

**RESISTÊNCIA À PINTA-PRETA EM FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS  
DE MAMOEIRO**

**JOSÉ TIAGO BARROSO CHAGAS**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO – UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
FEVEREIRO – 2020**

**RESISTÊNCIA À PINTA-PRETA EM FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS  
DE MAMOEIRO**

**JOSÉ TIAGO BARROSO CHAGAS**

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e  
Tecnologias Agropecuárias da Universidade  
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro  
como parte das exigências para obtenção do  
título de Mestre em Genética e Melhoramento  
de Plantas”

Orientador: Prof. Marcelo Vivas

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
FEVEREIRO - 2020

**FICHA CATALOGRÁFICA**

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

C433

Chagas, José Tiago Barroso.

Resistência à pinta-preta em famílias de meios-irmãos do Mamoeiro. / José Tiago Barroso Chagas. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

46 f. : il.

Bibliografia: 28 - 34.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2020.

Orientador: Marcelo Vivas.

1. Carica papaya. 2. Asperisporium caricae. 3. Resistência genética. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

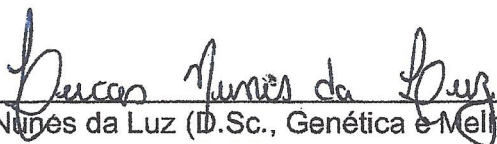
RESISTÊNCIA À PINTA-PRETA EM FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS  
DE MAMOEIRO

**JOSÉ TIAGO BARROSO CHAGAS**

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e  
Tecnologias Agropecuárias da Universidade  
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro  
como parte das exigências para obtenção do  
título de Mestre em Genética e Melhoramento de  
Plantas”

Aprovada em 19 de fevereiro de 2020.

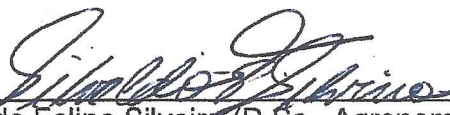
Comissão Examinadora:



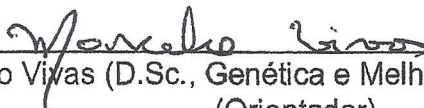
Prof. Lucas Nunes da Luz (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UNILAB



Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF



Prof. Silvano Felipe Silveira (D.Sc., Agronomia-Fitopatologia) - UENF



Prof. Marcelo Vivas (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF  
(Orientador)

*“Dedico a Deus e à minha família,  
pelo apoio e fortaleza nas horas mais difíceis”*

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço a Deus, pelo dom da vida, pela sua misericórdia e por me abençoar até este dia.

Agradeço à minha querida mãe Vanusa, meu querido Pai Nicodemos e toda minha família, pelo suporte e carinho que me proporcionam. De mesmo modo, agradeço à minha querida avó Maria, a meu querido avô Godofredo, às minhas queridas tias Vaneila e Valdirene e a meus queridos tios Márcio e Marcos.

Agradeço ao meu orientador Marcelo Vivas, pelo exemplo de profissional, pelos ensinamentos e por me auxiliar nesta jornada acadêmica.

Agradeço a todos os professores do Setor de Estatística do Laboratório de Engenharia Agrícola da UENF, em especial ao professor Rogério Daher e Geraldo Gravina, pelo apoio.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Agradeço a todos os colegas de laboratório com quem dividi momentos de aprendizagem, descontração e admiração.

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1</b> -Descrição dos cruzamentos feitos para gerar famílias de meios irmãos e das 20 progênes selecionadas. ....	13
<b>Figura 2</b> - Escala diagramática de pinta-preta indicando os níveis 0,2%; 1,6%; 3,5%; 5,4%; 7,6% e 12,8% de superfície lesionada na folha.(Vivas et al., 2010b) .....	16
<b>Figura 3</b> - Dispersão do patógeno na área experimental para incidência de pinta-preta em porcentagem na primeira (a) e última (b) avaliação.....	19
<b>Figura-4</b> - Níveis de pinta-preta nas famílias de meios-irmãos de <i>Carica papaya</i> provenientes de cruzamento de dioicos resistentes com elites para incidência média (IPPMed), severidade média (SPPMed) e área abaixo da curva de progresso da doença pinta-preta (AACPD). ....	23
<b>Figura 5</b> - Níveis de pinta-preta nas plantas dentro de família em progênes de meio-irmão de <i>Carica papaya</i> provenientes de cruzamento de dioicos resistentes com elites para incidência média (IPPMed), severidade média (SPPMed) e área abaixo da curva de progresso da doença pinta-preta (AACPD). ....	25

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 01.</b> Descrição da genealogia de famílias de meios-irmãos de mamoeiro provenientes de cruzamento de dioicos resistentes com elites classificadas por níveis de resistência, denominação e origem.....	14
<b>Tabela 02.</b> Resultado da análise de famílias de meios-irmãos de mamoeiro, provenientes de cruzamento de dioicos resistentes com elites, variância com testemunhas à pinta-preta para severidade média (SPPMed), incidência média (IPPMed) e área abaixo da curva de progresso da doença pinta-preta (AACPD).....	20
<b>Tabela 03.</b> Resultado do teste de Dunnet de médias de 20 progênes oriundas de famílias de meios-irmãos de mamoeiro provenientes de cruzamento de dioicos resistentes com elites para severidade média (SPPMed), incidência média (IPPMed) e área abaixo da curva de progresso da doença pinta-preta (AACPD).....	21



## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	vii
<b>ABSTRACT</b> .....	ix
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2. OBJETIVOS</b> .....	5
2.1.Geral.....	5
2.2.Específicos.....	5
<b>3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b> .....	6
3.1.Aspectos gerais da cultura do mamoeiro.....	6
3.2.Doenças foliares na cultura do mamoeiro, com ênfase na pinta-preta....	7
3.3.Métodos de controle da pinta-preta do mamoeiro.....	9
3.4.Melhoramento genético do mamoeiro para resistência a pinta-preta.....	10
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	12
4.1.Descrição do material vegetal utilizado.....	12
4.2.Avaliação de doença.....	15
4.3.Análise estatística.....	17
<b>5. RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	18
<b>6. CONCLUSÕES</b> .....	27
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	28

## RESUMO

CHAGAS, José Tiago Barroso; MSc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Fevereiro, 2020; Resistência à pinta-preta em famílias de meios-irmãos de mamoeiro. Orientador: Marcelo Vivas; Conselheiros: Messias Gonzaga Pereira e Silvaldo Felipe da Silveira.

A pinta-preta é uma das principais doenças fúngicas que atingem a cultura do mamoeiro, responsável por perda na produtividade, comercialização e aumento dos custos de produção. Há necessidade de buscar medidas de controle mais sustentáveis, tais como o cultivo de cultivares resistentes. O uso de famílias de meios-irmãos na cultura do mamoeiro proporciona o cruzamento de genitores oriundos de dois pools gênicos diferentes, aliando características dos genitores dioicos resistentes às doenças e dos genitores elite para características agronômicas do fruto. Neste sentido, o objetivo do presente trabalho foi prospectar genótipos de mamoeiro mais resistentes à pinta-preta, provenientes de famílias de meios-irmãos. Cinco genitores com atributos superiores para resistência à pinta-preta foram polinizados (M1, M2, M3, M4 e M5) com uma mistura de pólen de cinco genitores elite ('UC SS72-12', 'UC JS-12', 'UC Sekati', 'UC 36/7' e 'UC 41/7'), que se destacaram para características agronômicas, gerando-se cinco famílias de meios-irmãos. As famílias de meios-irmãos foram avaliadas para resistência à pinta-preta em casa de vegetação, com telado permeável à chuva sob sombrite de 50%, em vasos de 10 litros, comparadas com duas testemunhas 'Golden' (suscetível) e 'Maradol' (resistente) durante 75

dias, em intervalo de 15 dias, totalizando 5 avaliações no tempo, sendo obtidos os valores das variáveis Incidência Média de Pinta-Preta (IPPMed), Severidade Média de Pinta-Preta (SPPMed) e Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença Pinta-Preta (AACPD). As famílias apresentaram variabilidade genética para todas as características de resistência à pinta-preta avaliadas, com desempenho similar às testemunhas de controle positivo 'Golden', quanto à IPPMed e ao controle negativo 'Maradol SPPMed e AACPD. As progênies indicadas para resistência à pinta-preta são M1/P3', 'M3/P3', 'M4/P1', 'M5/P1', 'M5/P2' e 'M5/P4', por apresentarem menores valores de severidade média, incidência média de pinta-preta e área abaixo da curva de progresso da pinta-preta.

**Palavras-chave:** *Carica papaya*, *Asperisporium caricae*, Resistência genética.

## ABSTRACT

CHAGAS, José Tiago Barroso; MSc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darçy Ribeiro; February, 2020; Resistance to black spot in papaya half-sib families. Advisor: Marcelo Vivas; Counselors: Messias Gonzaga Pereira and Silvaldo Felipe da Silveira.

Black spot is one of the main fungal diseases affecting the papaya crop. Causing losses in yield and sales and increasing production costs. It is necessary to seek more sustainable control measures, such as cultivation of resistant cultivars. The use of half-sib families in the papaya crop provides the crossing of parents of two different genetic sets. In this sense, the objective of present study was to search for papaya genotypes that are more resistant to black spot in from half-sib families. Five parents with superior attributes related to resistance to black spot (M1, M2, M3, M4 e M5) were pollinated with a pollen mixture from five parents considered “elite” for agronomic traits(‘UC SS72-12’, ‘UC JS-12’, ‘UC Sekati’, ‘UC 36/7’ e ‘UC 41/7’), thus generating five half-sib families. The half-sib families were evaluated for resistance to black spot in a greenhouse, with rain permeable screen under of 50% shade, in 10-liter pot with two controls (‘Golden’ and ‘Maradol’), for 75 days with an interval of 15 days totaling five evaluations over time. Obtaining the values of the traits Mean Incidence (MIBS) of black spot, Mean severity (MSBS) of black spot and area under the disease progress curve (AUDPC). The families exhibited genetic variability for all traits associated with disease resistance, similiar performance even the ‘Golden’ to IPPMed and ‘Maradol’ controls to SPPMed and

AACPD. The recommended progenies for resistance to black spot are 'M-1.4', 'M-1.5', 'M-3.1', 'M-3.3', 'M-2.5' and 'M-4.5', as they showed lower values of mean severity and incidence of black spot and area under the disease progress curve...

