

Reação de germoplasma de mamoeiro à infecção por *Phytophthora palmivora* Butler (Butler)

¹ Franklin Damasceno Carvalho, ¹ Viviane Peixoto Borges, ¹ Sebastião de Oliveira e Silva, ¹ Carlos Augusto Dórea Bragança, ² Leandro de Souza Rocha,

¹ Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas, Rua Rui Barbosa, n. 710, Centro, CEP 44380.000, Cruz das Almas, BA, Brasil. E-mails: franklindmsc@gmail.com, vivipborges@yahoo.com.br, ssilva3000@gmail.com, carlosadbraganca@gmail.com.

² Embrapa Mandioca e Fruticultura, Rua Embrapa, s/n, Chapadinha, CEP 44380-000, Cruz das Almas BA, Brasil. E-mail: leandro.rocha@embrapa.br

Resumo: O mamoeiro é uma das principais fruteiras tropicais cultivadas no mundo, contudo, é uma cultura afetada por diversas doenças, a exemplo da podridão do pé ou gomose do mamoeiro, causada por *Phytophthora palmivora*. Este trabalho objetivou avaliar a reação de mudas de genótipos de mamoeiro à infecção pelo oomiceto e identificar possíveis fontes de resistência no germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura. O experimento foi conduzido em casa de vegetação da Embrapa Mandioca e Fruticultura, em Cruz das Almas-Bahia. Mudas de 52 genótipos de mamoeiro foram inoculadas com 5 mL de suspensão de esporos do patógeno numa concentração de 5×10^5 zoósporos mL⁻¹, sessenta dias após a emergência. Foram avaliados o período de incubação do oomiceto e o tempo médio de vida para cada tratamento, cujas médias foram agrupadas pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade. A severidade da doença foi avaliada por meio de escala de notas e assim determinou-se a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Com base nos valores de AACPD, fez-se o agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com 52 tratamentos (genótipos) cada um composto por cinco repetições e uma testemunha. Foi verificada grande variabilidade no germoplasma avaliado, contudo, nenhum genótipo apresenta resistência total à doença. Formaram-se quatro grupos conforme os diferentes níveis de suscetibilidade. Dentre os genótipos avaliados, CMF015, CMF133, CMF131, CMF024, CMF026, CMF078, CMF115, CMF023, Sunrise, CMF075, CMF251, CMF050, CMF132, CMF123, CMF165, CMF017 e CMF154 foram identificados como os menos suscetíveis à *P. palmivora* e podem subsidiar futuros trabalhos de resistência a essa doença.

Palavras chave: *Carica papaya* L., Gomose, Resistência a doenças.

Papaya germplasm reaction to *Phytophthora palmivora* infection

Abstract: Papaya is one of the main tropical fruit trees grown in the world, however, it is a crop affected by several diseases, such as root rot or papaya gummosis caused by *Phytophthora palmivora*. This work aimed to evaluate papaya seedlings genotypes reaction to infection by *the oomycete* and identify possible resistance sources in Embrapa Cassava and Fruits germplasm. The experiment was carried out in a greenhouse at Embrapa Cassava and Fruits, in Cruz das Almas-Bahia. Seedlings of 52 papaya genotypes were inoculated with 5 mL of pathogen spore suspension at 5×10^5 zoospores mL⁻¹ concentration, sixty days after seedlings emergence. Were evaluated the oomycete incubation period and life average time for each treatment, whose means were grouped by the Scott-Knott test at 5% probability. The disease severity was evaluated by a rating scale and then, was determined the area under the disease progress curve (AUDPC). Based on the AUDPC values, the genotypes were grouped using the UPGMA method. The experimental design was completely randomized, with 52 treatments (genotypes) each one consisting of five replications and a control. A great variability was verified in the evaluated germplasm; however, no genotype presents total resistance to the disease. Four groups were formed according to susceptibility levels. Among the evaluated genotypes, CMF015, CMF133, CMF131, CMF024, CMF026, CMF078, CMF115, CMF023, Sunrise, CMF075, CMF251, CMF050, CMF132, CMF123, CMF165, CMF017 and CMF154 were identified as the less susceptible to *P. palmivora* and may subsidize future resistance works to this disease.

Key words: *Carica papaya* L., Gummosis, Resistance to diseases.

Introdução

Uma das mais importantes fruteiras cultivadas no mundo, o mamoeiro (*Carica papaya* L.) pertence à família Caricaceae e é originário da América Central ao noroeste da América do Sul (Faria et al., 2009). Caracterizado como uma planta tipicamente tropical, a espécie se destaca na fruticultura do Brasil, segundo maior produtor mundial. Segundo a Tropical Food and Agriculture Organization of the United Nations [FAO] (2023), no ano de 2021, a produção nacional de mamão atingiu o total de 1,23 milhão de toneladas em uma área colhida de 28 mil hectares.

