

Genótipos de mamão sob infecção natural pelo vírus da mancha-anelar

Papaya genotypes under natural infection for *papaya ringspot virus*

Paulo Diógenes Barreto¹, Antônio Apoliano dos Santos¹ e Jorge Luiz Loyola Dantas²

RESUMO

A mancha-anelar, considerada a principal doença do mamoeiro em todo o mundo, é também destacada, atualmente, como o maior desestímulo a essa cultura no Estado do Ceará. O controle dessa doença torna-se difícil em virtude da reconhecida eficiência de seus vetores, por não serem conhecidos genes de resistência natural ao vírus na espécie, e das restrições legais ao uso de organismos transgênicos. Valendo-se da infecção sob condições naturais em um grupo de genótipos, buscou-se nesta pesquisa, detectar variabilidade genética e identificar possíveis genótipos portadores de tolerância ao vírus da mancha-anelar. Foram utilizados 20 genótipos, procedentes da Embrapa Mandioca e Fruticultura, sendo dez com características de formato e tamanho do fruto típicas do grupo Solo e dez do grupo Formosa. Cada grupo de genótipo constituiu um experimento, delineado em blocos casualizados, com seis repetições, instalado no Campo Experimental do Curu, da Embrapa Agroindústria Tropical, no Município de Paraipaba, CE, em março de 2000. Os genótipos foram comparados entre si quanto à reação a infecção pelo vírus, em diferentes idades das plantas e dois critérios de amostragem: avaliação por parcela e por planta. Constatou-se que: 1) os genótipos de mamão reagiram com intensidades diferentes à infecção natural pelo vírus, sendo detectadas diferenças quanto ao intervalo de variação da intensidade dos sintomas da doença dentro da população de cada genótipo; 2) genótipo CMF 018 destacou-se por apresentar sintomas leves nas poucas plantas que adoeceram.

Termos para indexação: *Carica papaya* L., *Papaya ringspot virus*, variabilidade, melhoramento genético.

ABSTRACT

The *Papaya ringspot virus*, considered to be the most important disease of papaya in the world, is also outstanding, now, as the largest constraint to this culture in the Ceará State. The control of the disease becomes difficult due to the large number of vector species with recognized efficiency, to the lack genes for resistance to the virus, besides the legal restrictions to the use of transgenics organisms. Based on natural infection conditions in a group of different genotypes, this research aimed to detect genetic variability and to identify possible tolerant genotypes. Coming from Embrapa Cassava and Tropical Fruits, 20 genotypes were used, 10 with format and size fruit characteristics of the Solo group and 10 of the Formosa group. Each genotype group constituted an experiment, carried out in a randomized block design, with 6 replications, set up at the Experimental Station of Paraipaba county (Ceará State, Brazil), of Embrapa Tropical Agroindustry, in march/2000. The genotypes were compared to each other with relationship to the reaction the infection for the virus in different ages of the plants and two sampling approaches: evaluation for plots and for plants. It was verified that: 1) the papaya genotypes reacted with different intensities to the natural infection for the virus and were detected differences with relationship to the interval of variation of the intensity of the disease symptoms in the population of each genotype; 2) the genotype CMF 018 behaved as the most tolerant to the virus.

Index terms: *Carica papaya* L., *Papaya ringspot virus*, variability, genetic improvement.

¹ Engenheiro Agrônomo, M.Sc., Embrapa Agroindústria Tropical. Caixa Postal 3761, CEP 60511-110, Fortaleza, CE. E-mail: diogenes@cnpaf.embrapa.br.

² Engenheiro Agrônomo, Ph.D., Embrapa Mandioca e Fruticultura. Caixa Postal 007, CEP 44390-000, Cruz das Almas, BA. E-mail: loyola@cnpmf.embrapa.br.

Introdução

Considerada a mais importante doença do mamoeiro (*Carica papaya* L.) no mundo, a mancha-anelar, causada por *Papaya ringspot virus*, PRSV, é tida, também, como um dos principais fatores limitantes dessa cultura em vários estados brasileiros. O desconhecimento de genes de resistência em *C. papaya* e a sua transmissão de modo não-persistente por diversas espécies de afídeos (Higa e Namba, 1971), tornam difícil o controle dessa doença. O vírus, conforme Souza Júnior (1999), além de reduzir o tamanho das folhas e diminuir a capacidade de fotossíntese das plantas, reduzindo o seu crescimento e ocasionando perdas de até 100% na produção, causa ainda manchas nos frutos, que por isso são rejeitados nos mercados mais exigentes.

