

HERANÇA DE CARACTERÍSTICAS ASSOCIADAS AO CRESCIMENTO DO MAMOEIRO

Laercio Francisco Cattaneo¹, Messias Gonzaga Pereira², Sérgio Lúcio David Marin³,
José Tarcísio Lima Thiebaut⁴.

¹ Engenheiro Agrônomo, DSc., Pesquisador, Incaper, CRDR – Linhares, ES, lfcattaneo@ig.com.br, ² Engenheiro Agrônomo, PhD, Prof. Associado, LMGV/UENF – Campos dos Goytacazes, RJ, ³ Engenheiro Agrônomo, DSc., Hera Sementes – Linhares, ES. ⁴ Engenheiro Agrônomo, DSc., Incaper – Vitória, ES.

INTRODUÇÃO

O conhecimento da natureza e da magnitude dos efeitos gênicos que controlam determinado caráter é de fundamental importância na seleção e na predição do comportamento de gerações segregantes e híbridas (CRUZ e REGAZZI, 1997).

A metodologia de análise de gerações permite estimar parâmetros genéticos baseados nas médias e variâncias através de experimentos envolvendo os progenitores P_1 e P_2 , as gerações F_1 e F_2 e de retrocruzamentos RC_1 e RC_2 (CRUZ e REGAZZI, 1997).

De acordo com Falconer (1981), para os caracteres métricos, as questões primárias da genética são formuladas em termos de variâncias, sendo a base do estudo da variação a sua partição em componentes de diferentes causas. Ramalho et al. (1993) salientam que a variância, uma estatística de segunda ordem, é preferida em relação à média, estatística de primeira ordem, porque esta última, em algumas situações, pode não representar o que realmente está acontecendo. Enquanto a média proporciona a soma algébrica de cada um dos locos individualmente, sujeita a erros – devido ao fato de os genes dominantes estarem presentes, mas atuando em sentidos opostos nos vários locos, sendo o efeito final pequeno ou nulo –, o uso da variância elimina esta desvantagem, porque os efeitos individuais de cada loco são elevados ao quadrado, não havendo possibilidades de eles se cancelarem. Outra vantagem que o estudo da variância pode proporcionar é a obtenção de estimativas de herdabilidade e predições de ganhos esperados com a seleção, o que não é possível com as médias.

A variância aditiva, que é a variância dos valores genéticos, é um dos fatores determinantes da covariância ou semelhança entre parentes e, por conseguinte, o principal determinante das propriedades genéticas da população e do comportamento da população e da unidade melhorada (FALCONER, 1981; CRUZ e REGAZZI, 1997).

A existência de variância aditiva constitui-se em um indicativo de maior facilidade na identificação de genótipos superiores com maior concentração de alelos favoráveis, enquanto a variância atribuída à dominância é indicativo de dificuldade no processo de seleção, contudo é importante quando se deseja explorar o vigor em combinações híbridas (CRUZ e REGAZZI, 1997).

MATERIAL E MÉTODOS

Os genótipos utilizados nos cruzamentos foram obtidos em populações potencialmente endogâmicas das cultivares de mamão ‘Baixinho de Santa Amália’, pertencente ao grupo ‘Solo’, e ‘Maradol’, do grupo ‘Formosa’. Na escolha desses genótipos, além das características agrônômicas, e dos contrastes fenotípicos entre elas, levou-se em consideração a divergência genética entre os genótipos disponíveis no BAG da UENF, obtida através de marcadores RAPD (CATTANEO et al., 1999).

Os cruzamentos foram feitos utilizando-se as plantas femininas da cultivar 'Baixinho de Santa Amália' e as plantas hermafroditas da cultivar 'Maradol', obtendo-se as sementes da geração F_1 . A população segregante F_2 foi obtida por meio de autofecundações de plantas hermafroditas híbridas da geração F_1 . Na obtenção das gerações de retrocruzamentos (RC_1 e RC_2), o pólen proveniente de plantas hermafroditas da geração F_1 foi utilizado para fecundar flores femininas dos respectivos parentais.

O plantio das seis gerações foi efetuado em Linhares, ES, em fileira simples, espaçadas de 3,60 m entre linhas e 1,40 m entre plantas no delineamento de blocos casualizados, com quatro repetições.

As avaliações fenotípicas iniciaram-se aos quatro meses após o plantio, tomando-se a medida de altura de florescimento, sendo as demais avaliações efetuadas aos 10 meses após o plantio, ou seja, referentes ao primeiro ano de colheita, utilizando-se as plantas hermafroditas. Os dados fenotípicos foram obtidos de 21 plantas do progenitor feminino, cultivar 'Baixinho de Santa Amália' (P_1), 15 plantas do progenitor masculino, cultivar 'Maradol' (P_2), 22 plantas da geração híbrida (F_1), 183 plantas da geração segregante (F_2), 46 plantas da geração de retrocruzamento 1 (RC_1) e 48 plantas da geração de retrocruzamento 2 (RC_2).