Apesar da grande expressão socioeconômica que a cultura do mamoeiro possui, a produção de frutos é comprometida pela ocorrência de diversas pragas, a exemplo da podridão do pé, também denominada Gomose, provocada pelo oomiceto *Phytophthora palmivora* (Butler) Butler (Cosmi et al., 2017). O gênero *Phytophthora* possui várias espécies que causam doenças em plantas e são responsáveis por perdas econômicas em todo o mundo. Isso devido ao fato de serem patogênicos a uma grande variedade de culturas agronomicamente exploradas (Carella et al., 2018 & Fuechtbauer et al., 2018).

A podridão do pé, também conhecida como podridão das raízes e dos frutos ou gomose do mamoeiro, tem como principais sintomas o encharcamento dos tecidos na região do colo e apodrecimento de raízes, com consequente murcha das folhas, queda prematura de frutos, tombamento e morte das plantas (Rezende & Fancelli, 2016). Quando a doença incide sobre os frutos, eles murcham, mumificam e caem no solo, liberando novos zoósporos. O controle deve ser realizado no início do aparecimento dos sintomas, sendo importante integrar práticas curativas, por meio da aplicação fungicidas à base de clorotalonil ou metalaxil, e práticas culturais, como é o caso da aplicação de fosfitos e de agentes de controle biológico, com destaque para espécies do gênero *Trichoderma* spp. (Dianese et al., 2007, Dianese, Blum, Mello, 2012, Santos & Oliveira, 2021).

A utilização de cultivares com algum nível de resistência é considerada a forma mais econômica de se controlar *P. palmivora* B. em mamoeiro (Dianese et al., 2007 & Vivas et al., 2015). Assim, em trabalhos visando à seleção de genótipos resistentes, é indicado que os

experimentos sejam conduzidos em condições favoráveis ao desenvolvimento da doença, evitando-se experimentos conduzidos em campo, pois, o potencial do inóculo sofre grande influência de fatores ambientais (Nechet & Halfeld-Vieira, 2011).

Diante do exposto, o objetivo desse trabalho foi avaliar a reação de mudas de genótipos de mamoeiro à infecção por *P. palmivora* e identificar possíveis fontes de resistência no germoplasma de mamão da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

Material e métodos

O trabalho foi conduzido em casa de vegetação da Embrapa Mandioca e Fruticultura em Cruz das Almas - BA. Foram avaliados 52 genótipos de mamoeiro, pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Mamão da instituição (Tabela 1). Sementes dos genótipos foram semeadas em sacos de polietileno (12 cm x 12 cm), preenchidos com solo de textura franco-arenosa, esterilizado em autoclave por um período de duas horas sob temperatura de 120 °C. Foram plantadas três sementes por saco, com posterior desbaste das plântulas após a germinação, deixando apenas uma por saco (Vasconcellos et al., 2021).

O isolado de *P. palmivora* utilizado foi o 1057, cedido pelo Centro de Pesquisa do Cacau [CEPEC], localizado em Ilhéus, Bahia. Após 10 dias de incubação em BOD a 25 °C ± 2 °C e escuro contínuo, as placas de Petri contendo o isolado foram submetidas à indução de liberação dos zoósporos, por meio da adição de 8 mL de água destilada esterilizada e gelada (Santos & Luz, 2011). Posteriormente, as placas foram mantidas em geladeira (5 °C ± 2 °C) por 30 minutos e por mais 30 minutos em temperatura ambiente (26 °C ± 2 °C). A suspensão obtida foi filtrada e ajustada para a concentração de 5x10⁵ zoósporos mL⁻¹ em câmara de Neubauer e imediatamente utilizada para a inoculação das mudas.

O método de inoculação empregado foi por meio da deposição de 5 mL da suspensão do inóculo ao redor do colo das mudas, sobre o substrato encharcado (Santos & Luz, 2011). Em seguida as mudas foram transferidas para câmara de crescimento, onde permaneceram a temperatura de 26 °C ± 2 °C, com fotoperíodo de

12 horas. O tratamento testemunha foi constituído pela aplicação de água estéril sobre o solo, da

mesma forma e no mesmo volume da suspensão de inóculo.

Tabela 1 - Código local, instituição doadora e/ou local de coleta, país de origem e grupo heterótico dos acessos de mamoeiro avaliados do BAG-Mamão da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

Cód. Local	Descrição	Instituição	Origem	Grupo heterótico
CMF002	Acesso	Cenargen	Costa Rica	Formosa
CMF004	Acesso	Cenargen	EUA	Formosa
CMF005	Acesso	Cenargen	EUA	Solo
CMF006	Acesso	Cenargen	EUA	Solo
CMF011	Acesso	Cenargen	Costa Rica	Formosa
CMF015	Acesso	Cenargen	Malásia	Formosa
CMF017	Acesso	Cenargen	Taiwan	Formosa
CMF023	Acesso	Cenargen	Malásia	Formosa
CMF024	Acesso	EBDA	Taiwan	Formosa
CMF026	Acesso	EBDA	Taiwan	Formosa
CMF044	Acesso	EBDA	Brasil	Formosa
CMF050	Acesso	EBDA	Brasil	Solo
CMF065	Acesso	EBDA	Brasil	Solo
CMF070	Acesso	EBDA	Brasil	Formosa
CMF075	Acesso	EBDA	Brasil	Formosa
CMF078	Acesso	Faz. Silva Linhares	Brasil	Solo
CMF082	Acesso	KwaZulu-Natal University	África do Sul	Solo
CMF087	Acesso	Kapoho, Hawaii	EUA	Solo
CMF090	Acesso	Kapoho, Hawaii	EUA	Solo
CMF108	Acesso	África do Sul	África do Sul	Formosa
CMF115	Acesso	África do Sul	África do Sul	Formosa
CMF123	Acesso	Cenargen	Tailândia	Solo
CMF128	Acesso	Embrapa Amazônia	Brasil	Solo
CMF130	Acesso	Bahia	Brasil	Solo
CMF131	Acesso	Cenargen	EUA	Formosa

