



Análise espacial como ferramenta para seleção de famílias de tomateiro resistentes a requeima

¹João Paulo Araújo Rocha, ²Carlos Nick Gomes, ³Herika Paula Pessoa, ¹Luan Del Rey Silva Melo,
¹Mirelle Oliveira Braz, ⁴Mariane Gonçalves Ferreira Copati

¹Discente de graduação em agronomia – UFV, E-mail: joao.rocha4@ufv.br; luan.melo@ufv.br; mirelle.braz@ufv.br; ²Professor Adjunto do Departamento de Agronomia-UFV, E-mail: carlos.nick@ufv.br; ³Doutoranda em Fitotecnia-UFV, E-mail: herikapaulapessoa@gmail.com; ⁴Pós Doutoranda em Fitotecnia-UFV, E-mail: marianegonferreira@gmail.com

Ciências Agrárias – Agronomia - Pesquisa

Palavras chave: *Solanum lycopersicum*, *Phytophthora infestans*, testemunhas intercalares

Introdução

Dentre as principais doenças do tomateiro, a requeima, causada por *Phytophthora infestans* é a mais destrutível. Nas primeiras etapas de programas de melhoramento para resistência a doenças, é avaliado grandes números de famílias, o que resulta em dificuldades experimentais. Nesse contexto, o delineamento em blocos intercalares se torna uma boa alternativa. Nessa situação, a utilização da metodologia de análise espacial permite a realização de uma predição mais acurada dos valores genotípicos das famílias.

Objetivos

Definir o melhor modelo para seleção das famílias de tomateiro resistentes a requeima utilizando a metodologia de análise espacial.

Material e Métodos

- O experimento foi conduzido na Universidade Federal de Viçosa, foram conduzidas 200 famílias endogâmicas $F_{3,4}$ provindas da autofecundação da cultivar Iron Lady (Figura1);
- O delineamento utilizado foi em blocos com testemunhas intercalares;
- As parcelas foram constituídas de cinco plantas, sendo úteis as três centrais;
- Como testemunha suscetível foi utilizado a cultivar Santa Clara e como testemunhas resistentes as linhagens NC1 CELBR e NC 25P;
- As plantas foram inoculadas no campo e posteriormente foi realizada avaliações da severidade da doença (Figura 2);
- Nove modelos estatísticos foram ajustados, a fim de determinar o mais adequado para a predição dos valores genotípicos das famílias de tomateiro resistentes a requeima;
- A seleção do modelo mais adequado foi baseada nos critério de informação de Akaike (AIC), critério de informação Bayesiano (BIC) e pelo teste de razão de verossimilhança (LRT).

Figura1:



Figura2:



Resultados e Discussão

- O modelo 1, apresentou os maiores valores AIC e BIC em comparação aos valores dos demais modelos
- De acordo com os valores de AIB, BIC e as significâncias dos testes o modelo 8 é o mais apropriado .

Tabela 1: Modelos utilizados seguidos pelos critérios de escolha de modelos de Akaike (AIC) e Schwarz (BIC) e significância dos parâmetros dos modelos (LRT).

Modelos	Nº de parâmetros	AIC	BIC	LogREM L	LRT*				
					$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_{spt\ lin}^2$	$\hat{\sigma}_{spt\ col}^2$	$\hat{\sigma}_\eta^2$	$\hat{\sigma}_\xi^2$
Mod 1	2	5215,24	5217,12	-2605,62	-	-	-	-	-
Mod 2	4	5052,02	5055,77	-2522,01	74,67**	-	-	-	167,23**
Mod 3	5	5047,78	5052,48	-2518,89	13,50**	-	-	6,23*	178,18**
Mod 4	5	5051,46	5056,15	-2520,73	39,53**	-	2,56 ^{ns}	-	150,50**
Mod 5	5	5046,40	5051,10	-2518,2	80,51**	7,61**	-	-	144,05**
Mod 6	6	5043,95	5049,58	-2515,97	7,37**	5,84*	-	4,46	155,07**
Mod 7	6	5049,13	5054,77	-2518,57	14,15**	-	0,65 ^{ns}	4,33 ^{ns}	164,92**
Mod 8	6	5045,05	5050,68	-2516,52	37,68**	8,41**	3,36 ^{ns}	-	125,48**
Mod 9	7	5044,63	5051,20	-2515,31	8,70**	6,51*	1,32 ^{ns}	2,42 ^{ns}	141,28**

Conclusões

De acordo com os valores de AIB, BIC e as significâncias dos testes o modelo 8 é o mais apropriado para a seleção de famílias de tomateiro resistentes a requeima. A análise espacial melhora o processo seletivo de famílias de tomateiro resistentes a requeima.

Agradecimentos