Dentre as características morfológicas avaliadas, três são apresentadas: altura de inserção do primeiro fruto (ALF), expressa em cm, medida do nível do solo até a inserção do primeiro fruto; altura de plantas (ALP), medida do nível do solo até a gema apical; e diâmetro do caule das plantas (DIC), medido a 5 cm do nível do solo.

Os dados possibilitaram estimar as variâncias fenotípica, genotípica, ambiental, aditiva e de dominância, a herdabilidade, no sentido restrito, o grau médio de dominância e o número de genes (CRUZ e REGAZZI, 1997).

As análises de gerações foram efetuadas utilizando-se o software Genes, versão Windows 2001.0.0 (CRUZ, 2001).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados expressos na Tabela 1 mostram que a altura de florescimento (ALF) apresentou maior componente de variância aditiva, indicando maior concentração de alelos favoráveis para essa característica, possibilitando ganhos na seleção. Altura de florescimento, altura de planta (ALP) e diâmetro do caule (DIC) apresentaram herdabilidades no sentido restrito, ou seja, estimativas das variações totais na população F_2 , atribuídas às causas genéticas de natureza aditiva, de 61,93%, 41,97% e 32,10%, respectivamente. A estimativa de alta herdabilidade no sentido restrito para a característica altura de florescimento sugere a viabilidade do emprego de métodos simples de seleção em populações segregantes, com grandes possibilidades de ganhos satisfatórios.

As características ALP e DIC, por terem apresentado estimativas de herdabilidade no sentido restrito de menor magnitude, ou seja, de 41,97% e 32,10%, respectivamente, sugerem a necessidade de métodos de melhoramento mais trabalhosos para se obterem ganhos mais expressivos. Outra alternativa viável, nesse caso, poderia ser a seleção indireta, por meio da correlação genética, em que a seleção seria efetuada utilizando-se características de alta herdabilidade, correlacionadas positivamente com as de baixa herdabilidade.

As estimativas do número mínimo de genes ou blocos gênicos que controlam cada característica mostraram que os maiores valores de herdabilidade no sentido restrito foram também daquelas controladas por menores números de genes ou blocos gênicos. A característica ALF, com o maior valor de estimativas de herdabilidade no sentido restrito, apresentou controle genético exercido por 4,61 genes ou blocos gênicos. ALP e DIC, com menores valores de estimativas de herdabilidade no sentido restrito, apresentaram controle genético exercido por 14,16; e 16,18 genes ou blocos gênicos, respectivamente.

Em relação ao grau médio de dominância das três características, verifica-se que ALF apresentou dominância parcial, enquanto ALP e DIC apresentaram sobredominância.

TABELA 1 – Estimativas das variâncias fenotípica, genotípica, aditiva, de dominância, ambiental e da herdabilidade no sentido amplo e restrito de três características avaliadas em gerações de mamoeiros provenientes do cruzamento dos genótipos 'Baixinho de Santa' x 'Maradol' ^{1/}

Parâmetro Genético	ALF	ALP	DIC
Variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$)	252,3882	2204,7427	2,4545
Variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$)	216,4831	1741,9202	1,3616
Variância aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$)	156,3112	925,3978	0,7880
Variância de dominância ($\hat{\sigma}_d^2$)	60,1719	816,5224	0,5736
Variância de ambiente ($\hat{\sigma}_m^2$)	35,9050	462,8224	1,0928
Herdabilidade no sentido amplo (h_a^2)	85,7738	79,0078	55,4751
Herdabilidade no sentido restrito (h_r^2)	61,9328	41,9730	32,1051
Grau médio de dominância ^{2/}	0,8774	1,3284	1,2065
Número de genes ^{2/}	4,6189	14,1684	16,1812

^{1/} Avaliações efetuadas aos 10 meses após o plantio no campo;

^{2/} Cálculo baseado em variâncias;

ALF = altura de inserção da primeira flor (cm); ALP = altura de plantas (cm); DIC = diâmetro do caule das plantas.

CONCLUSÃO

Este trabalho mostra a importância do conhecimento da herança das características de maior interesse agrônomo na cultura do mamoeiro. Esse conhecimento possibilita a escolha de estratégias mais eficientes para a condução de programas de melhoramento. Evidencia também que a metodologia de análise de gerações pode propiciar o conhecimento dos principais parâmetros genéticos desta cultura.

REFERÊNCIAS

CATTANEO, L.F.; DAHER, R.F.; MARIN, S.L.D.; PEREIRA, M.G. Avaliação de divergência genética em mamoeiro (*Carica papaya* L.) utilizando marcadores RAPD. **Anais do Congresso Nacional de Genética**, 45, Gramado: SBG, 1999. p. 524.

CRUZ, C.D. **Programa GENES: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, MG: UFV, 2001. 648p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa : UFV, 1997, 390p.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. SILVA, M. A. e SILVA, J.C., Viçosa, MG: UFV, Impr. Univ., 1981. 279p.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. dos ZIMMERMANN, M.J. de O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271p.