Continuação

CMF132	Acesso	Cenargen	EUA	Formosa
CMF133	Acesso	Cenargen	Brasil	Formosa
CMF139	Acesso	Sergipe	Brasil	Formosa
CMF142	Acesso	Sergipe	Brasil	Formosa
CMF145	Acesso	Sergipe	Brasil	Formosa
CMF150	Acesso	Teixeira de Freitas - BA	Brasil	Solo
CMF152	Acesso	Bahia	Brasil	Formosa
CMF154	Acesso	Bahia	Brasil	Formosa
CMF165	Acesso	Mato Grosso	Brasil	Formosa
CMF184	Acesso	Cenargen	Brasil	Solo
CMF207	Acesso	Cenargen	Brasil	Formosa
CMF232	Acesso	Faz. Palmares	Brasil	Solo
CMF233	Acesso	Faz. Bello Fruit	Brasil	Formosa
CMF246	Acesso	Lençóis - BA	Brasil	Solo
CMF251	Acesso	Ribeira do Pombal- BA	Brasil	Formosa
CMF252	Acesso	Cruz das Almas - BA	Brasil	Formosa
CMF256	Acesso	Cruz das Almas - BA	Brasil	Solo
CMF L78	Linhagem elite	Embrapa - CNPMF	Brasil	Solo
GOLDEN	Cultivar	Embrapa - CNPMF	Brasil	Solo
RUBI	Cultivar	Embrapa - CNPMF	Brasil	Formosa
SUNRISE	Cultivar	Embrapa - CNPMF	EUA	Solo
TAINUNG	Cultivar	Embrapa - CNPMF	Tailândia	Formosa
THB	Cultivar	Eunápolis - BA	Brasil	Solo
BS2000	Cultivar	Eunápolis - BA	Brasil	Solo
L78XL60	Híbrido	Embrapa - CNPMF	Brasil	Solo
L78XL83	Híbrido	Embrapa - CNPMF	Brasil	Solo
L78XL84	Híbrido	Embrapa - CNPMF	Brasil	Solo

O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, com 52

tratamentos (genótipos) e cinco repetições. As mudas foram avaliadas diariamente até os 30

dias após a inoculação para estimar a severidade da doença, por meio de escala de notas adaptada de Mosqueda-Vázquez, Aragaki e Nakasone (1981). Após tombamento das mudas, uma amostra de cada tratamento foi levada ao laboratório para isolamento e confirmação do patógeno (postulado de Koch).

As medidas de severidade da doença foram utilizadas para obtenção da área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), de acordo com fórmula proposta por Madden, Hughes e Van Den Bosch (2007). A partir destes valores realizou-se a análise de agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean). Como medida de dissimilaridade utilizou-se a distância Euclidiana média. O critério para definição do número de grupos foi baseado no pacote "NbClust" (Charrad et al., 2014) do programa R.

Além da AACPD foram avaliadas as seguintes características: período de incubação e o tempo de vida de cada genótipo. O período de incubação (PI) foi determinado pelo tempo transcorrido (em dias) entre a inoculação e o aparecimento dos primeiros sintomas (murcha) (Bergamin & Amorim, 2002). Para o tempo médio de vida (TMV) foi considerado o número de dias entre a inoculação e o tombamento de cada planta.

Os dados foram submetidos ao teste F da análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância. As análises foram realizadas com o auxílio do software R[®] (R Core Team, 2019).

Resultados e discussão

O primeiro sintoma da podridão do pé foi a murcha, que ocorreu em algumas plantas a partir do quarto dia após a inoculação. Com aproximadamente dez dias, várias mudas já haviam tombado e, após duas semanas, todas as plantas haviam morrido. A murcha é o primeiro sintoma visível da podridão de *P. palmivora* em plantas jovens de mamoeiro, seguido do anelamento do colo e envergamento do ápice (Oliveira et al., 2014 & Torres et al., 2016). Além destes sintomas, verificou-se também o amarelecimento das mudas antes do tombamento e morte.

Foram observadas diferenças significativas para as variáveis, período de incubação e tempo

médio de vida. O período médio de incubação do patógeno variou de quatro a oito dias para os genótipos avaliados, com média de 5,53 dias. Santos e Luz (2011), em seus trabalhos com avaliação de resistência de mamoeiro à inoculação com *P. palmivora*, verificaram que o período de aparecimento dos primeiros sintomas ocorre geralmente entre o quarto e o quinto dia, podendo chegar até o décimo dia para genótipos considerados menos suscetíveis. Venturini (2012) identificou período de incubação ainda mais precoce em mamoeiros inoculados com este fitopatógeno, de apenas dois dias para o surgimento dos primeiros sintomas em cultivares como Sunrise solo, Golden, Maradol e Calimosa.