Sintomas de plantas sob infecção viral, típicos do PRSV, foram descritos por Adsuar (1946), em Porto Rico. Por outro lado, no Brasil a ocorrência inicial do PRSV foi constatada por Costa et al. (1969), citados por Resende (1994), no final dos anos 60, na Região de Monte Alto. A partir de então, ainda de acordo com Resende (1994), o patógeno se disseminou por vários Estados: Paraná (Almeida e Carvalho, 1978), Pernambuco (Paguio e Barbosa, 1979) e pelo Distrito Federal (Kitajima, 1987). Seis anos após a primeira ocorrência nacional, esse vírus foi identificado no Ceará por Lima e Gomes (1975), infectando plantas na Região Metropolitana de Fortaleza. Atualmente, a mancha-anelar pode ser destacada como o fator mais restritivo à cultura do mamoeiro no Estado do Ceará, notadamente nos perímetros irrigados do Curu-Paraipaba e Chapada do Apodi.

De acordo com Souza Junior e Gonçalves (1999), dentre os métodos aplicados para controlar a mancha-anelar nenhum é tão eficaz quanto o uso de plantas transgênicas. Utilizando-se dessa estratégia, pesquisas como as de Nickel (1993), Vilarinhos et al. (1996), Souza Junior (1999) e Ferreira et al. (2002) buscaram solucionar o problema. Como resultado, alguns genótipos desenvolvidos já poderiam ser disponibilizados aos produtores, entretanto, a legislação brasileira em vigor (CTNBio, 2001) é restritiva quanto ao uso comercial de organismos geneticamente modificados. Esperar pela comprovação de que o produto assim obtido não acarreta malefício à saúde dos consumidores, provavelmente demandará um certo tempo, com implicações imprevisíveis sobre a sustentabilidade da cultura do mamoeiro no Ceará.

Nessas circunstâncias, a identificação de genótipos com algum nível de resistência ao PRSV no campo, resultando na produção de frutos com qualidade e em quantidade que viabilize o investimento, apresenta-se como alternativa aceitável. O trabalho de Manica (1996) mostra que tal possibilidade existe, destacando-se a cultivar Higgins como uma fonte genética dotada de alta tolerância ao vírus, passível de utilização no melhoramento convencional.

No presente trabalho, valendo-se da ocorrência de forte pressão de inóculo sob condições naturais em um grupo de genótipos, buscou-se detectar variabilidade genética e identificar possíveis genótipos portadores de tolerância ao PRSV.

Material e Métodos

Dez genótipos de mamoeiro, com características de formato e tamanho do fruto típicas do grupo Solo: CMF 012, CMF 013, CMF 021, CMF 034, CMF 037, CMF 053, CMF 056, CMF 072, CMF 077 e Sunrise Solo, e dez genótipos do grupo Formosa: CMF 004, CMF 007, CMF 008, CMF 014, CMF 018, CMF 019, CMF 030, CMF 031, CMF 047 e Tainung n° 1 (G2), provenientes da Embrapa Mandioca e Fruticultura, foram agrupados em dois experimentos, instalados em março de 2000, no Campo Experimental do Curu, em área de Neossolo Quartzarênico, classificação climática Aw' (Köppen, 1948), pertencente à Embrapa Agroindústria Tropical, Município de Paraipaba, CE.

Adotou-se o delineamento em blocos casualizados, com seis repetições. O plantio foi realizado com três mudas por cova, visando assegurar, pelo menos, uma planta hermafrodita. As parcelas, após desbaste, constituíram-se de dez plantas, espaçadas em 3,0 x 2,5 m, no experimento do grupo Solo, e 3,0 x 3,0 m, no experimento do grupo Formosa.