**Key words:** *Carica papaya*, *Asperisporium caricae*, genetic resistance.

## 1. INTRODUÇÃO

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) é amplamente cultivado nos trópicos em razão das características nutricionais do seu fruto e da elevada produção em comparação com outras fruteiras, tendo sua produção mundial estimada em 13.016.281 de toneladas em 2017, segundo o setor estatístico da Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura - FAO. No ranking dos 5 países maiores produtores da cultura, estão a Índia, com 5.940.000 toneladas, Brasil, com 1.057.101 toneladas, México, com 961.768 toneladas, Indonésia, com 875.112 toneladas e República Dominicana, com 869.306 toneladas (Organization of United Nations for Food and Agriculture FAO, 2017). No Brasil, a região Nordeste é a maior produtora de mamão, com 629.669 toneladas, seguida pela região Sudeste, com 368.412 toneladas. Os estados brasileiros com maior volume de produção foram a Bahia (368.875 t), Espírito Santo (311.150 t), Ceará (115.525 t) e Rio Grande do Norte (86.342 t) (IBGE, 2017).

Os grandes entraves à produção de mamão no Brasil são de natureza fitossanitária, com destaque para a alta susceptibilidade das variedades comerciais utilizadas nas lavouras às doenças causadas por vírus e fungos. Entre as doenças foliares, destaca-se a pinta-preta, causada por *Asperisporium caricae* (Speg.) Maubl. É uma doença que onera a rentabilidade da cultura por acometer folhas e frutos de mamoeiro. Esta doença é considerada uma das mais danosas para a cultura e pode tornar inviável a comercialização dos frutos em mercados

mais exigentes como o Americano e a União Europeia, em virtude do rígido controle dos níveis residuais de agrotóxicos. Não por acaso, uma das principais preocupações dos produtores diz respeito ao controle da pinta-preta, que apresenta comportamento policíclico, podendo ocorrer inúmeros ciclos do patógeno durante um ciclo da cultura. O que gera aumento na utilização de fungicidas, limitando a capacidade de comercialização nos mercados, além de diminuir a rentabilidade e a eficiência do princípio ativo. Desse modo, a redução da utilização de agrotóxicos atende aos objetivos para o desenvolvimento sustentável da Organização das Nações Unidas, pois, aumentando a sustentabilidade da cultura, é diminuído o impacto sobre o meio ambiente e sobre a saúde dos consumidores (Ferregueti, 2018).

Entre as doenças foliares que atingem o cultivo do mamoeiro no Brasil, a pinta-preta é uma das principais, por sua disseminação e implicações na fisiologia do hospedeiro. Para seu controle, são feitas pulverizações quinzenais ou semanais de fungicidas. Entretanto, os princípios ativos utilizados não proporcionam controle eficiente da doença e elevam os custos de produção, além do impacto ambiental decorrente da sua utilização (Barreto et al., 2011). Entre as medidas de controle alternativo aos fungicidas, está o uso da resistência genética. Nesse sentido, o controle genético para resistência à pinta-preta permite reduzir os impactos decorrentes da utilização excessiva de agrotóxicos, bem como diminuir os custos de produção da cultura (Santos et al., 2017).

A pinta-preta, causada pelo fungo *Asperisporium caricae* (Speg.) Maubl, é uma doença de elevada importância econômica para o cultivo de mamoeiro (*Carica papaya* L.) no mundo. A doença ocorre nos trópicos e subtropicais, incidindo tanto em folhas, quanto em frutos, reduzindo a área fotossintética da planta e depreciando o valor de comercialização do mamão (Dianese et al., 2008). Os sintomas iniciais são caracterizados por pequenas lesões cloróticas na parte adaxial da folha e esporulação de conídios na parte abaxial. As lesões nos frutos são pequenas pontuações pretas e podem se desenvolver até atingir 5 mm de diâmetro (Adikaram e Wijepala, 1995). Em infecções severas, causa desfolhamento e infecção do tecido do fruto, sendo porta de entrada para patógenos oportunistas (Vawdrey et al., 2008).

Os materiais mais cultivados comercialmente hoje no Brasil apresentam baixos níveis de resistência à *A. caricae*, por conta do cultivo de poucas

variedades comerciais, sobretudo Sunrise solo e Tainung nº1 (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária EMBRAPA, 2019). Isto acarreta ambiente favorável à colonização e dispersão do patógeno, visto cultivos sucessivos de ano após ano das mesmas variedades acarretarem epidemias severas. Fazem-se necessários pesquisa e desenvolvimento de novas variedades, tão produtivas quanto as atuais e mais resistentes às doenças, para uma maior rentabilidade da cultura, diminuindo a aplicação de agrotóxicos e aumentando sustentabilidade da cultura.

Neste sentido, o melhoramento genético da cultura é de fundamental importância para manutenção dos cultivos. Os programas de melhoramento do mamoeiro visam a incrementar as características agrônômicas do material genético disponível, tais como números de frutos, teor de sólidos solúveis e firmeza de polpa e de fruto. Deste modo, a seleção nos programas atua no sentido de direcionar os melhores genótipos e o lançamento de novas variedades com desempenho superior a seus genitores. Contudo, os programas também devem incluir em seus objetivos a resistência às doenças, para lançamentos de variedades produtivas e resistentes. Este é um desafio para responder ao comércio e às interações entre genótipos e patógeno (Santos et al., 2017).

Pesquisas foram desenvolvidas pelo programa de melhoramento UENF/CALIMAN na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF visando a estudar as características de resistência à pinta-preta no mamoeiro, tais como avaliação de germoplasma da UENF-CALIMAN, análise dialélica de oito genótipos de mamoeiro oriundos de diferentes grupos heteróticos (Solo X Formosa), avaliação de top-crosses para composição de híbridos resistentes à pinta-preta em folha e fruto, seleção de genótipos resistentes à pinta-preta oriundos de retrocruzamentos e híbridos, reação de progênies à pinta-preta e seleção de progênies resistentes à pinta-preta (Vivas et al., 2010a, 2012a, 2013b, 2015; Poltronieri et al., 2017; Silva et al., 2017).

Apesar dos trabalhos desenvolvidos com esse patossistema, quer seja pela avaliação de fontes de resistência (Santos e Barreto, 2003; Dianese et al., 2007; Vivas et al., 2012a, 2013b, 2015) quer seja pela avaliação de genótipos em combinação nos dialelos (Vivas et al., 2010b, 2012b, 2016; Poltronieri et al., 2017), ainda não há indicação de material genético resistente que apresente características agrônômicas superiores como produtividade, firmeza e teor de



sólidos solúveis. Relata-se ainda que há reduzida diversidade genética nos plantios comerciais do mamoeiro. Neste sentido, o melhoramento genético pode ser utilizado com forma de ampliar a base genética, fornecendo genótipos com características superiores em relação àqueles presentes no mercado.

Dos trabalhos supracitados, Vivas et al. (2012a, 2013b) relataram a ocorrência de genótipos de mamoeiro dioicos, com menores níveis de severidade e incidência da pinta-preta. Embora estes materiais dioicos ampliem a base genética da cultura, eles, por sua natureza dioica, não produzem frutos comerciais, dificultando a obtenção de genótipos com características agronômicas superiores, notadamente para firmeza e teor de sólidos solúveis. Neste sentido, foram utilizadas famílias de meios-irmãos, formadas com genitores femininos resistentes e dioicos, cruzadas com genitores hermafroditas e genitores elite, quanto a características agronômicas de fruto, visando a acessar a resistência e a gerar variabilidade para a seleção de genótipos com características comerciais.

Deste modo, o objetivo do presente trabalho foi selecionar, entre e dentro de famílias de meios-irmãos, as progênies de mamoeiro mais resistentes à pinta-preta.

## **2. OBJETIVOS**

### **2.1. Geral**

Conhecer a variabilidade genética para resistência à pinta-preta em progênies de meios-irmãos de mamoeiro e selecionar genótipos de mamoeiro com resistência genética à pinta-preta.

### **2.2. Específicos**

- Avaliar o desempenho das famílias de meios-irmãos para resistência à pinta-preta em casa de vegetação em contraste com testemunhas suscetíveis e resistentes; e
- Selecionar os genótipos mais resistentes à pinta-preta entre e dentro de famílias de meios-irmãos de mamoeiro.

### 3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

#### 3.1. Aspectos gerais da cultura do mamoeiro

O mamoeiro, *C. papaya* L., é uma espécie diploide ( $2n=2x=18$  cromossomos), que teve seu genoma sequenciado em 2008, sendo reconhecidos 24.746 genes (Ming et al., 2008).

O centro de origem da espécie *C. papaya* é discutido por diversos autores, no entanto, a hipótese mais aceita é a do centro de origem Mesoamericano, região que apresenta número maior de diversidade de populações não domesticadas. Esta hipótese é corroborada por análises filogenéticas de genes de cloroplastos de mamão, comparadas com dados moleculares de 34 espécies da família Caricaceae (Carvalho e Renner, 2012).

Economicamente, o mamão é um fruto de importância considerável entre as frutas tropicais por sua abundância em vitamina A, vitamina C, potássio, ácido fólico, niacina, tiamina, riboflavina, ferro, cálcio e fibras, sendo considerado um fruto rico em vitaminas, aminoácidos e minerais. O látex do mamão é fonte abundante da enzima papaína, que atua catalisando a quebra de proteínas por hidrólise, sendo assim amplamente utilizada na indústria de carnes, cosméticos, bem como explorada na medicina para fabricação de fármacos por meio de seu princípio ativo, auxiliando no tratamento de úlceras e outras doenças (Vasu et al., 2012). Durante o amadurecimento dos frutos, é desencadeada uma série de

reações fisiológicas, bioquímicas e de alterações da estrutura da parede celular em função do período de colheita do fruto e do fato de ser climatérico (Huerta-Ocampo et al., 2012).

O mamoeiro tem arquitetura monopodial, ortotrópica não ramificada, formada por um meristema vegetativo central, inflorescências axilares e crescimento indeterminado. Tem crescimento rápido com curto período juvenil, em torno de três a quatro meses após o plantio para início do desenvolvimento sexual. Logo que inicia a floração, a cultura requer nutrição específica para florescimento e produção de frutos, uma vez que neste estágio fisiológico a planta necessita de água e nutrientes para metabolizar o carbono e gerar seus fotoassimilados (Modi et al., 2018).