Para o período de incubação, observou-se formação de dois grupos de acordo com o teste Scott-Knott (Tabela 2). Em um grupo as médias variaram de 4,0 a 5,66 dias e foi composto pelos genótipos mais suscetíveis, a exemplo do CMF246 e da cultivar THB e da linhagem CMFL78. O outro grupo incluiu as médias dos materiais menos suscetíveis por apresentarem período de incubação entre 6,0 e 8,0 dias, sendo o maior valor absoluto observado no genótipo CMF131 (8 dias).

Em relação ao tempo médio de vida, os valores observados para os genótipos variaram entre 10 e 23 dias. Desta vez as médias foram agrupadas em cinco grupos, sendo os mais suscetíveis os genótipos que apresentaram 10,0 a 12,33 dias e os mais resistentes aqueles que apresentaram médias variando entre 21,0 a 23,0 dias: CMF078, CMF017, CMF015, CMF024 e CMF132 com (Tabela 2).

Burbano-Figueroa (2020) salienta que a resistência pode ser caracterizada pelo desenvolvimento mais lento da doença, ocasionado por alterações no processo de estabelecimento da infecção, que influenciam no período de incubação e quantidade de esporos. Dessa forma, os menores períodos de incubação estão diretamente ligados à uma maior suscetibilidade do hospedeiro em relação ao patógeno.

Quanto mais cedo a planta reconhece o ataque invasor, mais cedo ocorre sua capacidade de desencadear mecanismos de defesa, que podem levar a expressão de características de resistência, podendo atrasar a mortalidade das mudas inoculadas (Schwan-Estrada, Stangarlin & Pascholati, 2008).

Tabela 2 - Valores médios para período de incubação, tempo médio de vida e porcentagem de área lesionada de 52 acessos de mamoeiro inoculados com *Phytophthora palmivora* aos 23 dias após a inoculação¹.

Genótipos	Período de incubação (dias)	Tempo médio de vida (dias)
CMF132	5,666 b	23,000 a
CMF024	4,666 b	22,000 a
CMF015	7,333 a	21,000 a
CMF017	6,000 a	21,000 a
CMF078	7,666 a	21,000 a
CMF026	5,000 b	20,333 b
CMF115	6,333 a	20,333 b
CMF123	7,000 a	20,000 b
CMF133	7,000 a	20,000 b
CMF131	8,000 a	19,667 b
CMF130	7,000 a	19,000 b
CMF165	5,666 b	19,000 b
CMF075	6,333 a	18,000 b
CMF154	5,666 b	17,667 c
CMF090	6,000 a	17,333 c
CMF139	5,333 b	17,333 c
CMF152	5,333 b	17,333 c
CMF011	5,666 b	17,000 c
CMF050	4,333 b	17,000 c
CMF070	5,000 b	17,000 c
CMF142	5,666 b	17,000 c
CMF251	5,000 b	17,000 c
CMF108	6,000 a	16,667 c
CMF256	7,333 a	16,667 c
L78XL60	5,000 b	16,667 c
CMF207	6,000 a	16,333 c
CMF233	4,333 b	16,333 c

Continuação		
GOLDEN	5,666 b	16,333 c
CMF004	4,666 b	16,000 c
CMF044	4,666 b	16,000 c
CMF065	7,000 a	16,000 c
CMF082	5,000 b	16,000 c
CMF150	5,000 b	16,000 c
L78XL84	5,000 b	16,000 c
CMF087	5,333 b	15,333 c
CMF023	7,000 a	15,000 c
CMF145	6,333 a	15,000 c
CMF006	5,333 b	14,667 d
CMF184	5,333 b	14,667 d
CMF232	4,666 b	14,667 d
SUNRISE	6,000 a	14,667 d
CMF002	4,666 b	14,333 d
TAINUNG	5,000 b	14,000 d
CMF128	5,666 b	13,667 d
CMF005	5,000 b	13,333 d
BS2000	4,333 b	13,333 d
CMF252	4,666 b	13,333 d
RUBI	4,333 b	13,000 d
CMF246	4,000 b	12,333 e
L78XL83	4,666 b	12,333 e
CMFL78	4,000 b	11,667 e
THB	4,000 b	10,000 e
QM	3,049	23,481
CV (%)	19,04	7,86

Por meio da escala de notas foi possível estimar a severidade e traçar a curva de progresso da doença, bem como obter os valores

que correspondem à área abaixo da curva (AACPD), por meio do cálculo do índice de doença (Figura 1). A AACPD tem sido utilizada

por vários pesquisadores para classificar genótipos com resistência parcial à doenças importantes, a exemplo da ferrugem asiática da soja (Santos et al., 2007 & Juliatti et al., 2019). Os autores destacam que por meio dessa variável é possível um melhor entendimento sobre a doença, permitindo-se estabelecer medidas de controle, de modo a reduzir o progresso da doença e aumentar o período latente, contribuindo para menor reprodução do patógeno. Outra vantagem é que a AACPD pode auxiliar em melhores tomadas de decisão em programas de melhoramento genético. Em se tratando de resistência, a seleção de genótipos promissores é realizada no sentido negativo, logo, quanto menor valor de AACPD, maior a resistência do indivíduo.