Os experimentos foram conduzidos sob irrigação (± 18 mm de água por dia), adubados em fundação/cova: 100 g de P_2O_5 , 60 g de K_2O e 15 kg de esterco bovino; a seguir, a nutrição das plantas foi suprida por meio de fertirrigações quinzenais, com macro e microelementos, com base na análise de solo e na demanda nutricional estabelecida para a cultura. Realizaram-se o controle de pragas e doenças e os tratamentos culturais, conforme indicadores de campo.

Para estudar a reação ao vírus da mancha-anelar, foram procedidas avaliações em três datas

distintas, sendo as duas primeiras aos 405 e 580 dias após o transplante, quando foram atribuídos escores para uma avaliação por parcela e a terceira, aos 587 dias após o transplante, em que se procedeu a avaliação por planta. A infecção se deu sob condições naturais, cujos dados para diferentes variáveis climáticas, registrados nos meses de avaliação dos sintomas do PRSV, são apresentados na Tabela 1. Estas avaliações foram baseadas na

Tabela 1 - Média mensal obtida para diferentes variáveis climáticas, no período de maio a novembro de 2001, em Paraipaba, CE.

Mês	Temperatura (°C)			Umidade relativa (%)	Insolação (hs:min/dia)	Velocidade dos ventos (m/s)	Precipitação (mm)
	Máx.	Min.	Méd.				
Maio	32,1	27,6	27,6	72,0	9:08	4,3	66,6
Setembro	32,1	27,7	27,7	58,0	10:13	10,8	0,0
Outubro	32,8	28,0	28,0	59,0	10:11	7,6	1,8
Novembro	32,6	28,1	28,1	64,0	8:48	7,9	6,0

Fonte: Aguiar et al. (2002).

observação dos sintomas da doença, atribuindo-se escores variando de 1 a 5, onde 1 = ausência de sintomas; 2 = até 10% de folhas com sintomas; 3 = de 11% a 25% de folhas com sintomas; 4 = de 26% a 50% de folhas com sintomas e 5 = mais de 50% de folhas com sintomas.

Para os dados obtidos foram aplicados teste de comparação de médias e análise da variância, com base no modelo:

$$y_{ij} = m + t_i + b_j + e_{ij}$$

onde,

y_{ij} : valor da i,j-ésima observação;

m : média geral;

t_i : efeito do i-ésimo tratamento;

b_j : efeito do j-ésimo bloco;

e_{ij} : efeito aleatório da ij-ésima observação, onde se supõe $e_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$.

Com o objetivo de verificar a possibilidade de seleção, a partir dos dados obtidos da avaliação individual, foram calculadas as variâncias dentro de genótipos e os dados resultantes foram utilizados, também, como critério para compará-los entre si. As variâncias foram estimadas conforme metodologia apresentada por Pimentel Gomes (1990), cujos cálculos foram feitos por meio de um programa SAS.

Resultados e Discussão

A Tabela 2 contém os dados obtidos a partir da avaliação do *Papaya ringspot virus*, PRSV, com resultados de análises estatísticas por unidade experimental e em avaliações individuais das plantas de diferentes genótipos de mamoeiro, agrupados em dois experimentos instalados no Município de Paraipaba, CE, em 2000/2001. Na comparação de médias entre grupos e entre genótipos, foram constatadas diferenças estatisticamente significativas quanto à severidade dos sintomas de PRSV-P, independentemente do estágio das plantas ou do critério de amostragem.

Os genótipos do grupo Formosa comportaram-se como mais tolerantes em todas as avaliações. Dentro desse grupo, CMF

018 apresentou sempre as médias mais baixas entre todos os genótipos estudados. Independente do grupo a que pertencem, foi no CMF 018 que se identificou o maior número de plantas sadias. Além deste, nos genótipos CMF 021, CMF 034 e CMF 053, do grupo Solo, e CMF 019 e CMF 031, do grupo Formosa, também, encontraram-se plantas sem sintomas visíveis do PRSV. A identificação desses materiais, indicando possível influência genética sobre essa reação de tolerância, assim como constatou Manica (1996), corresponde a um indício de alternativa genética já disponível. Todavia, por se tratar de avaliação a partir de infecção sob condições naturais, há necessidade de que tal comportamento seja confirmado mediante submissão desses materiais a uma inoculação do vírus por método apropriado.