O mamoeiro tem três tipos sexuais de flores - femininas, masculinas e hermafroditas que são produzidas na axila do pecíolo foliar, espaço, posteriormente, ocupado pelo fruto. Em populações silvestres, a maioria dos indivíduos são dioicos, enquanto em plantios comerciais, apresentam flores hermafroditas ou femininas. Nas variedades, são utilizadas plantas hermafroditas e nos híbridos, plantas femininas e hermafroditas em cruzamento (Chávez-Pesqueira et al., 2014). O sexo no mamoeiro é controlado por um par de cromossomos, fêmeas (XX), machos (XY) e (XY<sup>H</sup>). O cromossomo Y<sup>H</sup> apresenta menor diversidade de nucleotídeos que o cromossomo Y, atuando, assim, como cromossomos sexuais, possivelmente oriundos de mudanças no processo de domesticação do mamoeiro (Vanburen et al., 2015).

As cultivares de mamão mais plantadas no Brasil são Golden e Sunrise Solo, que pertencem ao grupo heterótico solo. As cultivares Tainung 1° e Calimosa são pertencentes ao grupo heterótico Formosa. Considerando a baixa disponibilidade de variedades comerciais plantadas no país, é fundamental elevar a oferta de cultivares, sobretudo para incrementar a produtividade, teor de sólidos solúveis, atributos de fruto e resistência das cultivares às doenças que atingem a cultura (Luz et al., 2015).

### **3.2. Doenças foliares na cultura do mamoeiro, com ênfase na pinta-preta**

No cultivo do mamão, já foram relatadas ocorrências de diversos agentes patogênicos como bactérias, vírus e fungos. Entre as doenças foliares de origem

fúngica que têm destaque em razão da frequência de ocorrência nos cultivos de mamoeiro no Brasil, estão: a pinta-preta, ocasionada por *Asperisporium caricae* (Speg.) Maubl; a mancha-de-phoma, causada pelo fungo *Stagonosporopsis caricae* (Sydow & P. Sydow) Aveskamp, Gruyter & Verkley [syn. *Phoma caricae-papayae* (Tar) Punith.]; e os oídios, causados por diversos patógenos, entre os quais, *Ovulariopsis caricicola* U. Braun (syn. *Streptopodium caricae* Liberato & R.W. Barreto) (Rezende, J.A.M.; Martins, 2016).

O fungo *A. caricae* pertence ao grupo dos cercosporoides, família Mycosphaerellaceae, ordem Capnodiales, classe e sub-classe Dothideomycetes, filo Ascomyta, reino Fungi. A taxonomia de *Asperisporium*, porém, é controversa quanto ao gênero sexual em *Mycosphaerella*, cujo relato nunca foi confirmado *in natura*. Outras espécies de *Asperisporium* são filogeneticamente mais próximas de *Mycosphecella* e *Paramycovellosiella* do que de *Mycosphaerella* (Videira et al., 2017; INDEX FUNGORUM, 2018).

*A. caricae* é um fungo biotrófico de difícil cultivo em laboratório, o que dificulta trabalhos de pesquisa para seu controle. As principais vias de dispersão são o vento e a chuva, que disseminam os conídios produzidos em lesões foliares para os frutos. (Suzuki et al., 2007)

Em função da presença constante da doença no campo, é possível observar que o fungo não tem problemas de sobrevivência, tanto nos tecidos doentes da planta quanto nas folhas infectadas caídas ao chão. A disseminação pelo vento e pela chuva pode incorrer em epidemia da doença nos pomares, sobretudo em condições favoráveis ao desenvolvimento do patógeno, como períodos chuvosos e úmidos prolongados (Suzuki et al., 2007).

As características morfológicas da espécie *A. caricae* são de fungo hifomiceto, que produz conídios em esporodóquios; células conidiogênicas poliblasticas simpodiais, cicatrizes conidiais protuberantes, espessadas e pigmentadas; conídios fusoides, cilíndricos ou obclavados, 0-3 septos transversais pigmentados, paredes verrugosas, hilo espessado e escuro; com estroma subepidérmico com 60x 200 µm de diâmetro e 60-80 µm de altura. Os conídios são piriformes ou oblongos, com dimensões de 10-24 x 8-10 µm, escuros, equinulados e bicelulares (Ellis, 1971).

O patógeno já foi relatado ocasionando doenças em vários países como África do Sul, Argentina, Austrália, Bermudas, Bolívia, Brasil, Chile, China,

Colômbia, Costa Rica, República Dominicana, Equador, El Salvador, Estados Unidos, Etiópia, Filipinas, Guatemala, Guiana, Haiti, Ilhas Virgens, Índia, Indonésia, Jamaica, Japão, Quênia, México, Moçambique, Nicarágua, Panamá, Paraguai, Peru, Porto Rico, Srilanka, Taiwan, Tanzânia, Venezuela e Zimbábue (Crous e Braun, 2003).

### **3.3. Métodos de controle da pinta-preta do mamoeiro**

A falta de práticas agrícolas de controle eficientes acarreta aumento do inóculo de uma safra para outra, levando ao incremento da incidência e à severidade da doença. As atuais estratégias de controle da pinta-preta têm se restringido à pulverização com fungicidas, estando registrados atualmente no MAPA 45 produtos, 12 princípios ativos e 7 grupos químicos (Ministério da Agricultura; Pecuária e Abastecimento, MAPA, 2019)

A pulverização com fungicidas sistêmicos é uma das principais medidas de controle da pinta-preta, sendo utilizada de forma preventiva em pulverizações quinzenais ou semanais a depender da época do ano e do local de cultivo. Esta tática está presente em quase todos os cultivos comerciais, no entanto, é preciso observar o impacto destas medidas na saúde humana, no meio ambiente e na comercialização do fruto (Dianese et al., 2008).

Apesar de ser a principal medida para o controle da pinta-preta, a pulverização com fungicidas não mostra eficiência necessária, em vista de o patógeno adquirir resistência ao fungicida (Pereira et al., 2012).

O aumento no uso de fungicidas na cultura acarreta diversos problemas, sejam de ordem econômica, pela elevação dos custos de insumos e mão de obra, ou por conta dos danos ambientais causados pela sua intensa aplicação. Outros trabalhos avaliaram a suscetibilidade dos genótipos plantados no Brasil à pinta-preta, em telado e em campo, identificando, assim, a necessidade de trabalhos para desenvolver novas variedades de mamoeiro, que apresentem resistência às doenças (Dianese et al., 2007).

Outras medidas de controle têm sido estudadas na cultura do mamoeiro, como a retirada de folhas atacadas e senescentes, além de controle alternativo pela indução de resistência da planta. Esta última medida atua por meio de produtos que induzem uma série de reações bioquímicas e fisiológicas de defesa

da planta contra o patógeno, além do controle biológico, como estratégia, por meio de antagonistas que possam fazer biocontrole (Santos et al., 2017; Vivas et al., 2017).

### **3.4. Melhoramento genético do mamoeiro para resistência a pinta-preta**

*C. papaya* é de origem tropical, sendo amplamente cultivado nos trópicos e subtropicais e se caracteriza por apresentar estreita base genética, com poucas cultivares disponíveis aos produtores. Restrito a dois grupos de cultivares plantados comercialmente no Brasil, acarreta, assim, um processo de elevada susceptibilidade aos patógenos e problemas fitossanitários que a cultura enfrenta (Silva et al., 2016).

Um dos primeiros passos no melhoramento genético visando à resistência às doenças é o estudo da herança da resistência para o patossistema em questão. Por meio da metodologia de Hayman (1954), é possível obter o grau médio de dominância, número de genes ou blocos gênicos envolvidos na manifestação da característica. Esta metodologia foi utilizada por Vivas et al. (2013a) com 51 combinações híbridas envolvendo oito genitores, quatro do grupo Formosa ('Maradol', 'JS12-N', 'JS12-4' e Sekati) e quatro genitores do grupo Solo ('Waimanalo', 'Golden', 'Sunrise Solo 72-12' e 'São Mateus'). Estes autores concluíram que a herança da resistência à pinta-preta provém do efeito principal de dominância completa, com base no seu grau médio de dominância (0,95), havendo pelo menos um gene ou bloco gênico responsável pela resistência à pinta-preta em folha e fruto.

Uma estratégia eficiente para seleção simultânea de características de resistência à pinta-preta é a utilização de índice de seleção. Deste modo, o melhorista consegue selecionar progênies com resistência às doenças sobre diferentes características avaliadas. A partir da utilização de índices de seleção que possam explorar a variabilidade genética existente na população para a resistência à pinta-preta, é possível incrementar o nível de resistência das progênies (Vivas et al., 2012c).

Devido à estreita base genética do mamoeiro, é fundamental incrementar a variabilidade genética da população para buscar a progênie com maior resistência à doença, utilizando um método que preserve a variabilidade. Nesse

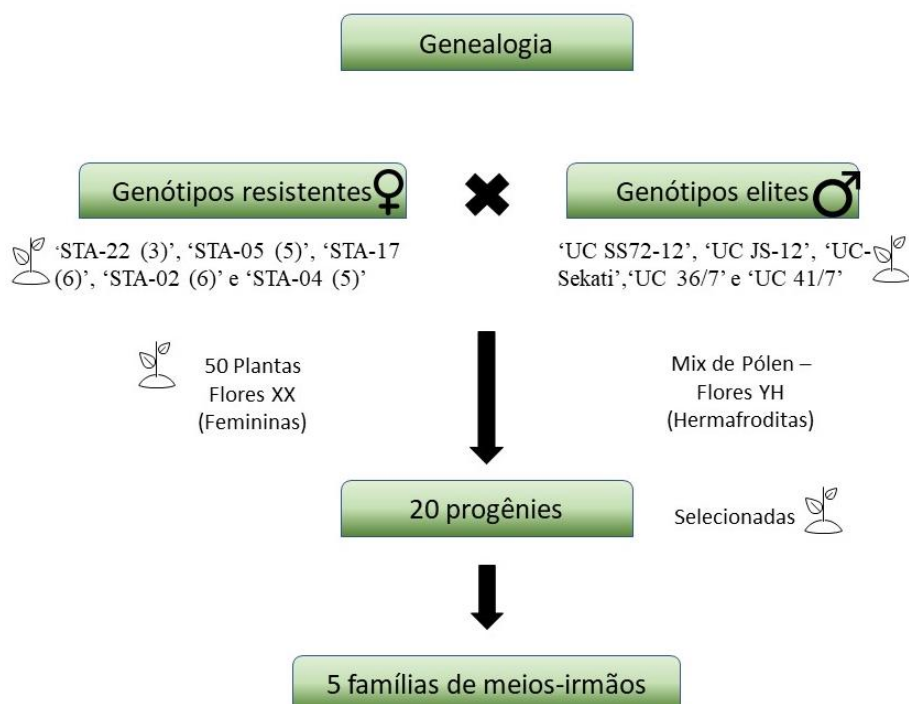
sentido, foram avaliadas 24 progênies de mamoeiro, 23 oriundas do estado do Espírito Santo e uma da Bahia (Vivas et al., 2012, 2013, 2014). Estas progênies foram testadas para resistência à pinta-preta, envolvendo cinco características: folha a iniciar sintomas (FIS), incidência de pinta-preta nas folhas (IPP), severidade de pinta-preta na folha com a primeira flor aberta (SPP), com três escalas diagramáticas diferentes. Os autores concluíram com base no índice de seleção de Mulamba & Mock que as progênies mais promissoras para resistência à pinta-preta foram 'STA-02', 'STA-04', 'STA-08', 'STA-13', 'STA-15', 'STA-16', 'STA-17', 'STA-22' e 'STA-24', as quais apresentaram redução de severidade de pinta-preta nas três escalas (Santos e Barreto, 2003; Santos Filho et al., 2007; Vivas et al., 2011). No entanto, as características FIS e IPP tiveram aumento, indicando que, para FIS, o aumento significa que a população tende a apresentar maior número de folhas sem sintoma. Para IPP, o aumento é indesejável, contudo esta característica tem baixa variação genética e forte efeito ambiental (Vivas et al., 2013b).



