

## ESTUDO DA HERANÇA DE ALGUMAS CARACTERÍSTICAS DO MAMOEIRO

Laercio Francisco Cattaneo<sup>1</sup>, Messias Gonzaga Pereira<sup>2</sup>, José Tarcísio Lima Thiebaut<sup>3</sup>, Sérgio Lúcio David Marin<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural - Incaper/CRDR, Cx. Postal 62, CEP 29900-970, Linhares – ES, lfcattaneo@ig.com.br; <sup>2</sup>Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal – LMGV, Av. Alberto Lamego, 2000, CEP 28013-602, Campos dos Goytacazes – RJ; <sup>3</sup>Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias – CCTA/UENF; <sup>4</sup>Hera Sementes - Linhares - ES

### INTRODUÇÃO

Apesar da importância econômica e social da cultura do mamoeiro e, especialmente, do potencial de crescimento como cultura de exportação, a falta de alternativas para a escolha de cultivares e/ou híbridos com características agrônomicas e comerciais desejáveis, que atendam as demandas dos mercados interno e externo, tem sido um dos principais problemas dos produtores de mamão do país.

O desenvolvimento de um programa de melhoramento genético, com ações de curto, médio e longo prazos, deve basear-se no conhecimento da natureza e da magnitude dos efeitos gênicos que controlam um determinado caráter, permitindo maior eficiência na seleção e na predição do comportamento de gerações segregantes e híbridas (BORÉM, 1997; CRUZ; 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; 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. 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, podendo ser um indicativo de maior facilidade na identificação de genótipos superiores com maior concentração de alelos favoráveis, enquanto, que a variância atribuída à dominância é indicativo de dificuldade no processo de seleção, mas é importante quando se deseja explorar o vigor em combinações híbridas (FALCONER, 1981; CRUZ; REGAZZI, 1997).

### MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados nos cruzamentos, genótipos obtidos em populações potencialmente endogâmicas das cultivares de mamão 'Baixinho de Santa Amália', do grupo 'Solo', e da cultivar 'Maradol', do grupo 'Formosa'. Na escolha desses genótipos, além das características agrônomicas, e dos contrastes fenotípicos entre elas, levou-se em consideração também, 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 3,60m entre linhas e 1,40m entre plantas no delineamento de blocos casualizados, com 4 repetições.

As avaliações fenotípicas iniciaram-se aos 4 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, referente 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: número de frutos por planta (NUF), peso de frutos em gramas (PEF) e produção de frutos por planta (PRF)

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

TABELA 1 – Estimativas das variâncias fenotípica, genotípica, aditiva, de dominância, ambiental e da herdabilidade no sentido restrito de algumas características avaliadas em gerações de mamoeiros provenientes do Cruzamento dos genótipos 'Baixinho de Santa ' x 'Maradol'<sup>1/</sup>

Parâmetro genético	número de frutos por planta	Peso de frutos (g)	Produção de frutos por planta (kg).
Variância fenotípica ( $\hat{\sigma}_f^2$ )	183,7102	0,1704	292,8521
Variância genotípica ( $\hat{\sigma}_g^2$ )	90,9205	0,1147	121,6475
Variância aditiva ( $\hat{\sigma}_a^2$ )	110,9977	0,1433	127,9439
Variância de dominância ( $\hat{\sigma}_d^2$ )	-20,0771	-0,0286	-6,2964
Variância de ambiente ( $\hat{\sigma}_m^2$ )	92,7896	0,0556	171,2046
Herdabilidade no sentido restrito ( $h_r^2$ )	60,4200	84,1010	43,6889
Grau médio de dominância <sup>2/</sup>	0,0562	-0,1787	-2,9052
Número de genes <sup>2/</sup>	8,3289	3,1353	9,9623

<sup>1/</sup> Avaliações efetuadas aos 10 meses após o plantio no campo; <sup>2/</sup> Cálculo baseado em variâncias.

Os resultados expressos na Tabela 1 evidenciam que, em relação aos caracteres número de frutos por planta e peso de frutos, a herdabilidade no sentido restrito, ou seja, as estimativas das variações totais na população  $F_2$  atribuídas às causas genéticas de natureza aditiva, foram de 60,42% e 84,10%, respectivamente. As estimativas de alta herdabilidade no sentido restrito, para esses caracteres, apontam para a viabilidade do

emprego de métodos simples de seleção na população segregante  $F_2$ , com grandes possibilidades de ganhos satisfatórios.

O caractere produtividade de frutos por planta apresenta estimativa de herdabilidade no sentido restrito de menor magnitude, ou seja, 43,68%. O resultados de herdabilidade no sentido restrito desse caractere sugere a necessidade de métodos de melhoramento mais trabalhosos para se obter ganhos satisfatórios. Outra alternativa viável, nesse caso, poderia ser a seleção indireta, utilizando-se a correlação genética. A seleção seria efetuada, utilizando-se caracteres de alta herdabilidade, correlacionados positivamente com caracteres de baixa herdabilidade.

As estimativas do número mínimo de genes ou blocos gênicos que controlam cada caráter avaliado, calculado com base nas variâncias, mostram que os caracteres que apresentam maiores valores de estimativas de herdabilidade no sentido restrito são, número de frutos por planta (NUF) e peso médio de frutos (PEF), com os maiores valores de estimativas de herdabilidade no sentido restrito, apresentaram controle genético exercido por 8,32 e 3,13 genes ou blocos gênicos, respectivamente. O caractere produtividade de frutos por planta, com menor valor de estimativa de herdabilidade no sentido restrito, apresenta controle genético exercido por 9,96 genes ou blocos gênicos,

## CONCLUSÃO

A metodologia de análise de gerações mostrou-se de grande valia para o estudo dos principais parâmetros genéticos da cultura do mamoeiro. O conhecimento da herança de caracteres de interesse agrônômico da cultura propicia a escolha de estratégias mais adequadas para a condução de programas de melhoramento genético.

## 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. In: CONGRESSO NACIONAL DE GENÉTICA, 45. **Anais...**, 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 genéticos**. Viçosa. UFV, 1997, 390p.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 547p. 1997.

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

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Introdução à genética biométrica**. Trad. DUARTE, F. A. M. et al., Ribeirão Preto, SP: Sociedade Brasileira de Genética, 1984, 242p.

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.