De acordo com a análise de agrupamento, houve a formação de quatro grupos conforme os diferentes níveis de resistência (Figura 2). Os genótipos foram classificados em altamente suscetível (Grupo 4), suscetível (Grupo 3), moderadamente suscetível (Grupo 2) e moderadamente resistente (Grupo 1). Dos 52 genótipos avaliados, 17 foram considerados como moderadamente resistentes à podridão do pé por apresentarem os menores valores de AACPD (1212,5 a 1475,01). Esse grupo foi composto pelos genótipos CMF015, CMF133, CMF131, CMF024, CMF026, CMF078, CMF115, CMF023, Sunrise, CMF075, CMF251, CMF050, CMF132, CMF123, CMF165, CMF017 e CMF154.

A maioria dos genótipos (29) foi alocada no grupo 2, classificado como moderadamente suscetível à podridão do pé (AACPD entre 1500 a 1774,98). O grupo 3, formado pela cultivar Rubi, pelos acessos CMF005, CMF246 e pelo híbrido L78XL83, foi classificado como suscetível, pois apresentaram valores para AACPD de 1849,98 a 1950. A cultivar THB e a linhagem CMFL78 foram classificados como altamente suscetíveis por apresentarem os maiores valores para AACPD dentre todos os materiais genéticos avaliados, correspondentes a 2201,64 e 2100,03, respectivamente.

Conforme descrito por Sobreira et al. (2010), a AACPD considera basicamente o ciclo de desenvolvimento do patógeno na planta, portanto, são considerados mais resistentes os genótipos com menor AACPD, pois, o patógeno manifestou-se tardiamente e/ou apresentou evolução lenta no hospedeiro em estudo, havendo relação direta com o período de incubação. Dessa forma, um menor período de incubação está diretamente ligado a uma maior

curva de progresso da doença e a um menor tempo médio de vida da planta, representados por uma maior suscetibilidade do hospedeiro ao patógeno inoculado, o que foi evidenciado nos acessos CMFL78, CMF005 e CMF246, no híbrido L78XL83 e nas cultivares THB e Rubi, classificados como suscetíveis e altamente suscetíveis.

O método de agrupamento UPGMA permite o estabelecimento dos grupos de forma que exista mais diferenças entre grupos e semelhanças dentro do grupo (Cruz & Carneiro, 2003). Os genótipos THB e CMF, por exemplo, permaneceram em grupos diferentes, altamente suscetível e moderadamente resistente, respectivamente, o que pode ser confirmado pela existência de diferenças fenotípicas relacionadas aos dados de severidade. Deste modo, a análise de divergência genética em bancos de germoplasma mostra eficiência na seleção de genitores divergentes, visando desenvolver novos híbridos de mamoeiro resistentes (Lucena & Dantas, 2015).

Entre os mecanismos físicos de resistência à podridão do pé podem ser citadas características morfológicas da raiz, como deposição de lenho e espessura da epiderme, como respostas à infecção (Tavares et al., 2009). Mesmo se tratando de um único patossistema, existe diferenças fisiológicas na defesa entre os genótipos. Conforme relatado por Xu et al. (2011), à medida que a planta cresce, a lignificação dos tecidos, a deposição de lenho e aumento da espessura da epiderme conferem uma maior resistência natural à infecção pelo patógeno, pois atua como barreira física impedindo a degradação das células hospedeiras pelas enzimas do agente patogênico.

A resistência pode ocorrer também por meio de mecanismos bioquímicos que ocorrem em células e tecidos da planta, que pela produção de substâncias que são tóxicas para o patógeno e criam condições que inibem o desenvolvimento da doença na planta (Agris, 2005). No caso do mamoeiro estes compostos incluem principalmente o próprio látex, a papaína, bem como fitoalexinas e outros compostos fenólicos que atuam como agentes de defesa (Gumtow et al., 2018). De acordo com estes autores, tais substâncias podem ser produzidas por células sadias adjacentes ao local danificado, e por células necrosadas, que se acumulam ao redor de tecidos necróticos de plantas resistentes ou suscetíveis.

Figura 1 - Área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) de 52 acessos de mamoeiro inoculados com *Phytophthora palmivora*