## **4. MATERIAL E MÉTODOS**

### **4.1. Descrição do material vegetal utilizado**

A população base de seleção recorrente denominada 'UENF CALIMAN POPULATION – Cycle 0' (UCP-C0) foi obtida pela combinação de cinco progênes dioicas - 'STA-22 (3)', 'STA-05 (5)', 'STA-17 (6)', 'STA-02 (6)' e 'STA-04 (5)' - selecionadas para resistência à pinta-preta (Vivas et al., 2012, 2013, 2014), que foram utilizadas como genitoras femininas, com cinco genitores elite - 'UC SS72-12', 'UC JS-12', 'UC Sekati', 'UC 36/7' e 'UC 41/7' - genitores de híbridos já registrados no Registro Nacional de Cultivares do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento – MAPA, que foram utilizados como genitores masculinos (Pereira et al., 2018).



**Figura 1** - Descrição dos cruzamentos feitos para gerar as famílias de meios-irmãos e das 20 progênies selecionadas.

Para a realização dos cruzamentos, foram utilizadas 50 plantas das cinco progênies dioicas, com três plantas por cova. Após o desbaste das plantas masculinas, restaram 50 plantas com flores femininas. Cada uma dessas plantas recebeu uma mistura de pólen coletado das flores hermafroditas dos cinco genitores elite, gerando, assim, progênies ginoico-andromonoicas pela substituição do cromossomo sexual Y por Y<sup>H</sup> (Ming et al., 2007) (Figura 1).

Foram selecionadas as 20 progênies oriundas das famílias de meios-irmãos que tinham maior quantidade de sementes para o ensaio. Foram incluídas para avaliação da sua resistência à pinta-preta 'M1/P1', 'M1/P2', 'M1/P3', 'M1/P4', 'M2/P1', 'M2/P2', 'M2/P3', 'M2/P4', 'M3/P1', 'M3/P2', 'M3/P3', 'M3/P4', 'M4/P1', 'M4/P2', 'M4/P3', 'M4/P4', 'M5/P1', 'M5/P2', 'M5/P3' e 'M5/P4', com quatro plantas por progênie, representando as cinco famílias para o ensaio experimental, além de duas testemunhas, 'Golden' (controle positivo) e 'Maradol' (controle negativo), totalizando 22 tratamentos (Tabela 1).

**Tabela 01.** Descrição da genealogia de famílias de meios-irmãos de mamoeiro provenientes de cruzamento de dioicos resistentes com elites classificadas por níveis de resistência, denominação e origem.

<b>Trat.</b>	<b>Origem</b>	<b>Pinta-preta</b>	<b>Código</b>	<b>Família</b>	<b>Referência</b>
1	'STA-22 (3)'	Resistente	'M1/P1'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
2	'STA-22 (3)'	Resistente	'M1/P2'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
3	'STA-22 (3)'	Resistente	'M1/P3'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
4	'STA-22 (3)'	Resistente	'M1/P4'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
5	'STA-05 (5)'	Resistente	'M2/P1'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
6	'STA-05 (5)'	Resistente	'M2/P2'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
7	'STA-05 (5)'	Resistente	'M2/P3'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
8	'STA-05 (5)'	Resistente	'M2/P4'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
9	'STA-17 (6)'	Resistente	'M3/P1'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
10	'STA-17 (6)'	Resistente	'M3/P2'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
11	'STA-17 (6)'	Resistente	'M3/P3'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
12	'STA-17 (6)'	Resistente	'M3/P4'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
13	'STA-02 (6)'	Resistente	'M4/P1'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
14	'STA-02 (6)'	Resistente	'M4/P2'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
15	'STA-02 (6)'	Resistente	'M4/P3'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
16	'STA-02 (6)'	Resistente	'M4/P4'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
17	'STA-04 (5)'	Resistente	'M5/P1'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
18	'STA-04 (5)'	Resistente	'M5/P2'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
19	'STA-04 (5)'	Resistente	'M5/P3'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
20	'STA-04 (5)'	Resistente	'M5/P4'	Meio-irmão	(Vivas et al., 2012; 2013)
21	'Maradol'	Resistente	'Maradol'	Linhagem	(Vivas et al., 2012; 2015)
22	'Golden'	Suscetível	'Golden'	Linhagem	(Vivas et al., 2012; 2015)

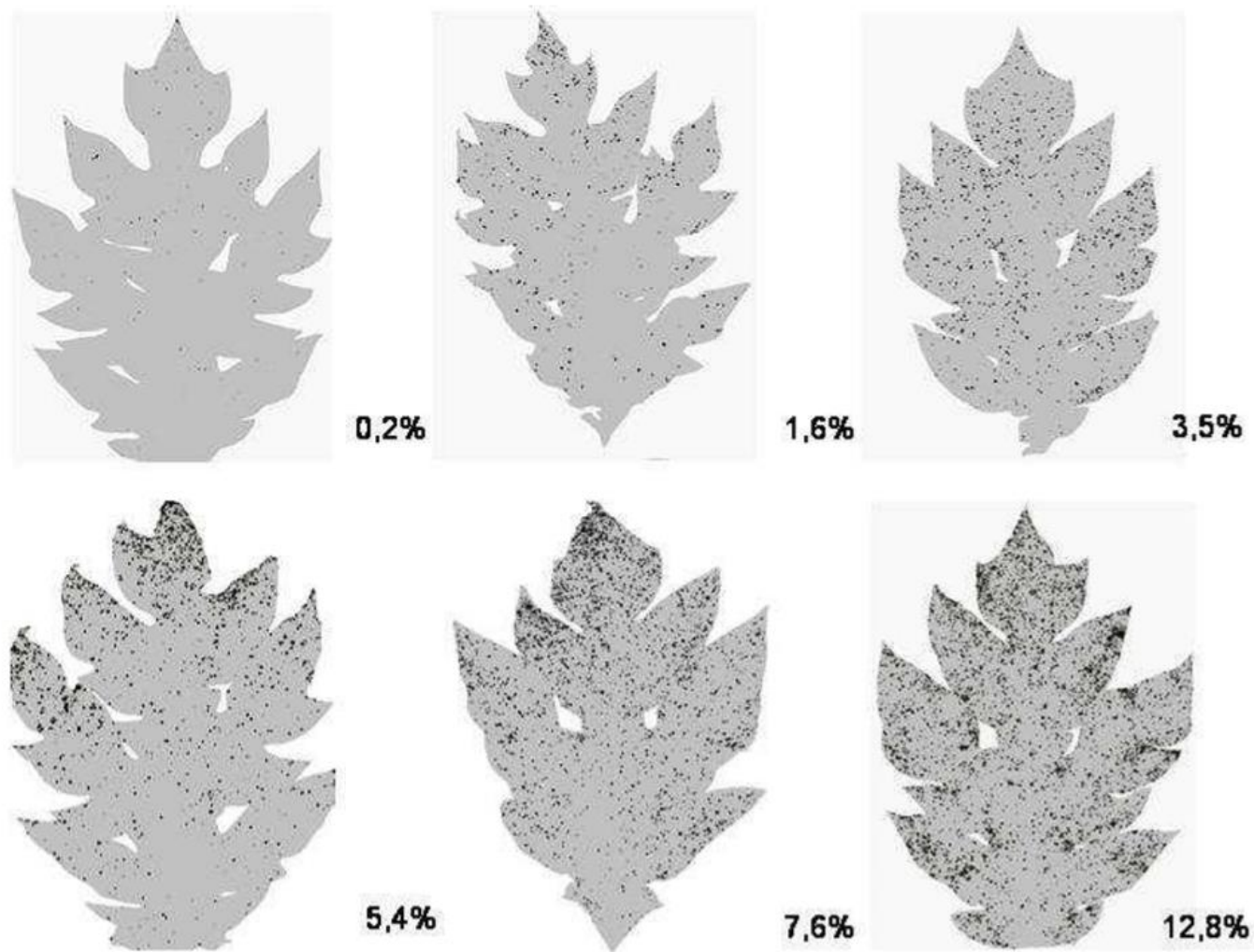
O experimento foi conduzido em telado coberto com sombrite 50%, permeável à chuva, na Universidade Estadual do Norte Fluminense – Darcy Ribeiro, *Campus* Leonel Brizola, sob a latitude 21°45'43" S e longitude 41°17'14" W, situado no município de Campos dos Goytacazes, Estado do Rio de Janeiro, Brasil. As plantas foram semeadas em tubetes de plástico, transplantadas aos 34

dias para vasos de 10 litros. Foi instalado na casa de vegetação um datalogger da marca 'WatchDog' para monitorar umidade e temperatura durante as avaliações de doença.

#### **4.2. Avaliação de doença**

O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados, com quatro repetições, totalizando 88 parcelas. As avaliações foram iniciadas aos 76 dias após o transplante (DAT), sendo as plantas avaliadas durante o período de 75 dias, com cinco avaliações a cada 15 dias. Não houve necessidade de inoculação, vez que a doença já era encontrada em outras plantas próximas à casa de vegetação, que serviram de inóculo para o ensaio. Foram avaliadas as seguintes características: (a) severidade de pinta-preta na 7ª folha completamente expandida contada a partir do ápice, sendo utilizada como marcador morfológico; (b) severidade de pinta-preta na folha marcada (a sétima folha foi marcada e avaliada de forma recorrente); e (c) incidência de pinta-preta nas folhas, calculada pela razão entre o número de folhas com sintomas da doença e o número total de folhas. Já para severidade, adotou-se a escala diagramática utilizada por Vivas et al. (2010b).

