	0,14	-1,89
Diferencial de seleção (%)	-2,44	-3,06	-0,87	2,99	3,40	0,31	-10,26
Herdabilidade (%)	74,38	86,82	40,24	71,76	51,07	59,94	77,90
Ganho de seleção (%)	-1,82	-2,66	-0,35	2,15	1,73	0,19	-8,00

AP: altura de planta (cm); MF: massa de fruto (g); ACA: incidência de ácaro branco; SS: teor de sólidos solúveis (°Brix); NFT: número total de frutos; PROD: produtividade (kg planta⁻¹); NSF: número de nós sem fruto.

Fonte: os autores

Pelo método UPGMA houve a formação de seis grupos, sendo que no maior deles (GIII) estão contidos 30% dos genótipos avaliados. O número de grupos formados indicou um grau de variabilidade desejado, mostrando que os genótipos possuem características que os diferenciam, o que é vantajoso ao melhoramento genético da espécie. Avaliando 22 genótipos de mamoeiro por meio de dezessete caracteres morfoagronômicos e de qualidade de frutos, Lucena; Dantas (2015) obtiveram a formação de quatro grupos. Pela consistência dos genótipos dentro de cada grupo, esses autores concluíram que a metodologia utilizada foi eficiente para quantificar a variabilidade genética existente (LUCENA; DANTAS, 2015). Aliado a isso, Pinto et al. (2013) ressaltam que o reduzido número de cultivares disponíveis tem resultado em uma uniformidade nos plantios comerciais e uma consequente redução da variabilidade genética. Assim, resultados como esse são favoráveis a obtenção de novos genótipos, e por consequência, a sustentabilidade da cultura.

Os ganhos de seleção são obtidos pela multiplicação do diferencial de seleção pela herdabilidade, assim, maiores herdabilidades são favoráveis para a obtenção de um maior ganho genético. Com exceção de ACA e de NFT, os valores de herdabilidade obtidos nesse experimento foram altos, o que auxilia no processo de seleção. Dias et al. (2011) relataram valores de herdabilidade para o mamoeiro entre 50,44%, para NFT e 96% para MF, indicando que, havendo interesse dos programas de melhoramento, há possibilidade de ganhos expressivos com o emprego de métodos simples de seleção em populações segregantes.

Para a altura de planta, incidência de ácaro e número de nós sem fruto o ganho genético negativo é favorável aos objetivos do programa de melhoramento, uma vez que a seleção desejada para essas características é em sentido negativo. Para a massa do fruto, o ganho de seleção negativo é desfavorável, no entanto, nessa fase do programa de melhoramento o objetivo é a formação de linhas homogêneas para compor híbridos, e assim, o que foi priorizado foi a divergência genética entre os materiais, para, posteriormente, ter heterose de maior efeito. Trabalhando com a obtenção de híbridos de mamoeiro para resistência a pinta-preta, Vivas et al. (2012) observaram que todos os híbridos provenientes dos cruzamentos dentro do grupo 'Formosa' não superaram as médias dos seus genitores, possivelmente pela pouca distância genética entre os genitores avaliados. Isso reforça a necessidade de manutenção da variabilidade genética para o sucesso dessa estratégia de melhoramento genético.

Conclusão

As famílias de meios-irmãos avaliadas ficaram divididas em seis grupos, indicando existência de variabilidade genética entre os materiais. Foram selecionadas seis FMI, sendo uma de cada grupo, buscando manter a variabilidade genética nas etapas futuras no programa de melhoramento de plantas. Exceto para a massa de fruto, as FMI selecionadas tiveram ganhos de seleção favoráveis aos objetivos do programa de melhoramento.

Agradecimentos

À equipe da Fazenda Experimental de Sooretama e aos bolsistas de Iniciação Científica Júnior pelo auxílio na execução do experimento; a Caliman Agrícola S/A pela produção das mudas utilizadas; a Acqua Fértil Irrigação Ltda pela doação do sistema de irrigação; ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) (processo 475137/2013-2) e a Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES) (processos 67644783 e 71920099) pelo apoio financeiro ao projeto.

Referências

- ALVARES, C. A. et al. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorol. Z.**, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.
- BEZERRA NETO, V. B. et al. Descritores quantitativos na estimativa da divergência genética entre genótipos de mamoneira utilizando análises multivariadas. **Rev. Ciênc. Agron.**, v. 41, n. 2, p. 294-299, 2010.
- CARGNELUTTI FILHO, A. et al. Consistência do padrão de agrupamento de cultivares de feijão conforme medidas de dissimilaridade e métodos de agrupamento. **Pesq. Agropec. Bras.**, v. 45, n. 3, p. 236-243, 2010.
- CRUZ, C. D. Genes - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Sci. Agron.**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.
- DIAS, N. L. P. et al. Avaliação de genótipos de mamoeiro com uso de descritores Agronômicos e estimação de parâmetros genéticos. **Pesq. agropec. bras.**, v. 46, n. 11, p. 1471-1479, 2011.
- LUCENA, R. S.; DANTAS, J. L. L. Divergência genética por meio de caracteres morfoagronômicos e de qualidade de frutos de linhagens e híbridos de mamoeiro. **Magistra**, v. 27, n. 1, p. 101-109, 2015.
- MANTEL, N. The detection of disease clustering and generalized regression approach. **Cancer Research**, v. 27, n. 2, p. 209-220, 1967.
- MARIN S. L. D. et al. Partial diallel to evaluate the combining ability for economically important traits of papaya. **Sci. agric.**, v. 63, n. 6, p. 540-546, 2006.
- MARTINS, D. S.; COSTA, A. F. S. **A cultura do mamoeiro: tecnologia de produção**. Vitória: Incaper, 2003. 497p.
- MELO, J. S. et al. Seleção simultânea de caracteres do mamoeiro utilizando índices tradicionais e valores genéticos preditos via REML/BLUP. XIX Encontro Latino Americano de Iniciação Científica (INIC). **Anais...** São José dos Campos: UNIVAP, 2015.
- PINTO, F. O. et al. Metodologia dos modelos mistos para seleção combinada em progênies segregantes de mamoeiro. **Agrária**, v. 8, n. 2, p. 211-217, 2013.



SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v. 11, p. 30-40, 1962.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing. 2006. Disponível em: <www.r-project.org>; Acesso em: 13 ago. 2017.

VIVAS, M. et al. Capacidade combinatória e heterose para resistência a pinta-preta em mamoeiro por meio de análise dialélica. **Trop Plant Pathol.**, v. 37, n. 5, p. 326-332, 2012.