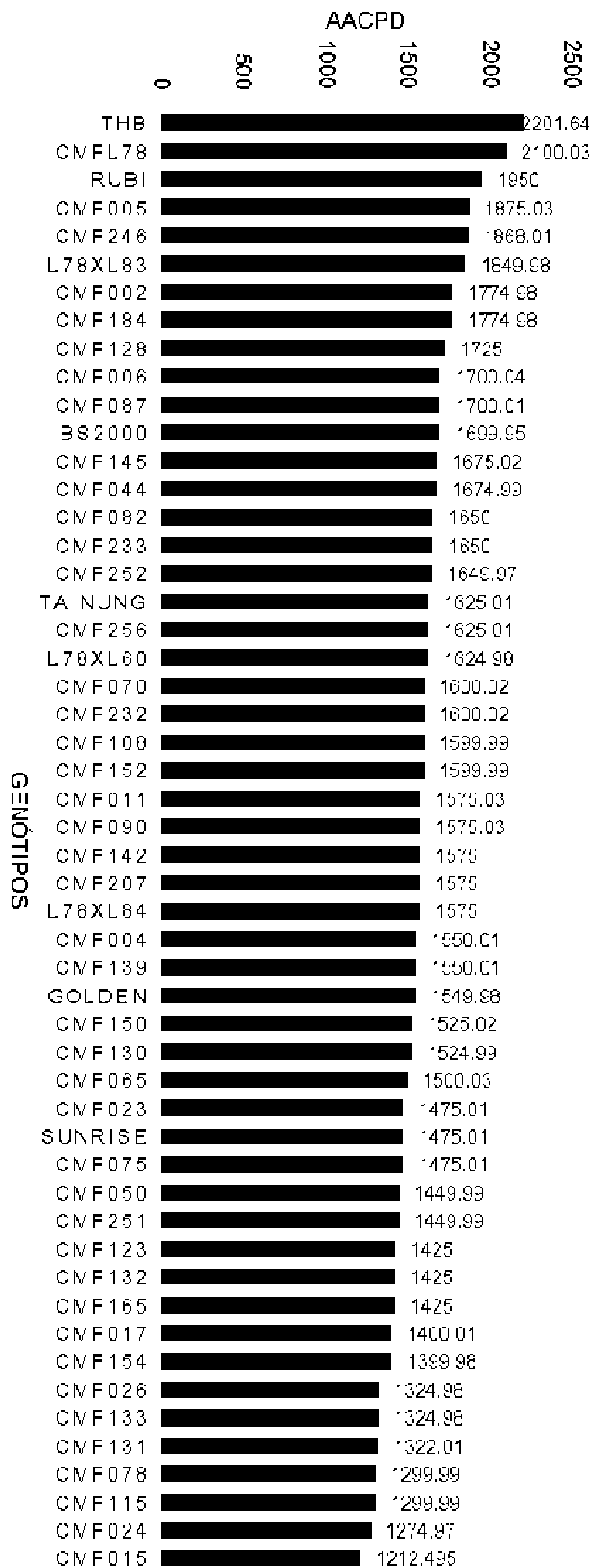
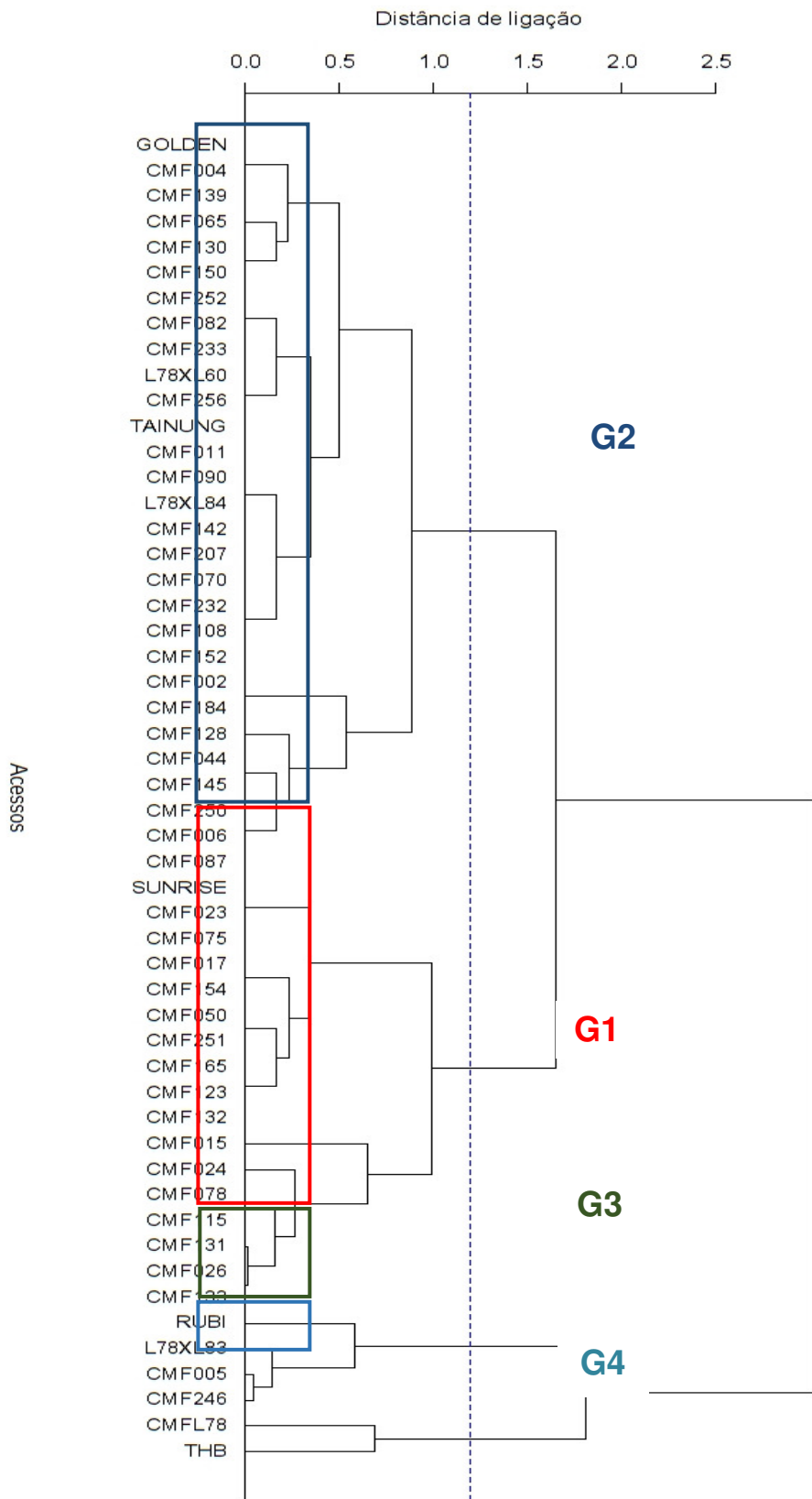