Após as avaliações, foram obtidas as médias de incidência (IPPMed) e severidade (SPPMed) das cinco avaliações. Estimou-se, ainda, a área abaixo da curva de progresso de doença (Campbell e Madden, 1990) para severidade da infecção da pinta-preta (AACPS). Foi feita uma análise da distribuição espacial da doença na primeira e na última avaliação de incidência de pinta-preta para verificar presença de gradiente ambiental favorável à doença.



**Figura 2** - Escala diagramática de pinta-preta indicando os níveis 0,2%; 1,6%; 3,5%; 5,4%; 7,6% e 12,8% de superfície lesionada na folha.(Vivas et al., 2010b)

### 4.3. Análise estatística

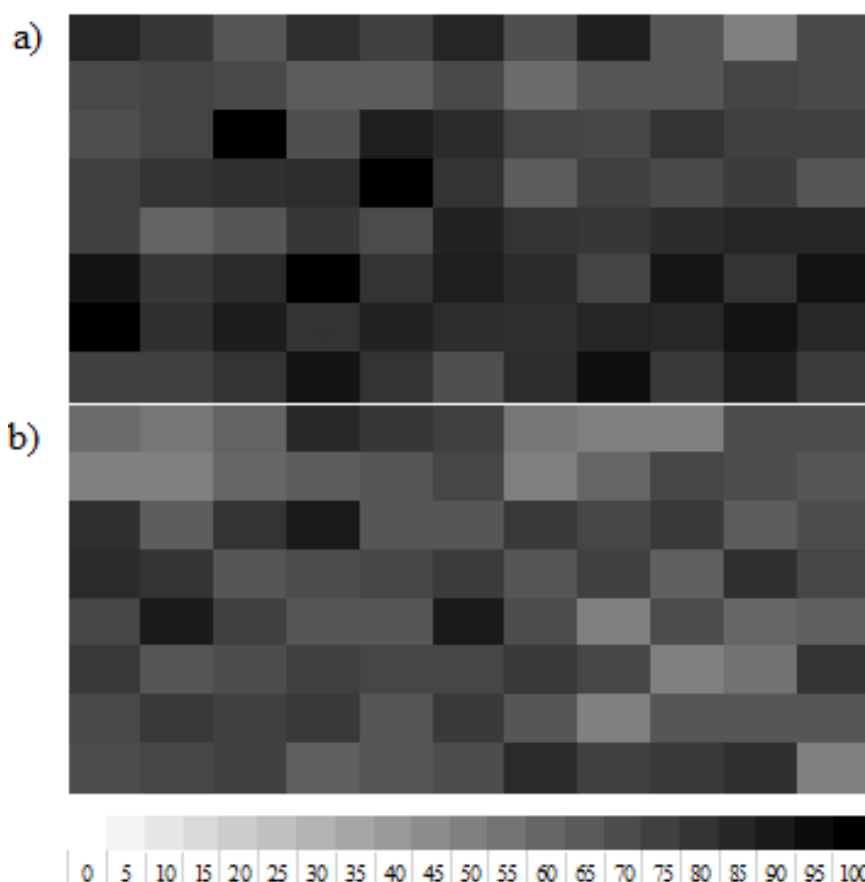
Os dados foram submetidos à análise de variância considerando o modelo estatístico  $Y_{ij} = \mu + B_j + T_i + E_{ij}$ , em que  $\mu$  é a constante geral,  $B_j$  é o efeito do bloco j,  $T_i$  é o efeito do tratamento i e  $E_{ij}$  corresponde ao efeito aleatório do erro associado a cada observação ij. Posteriormente, os efeitos da fonte de variação Tratamento foram desdobrados em Genótipos, Testemunhas e Genótipos *versus* Testemunhas para fazer o contraste entre as médias das testemunhas e dos genótipos, bem como os efeitos da fonte de variação Genótipos, que foram desdobrados em Família e Planta/Família.

Quando constatado efeito significativo da fonte de variação Tratamento, procedeu-se à análise complementar, sendo as médias dos tratamentos comparadas com as das testemunhas pelo teste de Dunnett a 5%, no programa GENES (Cruz, 2013). Visando a um maior entendimento da contribuição de cada planta e/ou progênie para a resistência à pinta-preta, foram construídos gráficos Boxplot das Famílias e das Plantas dentro de cada Família, sendo utilizado para tal o pacote ggplot2 do programa R (Wickham, 2016)

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise de distribuição espacial da incidência do patógeno nos tratamentos, observou-se que a doença ocorreu de forma homogênea do início ao fim das avaliações, não tendo ocorrido, portanto, formação de um gradiente ambiental que favorecesse a doença (Figura 03). Partindo desta premissa, a seleção de genótipos mais resistentes torna-se não viesada, permitindo resultados fidedignos.

Ao comparar a incidência de pinta-preta durante a primeira avaliação (Figura 03, A) com a última avaliação (Figura 03, B), percebe-se que a doença ocorreu em todas as plantas, não sendo possível a identificação de plantas imunes ao patógeno. Por outro lado, foram observados diferentes níveis de resistência, vez que os tons mais claros mostram plantas menos afetadas. As leituras de umidade relativa e temperatura variaram ao longo dos 75 dias de avaliação, tendo a umidade relativa diária média variado de 60% a 85%. Já a temperatura mínima, média e máxima variou de 18°C a 38°C. Em relação à dispersão da doença, acredita-se que as condições ambientais tenham variado em faixas adequadas de temperatura e umidade relativa ao desenvolvimento do patógeno. Suzuki et al. (2007) relatam que níveis de umidade relativa acima de 80% e temperatura média na faixa de 25 °C contribuem para o desenvolvimento da pinta-preta.



**Figura 3** - Dispersão do patógeno na área experimental para incidência de pinta-preta em famílias de meios-irmãos de mamoeiro provenientes de cruzamento de dioicos resistentes com elites para porcentagem na primeira (a) e última (b) avaliação

Como salientado por outros autores, Santos et al. (2019) destacam que a dispersão do patógeno é um dos fatores essenciais no planejamento de estratégias de controle, assim, a ocorrência de uma distribuição homogênea garante maior eficiência nas metodologias de seleção, com resultados mais acurados.

Observou-se efeito significativo da fonte de variação tratamento ( $p < 0,01$ ) bem como da fonte de variação genótipos ( $p < 0,01$ ) para as três variáveis analisadas, ou seja, incidência média (IPPMed), severidade média (SPPMed) e área abaixo da curva para severidade de pinta-preta em folha marcada (AACPS). Não houve diferença significativa a nível de família para as três variáveis analisadas, mas houve significância a 1% a nível de planta/família para todas as variáveis. Isto permite concluir que todas as famílias são resistentes, havendo, dentro de famílias, diferentes níveis de resistência.



**Tabela 02.** Resultado da análise de famílias de meios-irmãos de mamoeiro provenientes de cruzamento de dioicos resistentes com elites, variância com testemunhas à pinta-preta para severidade média (SPPMed), incidência média (IPPMed) e área abaixo da curva de progresso da doença pinta-preta (AACPD).

Fonte de Variação	Grau de Liberdade	Quadrado Médio					
		SPPMed	IPPMed	AACPD			
Blocos	3	0,0469	ns	0,0017	ns	79,44	ns
Tratamentos	21	0,0313	**	0,0026	**	70,07	**
Genótipos	19	0,0237	**	0,0025	**	61,22	**
Família	4	0,0053	ns	0,0006	ns	22,24	ns
Plantas/Família	15	0,0286	**	0,0030	**	71,61	**
Testemunha	1	0,0273	**	0,0021	ns	282,80	**
G vs Testemunha.	1	0,2838	*	0,0053	**	25,46	ns
Resíduo	63	0,0045		0,0005		6,53	
Média Geral		0,32		0,75		13,13	
Média dos Genótipos		0,32		0,75		12,96	
Média das Testemunhas		0,38		0,78		14,83	
Coeficiente de Variação (%)		20,93		3,06		19,46	

\* Significativo ao nível de 5% de probabilidade; \*\* Significativo ao nível de 1% de probabilidade. 'ns' não significativo.

Para a fonte de variação testemunha, observou-se efeito significativo ( $p < 0,01$ ) para SPPMed e AACPS. Por outro lado, para a fonte de variação genótipos *versus* testemunhas, houve diferença significativa para SPPMed ( $p < 0,05$ ) e IPPMed ( $p < 0,01$ ). Tais resultados permitem inferir que os genótipos têm variabilidade para todas as variáveis analisadas, havendo contraste significativo entre os genótipos e as testemunhas para SPPMed e IPPMed, o que sugere a realização de teste de médias para verificar quais genótipos se assemelham com quais testemunhas.

Pela análise de variância, foi possível constatar diferenças entre os tratamentos a nível de plantas dentro de famílias para todas as características avaliadas, o que indica variabilidade genética existente dentro de famílias de meios-irmãos e potencializa ganhos com seleção para resistência à pinta-preta.

Considerando a ocorrência de efeito significativo ( $p < 0,01$ ) para fonte de variação genótipos, julgou-se oportuno desdobrar seu efeito em famílias e plantas dentro de famílias, a fim de verificar sua significância (Tabela 02). Para as variáveis SPPMed, IPPMed e AACPD, não houve significância a nível de família.

No entanto, a fonte de variação planta dentro de família revelou significância a 1% de probabilidade para as três variáveis.

Os coeficientes de variação das variáveis SPPMed (20,93) , IPPMed (3,06) e AACPD (19,46) são considerados razoáveis, vez que SPPMed e AACPD são medidas avaliadas com base em escala diagramática e têm a interferência do erro de acurácia na observação de doença pelo avaliador; já IPPMed tem menor CV por ser uma variável mais objetiva de presença ou ausência.