Na avaliação em nível de planta, que teve o objetivo de identificar possível variabilidade dentro da população constituinte de cada genótipo, foi criada uma variável para os valores calculados para suas variâncias (σ^2). Essa variável apresentou coeficiente de variação (C.V.) considerado bastante alto (91,55 %). Tal valor pode ser explicado pela origem dos dados, que foram obtidos a partir de um número diferente de observações por causa da mortalidade de plantas, causada por *Phytophthora*, que não foi distribuída aleatoriamente nas parcelas. No caso de parcela com poucas plantas, ocorreu frequência de indivíduos sadios ou com sintomas, de modo diferente do que é verificado na população do genótipo

Tabela 2 - Médias¹ obtidas da avaliação do *Papaya ringspot virus*, PRSV, por unidade experimental (aos 405 e 580 dias pós-transplante), número de observações (Nº Pl), valores mínimo e máximo, médias e variâncias obtidos para avaliação individual de diferentes genótipos de mamoeiro agrupados em experimentos instalados no Município de Paraipaba, CE, 2000/2001.

Fonte de variação	Avaliação por unidade experimental		Avaliação individual (aos 587 dias pós-transplante)				
	Aos 405 dias	Aos 580 dias	Nº Pl	Valor mínimo	Valor máximo	Média	σ^2
Genótipo							
<i>- Grupo Solo</i>							
CMF 012	5,00 a	4,00 a	29	3	5	3,96 a	0,56 abc
CMF 013	4,00 abc	3,33 abcde	29	2	5	3,72 ab	0,35 abc
CMF 021	4,00 abc	2,60 def	41	1	4	2,92 def	0,21 bc
CMF 034	4,50 ab	2,50 ef	14	1	4	3,28 dc	0,21 bc
CMF 037	2,33 ef	2,33 f	47	2	4	2,38 gh	0,23 bc
CMF 053	3,50 bcd	3,66 abc	50	1	4	2,98 cdef	0,32 abc
CMF 056	3,66 bc	2,83 cdef	43	2	5	3,00 cdef	0,28 bc
CMF 072	4,50 ab	3,33 abcde	24	3	4	3,70 ab	0,25 bc
CMF 077	4,00 abc	3,83 ab	40	2	5	3,37 bc	0,53 abc
Sunrise Solo	4,00 abc	3,40 abcde	33	2	5	3,21 dc	0,62 ab
<i>- Grupo Formosa</i>							
CMF 004	2,50 ef	2,83 cdef	42	2	4	2,50 g	0,31 abc
CMF 007	4,50 ab	3,83 ab	40	2	5	3,37 bc	0,15 bc
CMF 008	4,50 ab	3,33 abcde	22	2	4	3,00 cdef	0,35 abc
CMF 014	4,16 abc	3,50 abcd	43	2	4	2,62 fg	0,42 abc
CMF 018	2,00 f	1,16 g	19	1	4	2,05 h	0,76 a
CMF 019	3,16 cde	2,33 f	35	1	4	2,51 g	0,20 bc
CMF 030	2,66 def	2,50 ef	50	2	4	2,74 efg	0,12 c
CMF 031	4,16 abc	2,83 cdef	35	1	5	3,11 cde	0,29 abc
CMF 047	4,16 abc	3,83 ab	43	2	4	2,72 efg	0,40 abc
Tainung n°1(G2)	4,00 abc	3,00 bcdef	34	2	4	2,41 gh	0,37 abc
Grupo							
Solo	3,94 a	3,18 a				3,16 a	0,36 a
Formosa	3,58 b	2,91 b				2,73 b	0,33 a
σ^2	0,59	0,59				0,31	0,22
C.V.(%)	21,04	21,65				24,56	91,55
QME ^{1/2}	0,79	0,66				0,72	0,32
Média	3,76	3,05				2,94	0,35
F-Grupo	6,26 *	5,03 *				65,45 **	0,23 ns
F-Genótipo	6,47 **	6,72 **				11,73 **	1,49 ns

¹ Médias seguidas por letras não comuns diferem estatisticamente (Duncan, 5%).

ns - Não significativo.

* Significativo ao nível de 5% de probabilidade de erro.