Figura 2 - Análise de agrupamento (UPGMA) de 52 genótipos de mamoeiro (*Carica papaya* L.), inoculados com *Phytophthora palmivora*, em função dos valores de Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD).



O que pode ter ocorrido para os genótipos menos suscetíveis deste trabalho, foi a presença dessas substâncias em concentrações suficientes para diminuir o crescimento e infecção do patógeno se comparada à de genótipos altamente suscetíveis. Isso devido ao fato de que a maioria das fitoalexinas são tóxicas à diversos organismos fitopatogênicos, assim como foi verificado nos trabalhos de Dianese et al. (2009) e Dianese et al. (2007) com a aplicação de fosfitos, no qual se observou um estímulo à produção e acúmulo de fitoalexinas em mamoeiro, que por sua vez reduziu os índices de infecção pela doença.

Conclusões

Há variabilidade genética quanto à resistência a *P. palmivora* no germoplasma avaliado, contudo, nenhum genótipo apresenta resistência total ao patógeno.

Dos 52 genótipos avaliados, 17 foram considerados como moderadamente resistentes e podem subsidiar futuros trabalhos de resistência à podridão do pé do mamoeiro.

Referências

- Agrios, G. N. (2005). *Plant pathology* (5th ed., 922p). San Diego: Academic Press.
- Bergamin Filho, A., & Amorim, L. (2002). Doenças com período de incubação variável em função da fenologia do hospedeiro. *Fitopatologia Brasileira*, 27 (6), 561-565. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-41582002000600001>
- Burbano-Figueroa, Ó. (2020). Resistencia de plantas a patógenos: una revisión sobre los conceptos de resistencia vertical y horizontal. *Revista argentina de microbiología*, 52 (3), 245-255. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ram.2020.04.006>
- Carella, P., et al. (2018). *Phytophthora palmivora* establishes tissue-specific intracellular infection structures in the earliest divergent land plant lineage. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 115 (16), E3846-E3855. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.171790011>
- Charrad, M., et al. (2014). NbClust: An R Package for Determining the Relevant Number of Clusters in a Data Set. *Journal of Statistical Software*, 61(6), 1–36. DOI: <https://doi.org/10.18637/jss.v061.i06>
- Cosmi, F. C., et al. (2017). Análise epidemiológica da evolução temporal da meleira do mamoeiro. *Summa Phytopathologica*, 43 (4), 303-309. DOI: <https://doi.org/10.1590/0100-5405/169330>
- Cruz, C. D., & Carneiro, P. C. S. (2003). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas*. Viçosa, MG: UFV.
- Dianese, A. C., et al. (2007). Redução da podridão do pé (*Phytophthora palmivora*) do mamoeiro (*Carica papaya*) por fosfitos. *Fitopatologia Brasileira*, 32 (6), 166-166. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-41582007000200014>
- Dianese, A. D. C., et al. (2009). Aplicação de fosfito de potássio, cálcio ou magnésio para a redução da podridão-do-pé do mamoeiro em casa de vegetação. *Ciência Rural*, 39 (8), 2309-2314. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782009000800006>
- Dianese, A. D. C., Blum, L. E. B., & Mello, S. C. M. (2012). *Uso de Trichoderma spp. para o manejo da podridão-do-pé-do-mamoeiro causada por Phytophthora palmivora Butler* (Boletim de pesquisa e desenvolvimento, n. 308, 18f). Brasília, DF: Embrapa Cerrados
- Faria, A. R. N., et al. (2009). *A cultura do mamão* (Coleção plantar mamão, 3. rev. ampl.). Cruz das Almas, Ba: Embrapa Mandioca e Fruticultura.
- Tropical Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2023). *The agricultural production*. Recuperado de <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>.
- Fuechtbauer, W., et al. (2018). LYS 12 LysM Receptor decelerates *Phytophthora palmivora* disease progression in Lotus japonicus. *The Plant Journal*, 93 (2), 297-310. DOI: 10.1111/tpj.13785
- Foundation for Statistical Computing. (2019). *R Core Team: A language and environment for statistical computing* [Programa de computador]

(Version 3.0. 2). Vienna, Austria: Foundation for Statistical Computing. URL: <https://www.R-project.org/>.