**Tabela 03.** Resultado do teste de Dunnett de médias de 20 progênies oriundas de famílias de meios-irmãos de mamoeiro provenientes de cruzamento de dioicos resistentes com elites para severidade média (SPPMed), incidência média (IPPMed) e área abaixo da curva de progresso da doença pinta-preta (AACPD)

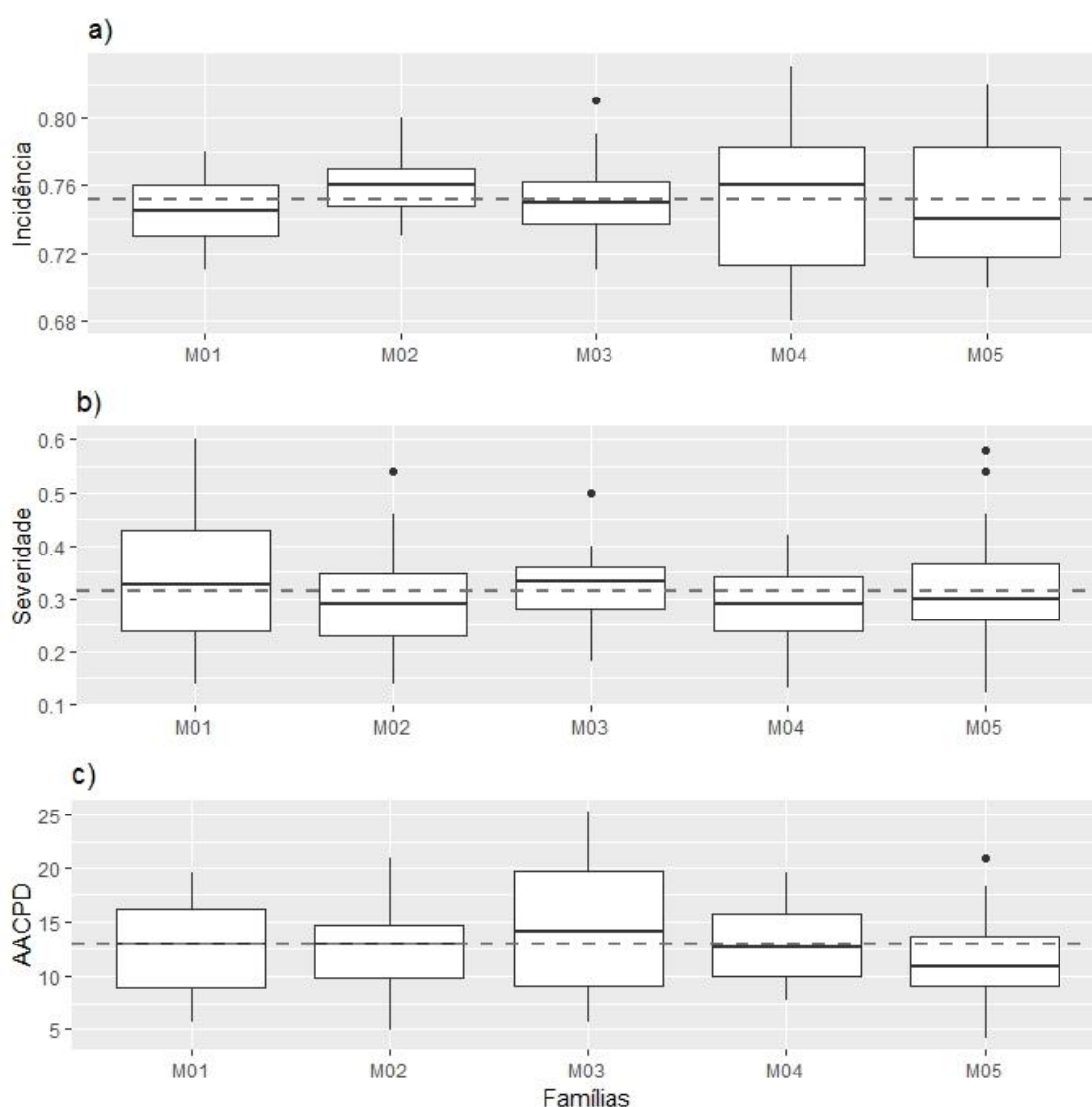
Tratamento	IPPMed		SPPMed		AACPD		
'M1/P1'	0.73		b	0.44	b	14.79	#
'M1/P2'	0.75	a	b	0.42	b	14.79	#
'M1/P3'	0.74		b	0.21	a	11.94	a
'M1/P4'	0.76	a	b	0.27	a	9.22	a
'M2/P1'	0.77	a	b	0.33	a	11.65	a
'M2/P2'	0.77	a	b	0.31	a	10.33	a
'M2/P3'	0.75	a	b	0.26	a	13.16	a
'M2/P4'	0.75	a	b	0.31	a	16.28	b
'M3/P1'	0.73		b	0.39	b	18.42	b
'M3/P2'	0.75	a	b	0.34	a	22.31	b
'M3/P3'	0.74		b	0.29	a	9.66	a
'M3/P4'	0.79	a	b	0.26	a	8.52	a
'M4/P1'	0.72		b	0.29	a	9.43	a
'M4/P2'	0.81	a	b	0.33	a	10.74	a
'M4/P3'	0.74		b	0.20	a	15.17	#
'M4/P4'	0.76	a	b	0.34	a	17.03	b
'M5/P1'	0.73		b	0.28	a	9.92	a
'M5/P2'	0.74		b	0.30	a	11.21	a
'M5/P3'	0.80	a	b	0.51	b	17.27	b
'M5/P4'	0.72		b	0.23	a	7.33	a
Maradol	0.80	a		0.23	a	8.88	a
Golden	0.76		b	0.53	b	20.77	b

\* Médias seguidas de mesma letra não diferem das testemunhas (Maradol, Golden) pelo teste de Dunnett ( $<0.05$ ); '#' não agruparam com Maradol e Golden.

O teste de médias de Dunnet agrupou os genótipos comparando com as testemunhas, sendo considerados os padrões de resistência e susceptibilidade à pinta-preta. Para IPPMed, observou-se que 'Maradol' apresentou média maior que a do genótipo 'Golden'; acredita-se, pois, que a resistência desse genótipo atue para diminuir a área da lesão, mas não a incidência nas folhas. Para essa variável, observa-se que os tratamentos 'M1/P1', 'M1/P3', 'M3/P3', 'M4/P1', 'M4/P3', 'M5/P1', M5/P2'e 'M5/P4' apresentaram médias menores que a testemunha 'Maradol', padrão de resistência (Tabela 03). Para SPPMed, apenas quatro genótipos se agruparam com 'Golden', os demais se agruparam com 'Maradol', sendo considerados genótipos em potencial para seleção visando resistência a esta doença. Destes genótipos, podem-se citar 'M1/P3', 'M3/P3', 'M4/P1', 'M4/P3', 'M5/P1', M5/P2'e 'M5/P4' com menores médias tanto para incidência quanto para severidade. Para AACPD, cinco genótipos se agruparam com 'Golden', os demais se agruparam com 'Maradol' (testemunha com a menor média). Com base nessas variáveis, é possível selecionar genótipos com maiores níveis de resistência do que a testemunha 'Maradol'; alguns se igualaram a ele, tanto para SPPMed quanto para AACPD e se equipararam a 'Golden' para incidência, sendo os genótipos 'M1/P3', 'M3/P3', 'M4/P1', 'M5/P1', 'M5/P2' e 'M5/P4' os de menores magnitudes de incidência, severidade e área abaixo da curva de progresso da severidade de pinta-preta (Tabela 03).

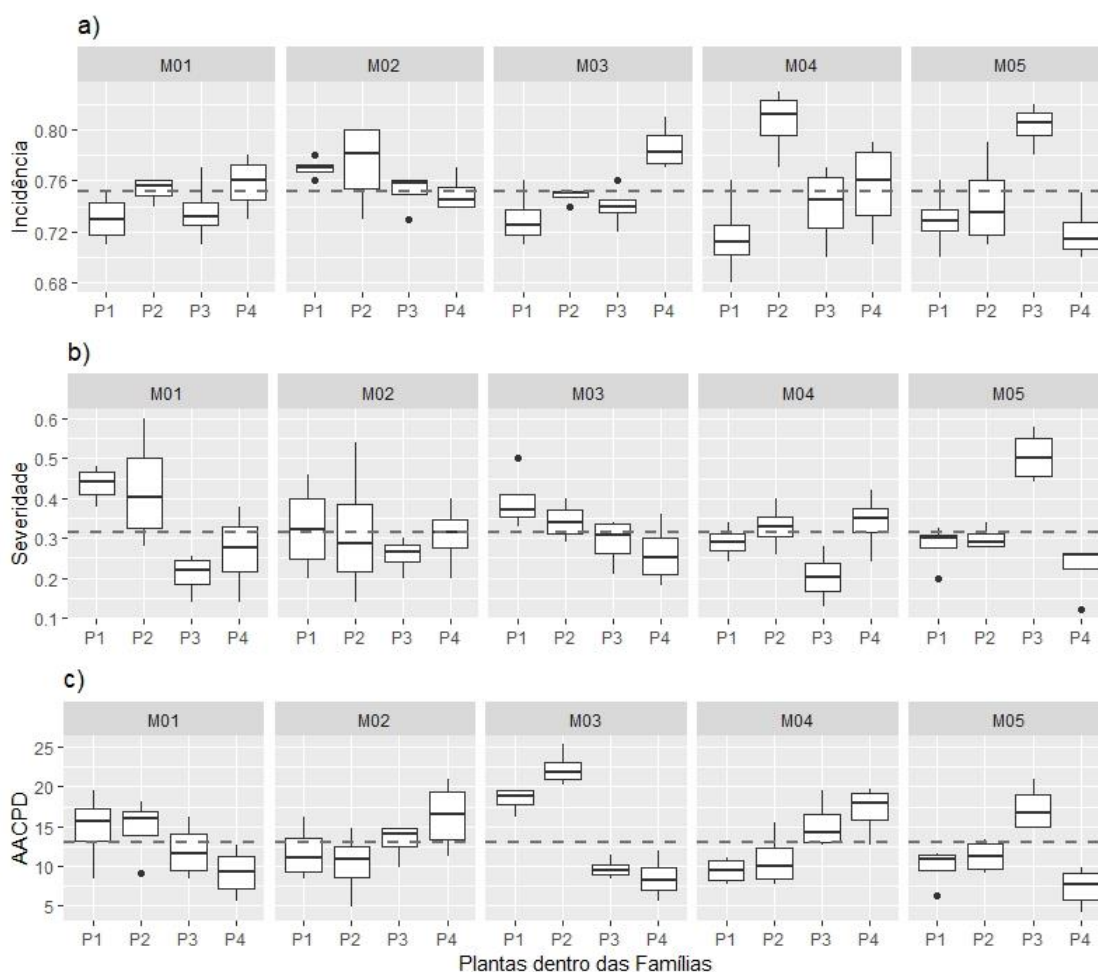
Moraes et al. (2019), ao avaliarem genótipos de mamão em relação à sua resistência à pinta-preta, encontraram variabilidade nos genótipos em relação à incidência e severidade de pinta-preta nas folhas, além de diferença significativa para os genótipos 'Golden' e 'Maradol'. Os resultados obtidos no presente estudo indicam que as progênies avaliadas têm níveis satisfatórios de resistência à pinta-preta, equiparando-se à variedade 'Maradol', considerada padrão de resistência (Vivas et al. 2012). Neste aspecto, vale ressaltar que o conceito de resistência aqui utilizado consiste na capacidade do genótipo em atrasar o surgimento de lesões e o progresso da doença. Tal fato indica que a superioridade dessas progênies apontada por Vivas et al. (2012) foram mantidas na geração seguinte, bem como na população base de seleção recorrente. Vivas et al. (2012) observaram que genótipos oriundos de populações naturais não diferiram da variedade 'Maradol' para severidade de pinta-preta na folha, tendo sido avaliados por três escalas diagramáticas diferentes.