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade de erro.

como um todo. Na análise de variância desses dados (Tabela 2), não foi detectada diferença significativa entre genótipos, nem entre grupos de genótipos, pelo teste "F"; porém, na comparação entre médias, foram estabelecidos diferentes agrupamentos pelo teste de Duncan, sugerindo que a probabilidade de sucesso do melhoramento por seleção pode depender do genótipo. Esses dados

revelam ainda que a maior variância foi encontrada entre as plantas do CMF 018, indicando ser nesse genótipo que o melhoramento por seleção de plantas sadias poderia ser praticado com maior probabilidade de sucesso. Em outros genótipos que apresentaram variâncias elevadas, como os CMF's 012 e 077 e Sunrise Solo, não ocorreram plantas sem sintomas do PRSV.

Referências Bibliográficas

- ADSUAR, J. **Studies on virus diseases of papaya (*Carica papaya*) in Puerto Rico**. I. Transmission of papaya mosaic. Rio Piedras: University of Puerto Rico, 1946. 10p.
- COMISSÃO TÉCNICA NACIONAL DE BIOSSEGURANÇA. **Cadernos de biossegurança 1: Legislação**. [S.l.], 2001. 245p.
- AGUIAR, M. de J.N.; LIMA, J.B. de; CARNEIRO, F. de A.; BADU, F.O. **Dados climatológicos: Estação de Paraipaba**, 2001. Fortaleza: Embrapa Agro-indústria Tropical, 2002. 14p. (Embrapa Agro-indústria Tropical. Documentos, 57).
- FERREIRA, S.A.; PITZ, K.Y.; MANSSHARDT, R.; ZEE, F.; FITCH, M.; GONSALVES, D. Virus coat protein transgenic papaya provides practical control of *Papaya ringspot virus* in Hawaii. **Plant Disease**, v.86, p.101-105, 2002.
- HIGA, S.Y.; NAMBA, R. Vectors of the *Papaya mosaic virus* in Hawaii. **Proceedings, Hawaiian Entomological Society**, v.21, p.93-96, 1971.
- KITAJIMA, E.W.; MATTOS, J.K.A.; PARENTE, T.V.; MARINHO, V.L.A.; SA, P.B. de. Ocorrência do vírus do mosaico do mamoeiro (*Papaya ringspot virus*) no Distrito Federal. **Fitopatologia Brasileira**, v.12, p.106-108, 1987.
- KÖPPEN, W. **Climatologia**: com un estúdio de los climas de la tierra. México: Fondo de Cultura Economica, 1948. 478p.
- LIMA, J.A.A.; GOMES, M.N.S. Identificação de “*Papaya Ringspot Virus*” em Fortaleza, Ceará. **Fitossanidade**, v.1, p.56-59, 1975.
- MANICA, I. **Cultivares e melhoramento do mamoeiro**. Cruz das Almas: EAUFBA/EMBRAPA-CNPMF, 1996. p.93-120.
- NICKEL, O. **Desenvolvimento de mamão transgênico resistente ao vírus da mancha anelar do mamão**: relatório de pesquisa. Cruz das Almas: EMBRAPA-CNPMF, 1993. 41p.
- PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 13.ed. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1990. 468p.
- RESENDE, J.A.M. **Situação atual do mosaico do mamoeiro e do endurecimento dos frutos do maracujazeiro em Taiwan e na Austrália**: relatório. Campinas: IAC, 1994. 12p.
- SOUZA JUNIOR, M.T.; GONÇALVES, D. Cultura de tecidos e transformação genética de *Carica papaya* L. visando resistência ao vírus da mancha anelar. **Revista Brasileira de Fisiologia Vegetal**, v.11, p.164, 1999. Suplemento.
- SOUZA JUNIOR, M.T. Mamão transgênico chega ao campo. **Biotecnologia Ciência & Desenvolvimento**, v.2, p.4-7, 1999.
- VILARINHOS, A.D.; NICKEL, O.; OLIVEIRA, R.P.; DANTAS, J.L.L. **Resistência não convencional a viroses**: utilização do gene da capa protéica do vírus da mancha anelar do mamão (PRV). Cruz das Almas: EAUFBA/EMBRAPA-CNPMF, 1996. p.173-181.