Gumtow, R., et al. (2018). A *Phytophthora palmivora* extracellular cystatin-like protease inhibitor targets papain to contribute to virulence on papaya. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 31(3), 363-373. DOI: 10.1094/MPMI-06-17-0131-FI.

Juliatti, F. C., et al. (2019). Caracterização de genótipos de soja com resistência parcial à ferrugem da soja. *Summa Phytopathologica*, 45 (3), 313-319.

Lucena, R. S., & Dantas, J. L. L. (2015). Divergência genética por meio de caracteres morfoagronômicos e de qualidade de frutos de linhagens e híbridos de mamoeiro. *Magistra*, 27 (1), 101-109

Madden, L. V., Hughes, G., & Van Den Bosch, F. (2007). *The study of plant disease epidemics* (No. 632.3 M33). St. Paul, MN: American Phytopathological Society.

Mosqueda-Vazquez, R., Aragaki, M., & Nakasone, H. Y. (1981). Screening of *Carica papaya* L. seedlings for resistance to root rot caused by *Phytophthora palmivora* Butl. 1. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 106 (4), 484-487. DOI: <https://doi.org/10.21273/JASHS.106.4.484>

Nchet, K. D. L., & Halfeld-Vieira, B. A. (2011). Efeito do inóculo, período de molhamento foliar e do estágio fenológico do feijão-caupi no desenvolvimento da mela. *Tropical Plant Pathology*, 36 (2), 104-109. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1982-56762011000200006>

Oliveira, A. A. R., Dantas, J. L. L., Ramos, J. B., & de Moura Luz, E. (2014). Avaliação de genótipos de mamoeiro para resistência à *Phytophthora palmivora*. *Textura*, 7 (13), 10-14.

Rezende, J. A. M., & Fancelli, M. L. (2016). Doenças do Mamoeiro. In: Amorim, L., Rezende, J. A. M., Bergamin Filho, A., & Camargo L. E. A. *Manual de Fitopatologia* (Vol. 2: Doenças de plantas cultivadas, 5. Ed., pp 453-457). São Paulo: Agronômicas Ceres.

Santos, T. R., & Luz, E. D. (2011). Avaliação de métodos, concentrações de inóculo e idade das plântulas para inoculação de *Phytophthora palmivora* em mamoeiro. *Tropical Plant Pathology*, 36 (6), 383-389.

Santos Filho, H. P., & Oliveira, A. A. R. (2021). Doenças causadas por fungos, oomicetos e bactérias. In: Oliveira, A. M. G., & Meissner Filho, P.E. *A cultura do mamoeiro*. Brasília, DF: Embrapa, 426p.

Santos, J. A., et al. (2007). Caracteres epidemiológicos e uso da análise de agrupamento para resistência parcial à ferrugem da soja. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 42 (3), 443-447. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2007000300019>

Schwan-Estrada, K. R. F., Stangarlin, J. R., & Pascholati, S. F. (2008). Mecanismos bioquímicos de defesa vegetal. In: Pascholati, S.F., et al. (Ed.). *Interação planta patógeno: fisiologia, bioquímica e biologia molecular* (pp. 227-248). Piracicaba: FEALQ.

Sobreira, F. M., et al. (2010). Resistência à requeima (*Phytophthora infestans*) entre genótipos de tomateiro tipo salada e tipo cereja. *Magistra*, Cruz das Almas, 22 (1), 28-34.

Tavares, G. M., et al. (2009). Indução de resistência do mamoeiro à podridão radicular por indutores bióticos e abióticos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44 (11), 1416-1423.

Torres, G. A., et al. (2016). Bud rot caused by *Phytophthora palmivora*: a destructive emerging disease of oil palm. *Phytopathology*, 106 (4), 320-329. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-09-15-0243-RVW>

Vasconcellos, M. A. S., et al. (2021). Implantação da cultura e práticas culturais. In: Oliveira, A. M. & Meissner Filho, P. E (Ed.). *A cultura do mamoeiro* (426p). Brasília, DF: Embrapa.

Venturini, M. T. (2012). *Avaliação de acessos de mamoeiro para resistência a Phytophthora palmivora e Corynespora cassiicola e controle biológico da podridão-do-pé*. (113f). Dissertação de Mestrado, Universidade Estadual de Santa Cruz, Itabuna, BA, Brasil.

Vivas, M., et al. (2015). Resistance to multiple foliar diseases in papaya genotypes in Brazil. *Crop Protection*, 71, 138-143. DOI:10.1016/j.cropro.2015.02.007

Xu, B., et al (2011). Silencing of 4 - coumarate: coenzyme A ligase in switchgrass leads to reduced lignin content and improved fermentable sugar yields for biofuel production. *New phytologist*, 192 (3), 611-625. DOI: 10.1111/j.1469-8137.2011.03830.x. Epub 2011 Jul 25.

Aceito em: 07/07/2023
Publicado em: 20/07/2023