Quanto aos modelos estatísticos e genéticos, foi possível observar significância para a fonte de variação planta dentro de família para todas as variáveis, atestando a variabilidade genética entre os genótipos utilizados. Moreira et al. (2017) propõem a abertura de famílias de meios-irmãos de *C. papaya* para potencializar a seleção entre e dentro de famílias em razão dos altos coeficientes de herdabilidade. Neste sentido, a herdabilidade para variáveis relacionadas a doenças proporciona ganhos econômicos e ecológicos. Para investigar essas significâncias dentro de família, utilizou-se a análise descritiva.



**Figura 4-** Níveis de pinta-preta nas famílias de meios-irmãos de Carica papaya provenientes de cruzamento de dioicos resistentes com elites para incidência média (IppMed), severidade média (SppMed) e área abaixo da curva de progresso da doença pinta-preta (AACPD).

As variações dentro de famílias foram representadas na figura de 'Boxplot' (Figura 04). Para a variável IPPMed, é possível identificar que a mediana obtida para as famílias 'M1', 'M3' e 'M5' se encontra abaixo da média geral de incidência de pinta-preta da população (0.75), o que significa bom desempenho e menor incidência de folhas acometidas pela doença. Para SPPMed, a mediana das famílias 'M2', 'M4' e 'M5' ficou abaixo da média geral de severidade de pinta-preta da população (0.31), mostrando menores níveis de intensidade da doença. E para AACPD, a maioria das famílias, com exceção da família 'M03', apresentou estimativas da mediana posicionadas próximo da média geral da área abaixo da curva de pinta-preta da população, evidenciando as famílias com menores curvas de progresso da doença durante o intervalo de tempo avaliado. Além da posição das medianas, é importante destacar a variação interquartil dentro das 5 famílias para as características avaliadas, sendo que esta variação confirma o teste ANOVA e mostra variação para todas as características. Para a característica IPPMed, houve duas famílias ('M4' e 'M5') com variação interquartil de (0,04). Para SPPMed, houve quatro famílias ('M1', 'M2', 'M4' e 'M5') com variação interquartil de (0,05). Para AACPD, houve 4 famílias ('M1', 'M2', 'M3' e 'M4') com variação de (5,0).



**Figura 5** - Níveis de pinta-preta nas plantas dentro de família em progênies de meios-irmãos de *Carica papaya* provenientes de cruzamento de dioicos resistentes com elites para incidência média (IPPMed), severidade média (SPPMed) e área abaixo da curva de progresso da doença pinta-preta (AACPD).

Para IPPMed, 11 plantas apresentaram incidência de pinta-preta menor do que a média geral da população ('M1/P1', 'M1/P2', 'M2/P4', 'M3/P1', 'M3/P2', 'M3/P3', 'M4/P1', 'M4/P3', 'M5/P1', 'M5/P2' e 'M5/P4'). Para SPPMed, 11 plantas apresentaram severidade de pinta-preta menor do que a média geral da população, e as plantas 'M1/P3', 'M1/P4', 'M2/P2', 'M2/P3', 'M3/P3', 'M3/P4', 'M4/P1', 'M4/P3', 'M5/P1', 'M5/P2' e 'M5/P4' se destacaram tanto para incidência para severidade (Figura 05, A e B). Para AACPD, 11 plantas apresentaram área abaixo da curva de progresso de pinta-preta menor do que a média geral da população ('M1/P3', 'M1/P4', 'M2/P1', 'M2/P2', 'M3/P3', 'M3/P4', 'M4/P1', 'M4/P2', 'M5/P1', 'M5/P2' e 'M5/P4'). As medidas de dispersão das famílias foram verificadas pela variação interquartil para as características avaliadas. Deste

modo, a característica IPPMed apresentou variação interquartil de 0,02 para três famílias ('M2', 'M4' e 'M5') em 4 genótipos ('M2/P2', 'M4/P1', 'M4/P2' e 'M5/P3'). Para a característica SPPMed, houve variação interquartil de 0,05 em três famílias ('M1', 'M2' e 'M5') em 4 genótipos ('M1/P2', 'M2/P1', 'M2/P2' e 'M5/P3'). Para AACPD, houve variação interquartil de 5,0 em apenas uma das famílias ('M2') em um genótipo ('M2/P4'). Assim, as famílias que apresentaram maior variação foram 'M2' e 'M5' para todas as características avaliadas.

Quanto à variabilidade encontrada entre e dentro de famílias nas Figuras 04 e 05, ela decorre da diferença de pools gênicos encontrada na origem dos genitores (Vivas et al, 2015).

Cabe ressaltar que as progênies avaliadas no presente estudo receberam alelos provenientes de dois pools gênicos diferentes, tendo os genitores dioicos doado 50% de genes para resistência à doença e os genitores elite doado 50% de genes para atributos agronômicos. Neste sentido, acredita-se que progênies selecionadas como resistentes possivelmente tenham apresentado alelos favoráveis para seleção de materiais genéticos com valores elevados de teor de sólidos solúveis, firmeza dos frutos e produtividade. Ribeiro et al. (2016), avaliando a intensidade de helmintosporiose em população de milho-pipoca durante seis ciclos de seleção recorrente, observaram que os níveis de resistência e variabilidade genética para essa variável se mantiveram ao longo dos ciclos de seleção recorrente, uma vez que, na seleção praticada, não foi utilizada essa variável para selecionar os genótipos superiores.

## 6. CONCLUSÕES

As progênies indicadas para resistência à pinta-preta foram 'M1/P3', 'M3/P3', 'M4/P1', 'M5/P1', 'M5/P2' e 'M5/P4', por apresentarem menor severidade média, incidência média e área abaixo da curva de progresso da doença pinta-preta.

As variáveis severidade média de pinta-preta na 7ª folha (SPPMed) e Área abaixo da curva de progresso de severidade de pinta-preta na folha marcada (AACPD) foram as mais eficientes em discriminar a resistência das progênies avaliadas neste estudo.

Tendo como referência estes resultados, será possível abrir linhagens promissoras para resistência à pinta-preta para geração de híbridos superiores mais produtivos, resistentes a esta doença.



## REFERÊNCIAS

- Adikaram, N.K.B., Wijepala, M. (1995) *Asperisporium* black spot in *Carica papaya*: a new disease in Sri Lanka. *J Natl Sci Counc Sri Lanka* 23: 213–219.
- Barreto, L.F., Savan, P.A.L., Lima, L.L. de., Lodo, B.N. (2011) Avaliação de fungicidas no controle de *Asperisporium caricae* na cultura do mamoeiro. *Rev Bras Frutic* 33: 399–403.
- Campbell, C.L., Madden, L. V. (1990) *Introduction to plant disease epidemiology*. New York: John Wiley & Sons., xvii + 532 pp.p.
- Carvalho, F.A., Renner, S.S. (2012) A dated phylogeny of the papaya family (Caricaceae) reveals the crop's closest relatives and the family's biogeographic history. *Mol Phylogeny, Biogeogr an e-Monograph Papaya Fam as an Ex Taxon Electron Age* 65: 49–81.
- Chávez-Pesqueira, M., Suárez-Montes, P., Castillo, G., Núñez-Farfán, J. (2014) Habitat fragmentation threatens wild populations of *Carica papaya* (Caricaceae) in a lowland rainforest. *Am J Bot* 101: 1092–1101.
- Crous, P.W., Braun, U. (2003) *Mycosphaerella and its anamorphs: 1. Names published in Cercospora and Passalora*. Utrecht: Centraalbureau voor Schimmelcultures (CBS), 571 pp.p.
- Cruz, C.D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental

- statistics and quantitative genetics. *Acta Sci Agron* 35: 271–276.
- Dianese, A.C., Blum, L.E.B., Dutra, J.B., Lopes, L.F., Sena, M.C., Freitas, L.F., Yamanishi, O.K. (2007) Reação de Genótipos de Mamoeiro à Variola e à Podridão-do-pé. *Fitopatol Bras* 32: 419–423.
- Dianese, A.D.C., Blum, L.E.B., Dutra, J.B., Lopes, L.F., Sena, M.C., De Freitas, L.F. (2008) Evaluation of phosphite applications for severity of papaya black spot (*Asperisporium caricae*). *Rev Bras Frutic* 30: 834–837.
- Ellis, M.B. (1971) *Dematiaceous Hyphomycetes*. Kew, Commonwealth Mycological Institute., 608 pp.p.
- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária EMBRAPA. (2019) Cultivo do Mamão. <https://www.embrapa.br/mandioca-e-fruticultura/cultivos/mamao>.
- Ferregueti, G.A. (2018) Custos de produção e rentabilidade da cultura do mamão. *In: Anais do VII Simpósio do Papaya Brasileiro*. Vitória, ES, Brazil: VII SIMPÓSIO DO PAPAYA BRASILEIRO,
- Hayman, B.I. (1954) The Analysis of Variance of Diallel Tables. *Biometrics* 10: 235.
- Hazel, L.N. (1943) The Genetic Basis for Constructing Selection Indexes. *Genetics* 28: 476–90.
- Huerta-Ocampo, J.Á., Osuna-Castro, J.A., Lino-López, G.J., Barrera-Pacheco, A., Mendoza-Hernández, G., De León-Rodríguez, A., Barba de la Rosa, A.P. (2012) Proteomic analysis of differentially accumulated proteins during ripening and in response to 1-MCP in papaya fruit. *J Proteomics* 75: 2160–2169.
- IBGE, I.B. de G. e E. (2017) Produção Agrícola Municipal. <https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/pam/tabelas>.
- Luz, L.N. da., Pereira, M.G., Barros, F.R., Barros, G. de B., Ferregueti, G.A. (2015) Novos Híbridos de Mamoeiro Avaliados nas Condições de Cultivo Tradicional e no Semiárido Brasileiro. *Rev Bras Frutic* 37: 159–171.

- Ming, R., Hou, S., Feng, Y., Yu, Q., Dionne-Laporte, A., Saw, J.H., Alam, M. et al. (2008) The draft genome of the transgenic tropical fruit tree papaya (*Carica papaya* Linnaeus). *Nature* 452: 991–996.
- Ming, R., Yu, Q., Moore, P.H. (2007) Sex determination in papaya. *Semin Cell Dev Biol* 18: 401–408.
- Ministério da Agricultura; Pecuária e Abastecimento MAPA. (2019) Agrofít. Sistemas de Agrotóxicos Fitossanitários.
- Modi, A., Suthar, K., Thakkar, P., Mankad, M.C., Kumari, S., Narayanan, S., Singh, A.S., Kumar, N. (2018) Evaluation of sex specific RAPD and SCAR markers linked to papaya (*Carica papaya* L.). *Biocatal Agric Biotechnol* 16: 271–276.
- Moraes, R., Vivas, M., Vivas, J.M.S., Daher, R.F., Gravina, G.A., Francelino, H. de O., Cruz, D.P. da., Ramos, G.K. de S., Pereira, M.G. (2019) Genetic parameters and performance of papaya genotypes to black spot resistance (*Asperisporium caricae*). *Aust J Crop Sci* 13: 649–655.
- Moreira, S.O., Kuhlcamp, K.T., Barros, F.L.D.S., Zucoloto, M., Moitinho, A.C.R. (2017) Intrapopulation recurrent selection by mixed models in papaya of the Formosa group. *Rev Bras Frutic* 40: 870–878.
- Mulamba, N.N., Mock, J.J. (1978) Improvement of yield potencial of the eto blanco maize (*Zea mays* L.) population by breending for plant traits. *Egypt J Genet Cytol* 7: 40–51.
- Organization of United Nations for Food and Agriculture FAO. (2017) FAOSTAT. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>.
- Pereira, A.V. da S., Martins, R.B., Michereff, S.J., da Silva, M.B., Câmara, M.P.S. (2012) Sensitivity of *Lasiodiplodia theobromae* from Brazilian papaya orchards to MBC and DMI fungicides. *Eur J Plant Pathol* 132: 489–498.
- Pereira, M.G., Ferregueti, G.A., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Poltronieri, T. de S.P., Arêdes, F.A.S., Boechat, M.S.B., Azevedo, A.O.N., Moreira, N.F., Bohry, D., Pereira, T.N.S., Silveira, S.F. da., Vivas, M.

- (2018) Melhoramento Genético Do Mamoeiro : Programa Uenf / Caliman. *In: GTTC/INCAPER. (ed) VII Simpósio do Papaya Brasileiro*. Vitória, ES, Brazil: Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural, p. 1–41
- Poltronieri, T.P.S., Silveira, S.F., Vivas, M., Santa Catarina, R., Cortes, D.F.M., Azevedo, A.O.N., Pereira, M.G. (2017) Selecting black-spot resistant papaya genotypes derived from backcrossing and hybrids. *Genet Mol Res* 16: 1–11.
- Rezende, J.A.M.; Martins, M.C. (2016) Doenças do Mamoeiro. *In: Kimati, H., Amorim, L., Bergamin Filho, A., et al. (ed) Manual de fitopatologia: Doenças das plantas cultivadas.*, 5.ed. São Paulo: Agronômica Ceres, p. 435–443
- Ribeiro, R.M., Do Amaral Júnior, A.T., Pena, G.F., Vivas, M., Kurosawa, R.N., Gonçalves, L.S.A. (2016) Effect of recurrent selection on the variability of the UENF-14 popcorn population. *Crop Breed Appl Biotechnol* 16: 123–131.
- Santos, P.H.D. dos., Oliveira, C.R.R. de., Gonçalves, V.M.L., Aredes, F.A.S., Silveira, S.F. da. (2019) Phylogeographic distribution of *Asperisporium caricae* isolates in brazilian southeastern and northeastern coastal regions. *Biosci J* 859–868.
- Santos, P.H.D. dos., Silveira, S.F. da., Vivas, M., Carvalho, B.M., Pereira, M.G. (2017) Alternative control to black spot disease in papaya genotypes. *Summa Phytopathol* 43: 60–62.
- Santos Filho, H.P., Oliveira, A.A.R., NORONHA, A.C. da S., Sanches, N.F., Lopes, F.F., Andrade, P.R.O., Osório, A.C.B., Souza, J.A. de., Oliveira, A.M.G., Santos, M. de J. (2007) Monitoramento e Controle da Pinta Preta do Mamoeiro. *Comun Tec EMBRAPA* 1–5.
- Santos, M.C., Barreto, M. (2003) Estudo epidemiológico da varíola do mamoeiro em cultivares submetidos a tratamento com fungicidas. *Summa Phytopathol* 29: 141–146.
- Silva, C.A. Da., Schmildt, E.R., Schmildt, O., Alexandre, R.S., Cattaneo, L.F., Ferreira, J.P., Nascimento, A.L. (2016) Correlações fenotípicas e análise de

- trilha em caracteres morfoagronômicos de mamoeiro. *Rev Agro@Mambiente on-Line* 10: 217.
- Silva, F.H. de L. e., Viana, A.P., Freitas, J.C.D.O., Santos, E.A., Rodrigues, D.L., Amaral Junior, A.T. do. (2017) Prediction of genetic gains by selection indexes and REML/BLUP methodology in a population of sour passion fruit under recurrent selection. *Acta Sci Agron* 39: 183.
- Smith, H.F. (1936) A discriminant function for plant selection. *Annu Eugen* 7: 240–250.
- Suzuki, M.S., Zambolim, L., Liberato, J.R. (2007) Progresso de doenças fúngicas e correlação com variáveis climáticas em mamoeiro. *Summa Phytopathol* 33: 167–177.
- Vanburen, R., Zeng, F., Chen, C., Zhang, J., Wai, C.M., Han, J., Aryal, R., Gschwend, A.R., Wang, J., Na, J., Huang, L., Zhang, L., Miao, W., Gou, J., Arro, J., Guyot, R., Moore, R.C., Wang, M., Zee, F., Charlesworth, D., Moore, P.H., Yu, Q., Ming, R. (2015) Origin and domestication of papaya Y h chromosome. *Genome Res* 524–533.
- Vasu, P., Savary, B.J., Cameron, R.G. (2012) Purification and characterization of a papaya (*Carica papaya* L.) pectin methylesterase isolated from a commercial papain preparation. *Food Chem* 133: 366–372.
- Vawdrey, L.L., Grice, K.R.E., Westerhuis, D. (2008) Field and laboratory evaluations of fungicides for the control of brown spot (*Corynespora cassiicola*) and black spot (*Asperisporium caricae*) of papaya in far north Queensland, Australia. *Australas Plant Pathol* 37: 552–558.
- Videira, S.I.R., Groenewald, J.Z., Nakashima, C., Braun, U., Barreto, R.W., de Wit, P.J.G.M., Crous, P.W. (2017) Mycosphaerellaceae – Chaos or clarity?. *Stud Mycol* 87: 257–421.
- Vivas, J.M.S., Silveira, S.F. da., Santos, P.H.D. dos., Pinho, D.B., Pereira, O.L. (2017) Selection of fungi with biocontrol potential against the black spot disease of papaya. *Pesqui Agropecuária Trop* 47: 369–376.

- Vivas, M., da Silveira, S.F., do Amaral, A.T., Cardoso, D.L., Pereira, M.G. (2013a) Herança da resistência do mamoeiro a doenças fúngicas com base em análise dialélica de Hayman. *Bragantia* 72: 332–337.
- Vivas, M., Felipe, S., Maganha, J., Vivas, S., Pereira, M.G. (2012a) Patometria , parâmetros genéticos e reação de progênies de mamoeiro à pinta-preta. *Bragantia* 71: 235–238.
- Vivas, M., Felipe, S., Maganha, J., Vivas, S., Viana, A.P., Teixeira, A., Pereira, M.G. (2014) Selection of female papaya progenies for resistance to phoma-spot using mixed models. *Bragantia* 73: 446–450.
- Vivas, M., Ramos, H.C.C., Santos, P.H.D., Silveira, S.F., Pereira, T.N.S., do Amaral, A.T., Pereira, M.G. (2016) Heterosis and genetic diversity for selection of papaya hybrids for resistance to black spot and phoma spot. *Trop Plant Pathol* 41: 380–389.
- Vivas, M., Silveira, S.F. da., Cardoso, D.L., Pereira, M.G., Santos, P.H.D. dos., Ferregueti, G.A. (2012b) Capacidade combinatória e heterose para resistência à pinta-preta em mamoeiro por meio de análise dialélica. *Trop Plant Pathol* 37: 326–332.
- Vivas, M., Silveira, S.F. da., Pereira, M.G. (2012c) Prediction of genetic gain from selection indices for disease resistance in papaya hybrids. *Rev Ceres* 59: 781–786.
- Vivas, M., Silveira, S.F. da., Terra, C.E.P. da S., Pereira, M.G. (2011) Testers for combining ability and selection of papaya hybrids resistant to fungal diseases. *Crop Breed Appl Biotechnol* 11: 36–42.
- Vivas, M., Silveira, S.F. Da., Terra, C.E.P.D.S., Pereira, M.G. (2010a) Reação de germoplasma e híbridos de mamoeiro à mancha-de-phoma (*Phoma caricae-papayae*) em condições de campo. *Trop Plant Pathol* 35: 323–328.
- Vivas, M., Silveira, S.F. da., Vivas, J.M.S., Pereira, M.G. (2013b) Predição de ganhos genéticos e seleção de progênies de mamoeiro para resistência à pinta-preta. *Trop Plant Pathol* 38: 142–148.

Vivas, M., Silveira, S.F., Pio-Viana, A., Amaral-Júnior, A.T., Ferreguetti, G.A., Pereira, M.G. (2015) Resistance to multiple foliar diseases in papaya genotypes in Brazil. *Crop Prot* 71: 138–143.

Vivas, M., Terra, C.E.P. da S., Silveira, S.F. da., Fontes, R.V., Pereira, M.G. (2010b) Escala diagramática para avaliação da severidade da pinta-preta em frutos de mamoeiro. *Summa Phytopathol* 36: 161–163.

Wickham, H. (2016) *ggplot2 Elegant Graphics for Data Analysis*. 268p.

Williams, J.S. (1962) The Evaluation of a Selection Index. *Biometrics* 18: 375.