UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO SEMI-ÁRIDO
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO FITOTECNIA
MESTRADO EM FITOTECNIA

FRANCISMÁRIA FREITAS DE LIMA

METODOLOGIA REML/BLUP NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MELOEIRO INOCULADOS COM *Meloidogyne incognita* E *Meloidogyne javanica*

MOSSORÓ-RN
2025

FRANCISMÁRIA FREITAS DE LIMA

METODOLOGIA REML/BLUP NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MELOEIRO INOCULADOS COM *Meloidogyne incognita* E *Meloidogyne javanica.*

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Semi-Árido como requisito para obtenção do título de Mestra em Fitotecnia.

Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético

Orientador: Prof. Dr. Glauber Henrique de Sousa Nunes
Coorientadora: Profa. Drª. Edicleide Macedo da Silva
Coorientadora: Profa. Drª. Lindomar Maria da Silveira

MOSSORÓ-RN

2025

© Todos os direitos estão reservados a Universidade Federal Rural do Semi-Árido. O conteúdo desta obra é de inteira responsabilidade do (a) autor (a), sendo o mesmo, passível de sanções administrativas ou penais, caso sejam infringidas as leis que regulamentam a Propriedade Intelectual, respectivamente, Patentes: Lei n° 9.279/1996 e Direitos Autorais: Lei n° 9.610/1998. O conteúdo desta obra tomar-se-á de domínio público após a data de defesa e homologação da sua respectiva ata. A mesma poderá servir de base literária para novas pesquisas, desde que a obra e seu (a) respectivo (a) autor (a) sejam devidamente citados e mencionados os seus créditos bibliográficos.

L732m Lima, Francismária Freitas de.
METODOLOGIA REML/BLUP NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MELOEIRO INOCULADOS COM Meloidogyne incognita E Meloidogyne javanica / Francismária Freitas de Lima. - 2025.
48 f. : il.

Orientador: Glauber Henrique de Sousa Nunes.
Coorientadora: Edicleide Macedo da Silva.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural do Semi-árido, Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, 2025.

1. Cucumis melo L.. 2. Nematoide-de-galhas. 3. Controle genético. I. Nunes, Glauber Henrique de Sousa, orient. II. Silva, Edicleide Macedo da, co-orient. III. Título.

Ficha catalográfica elaborada por sistema gerador automáto em conformidade com AACR2 e os dados fornecidos pelo) autor(a).
Biblioteca Campus Mossoró / Setor de Informação e Referência
Bibliotecária: Keina Cristina Santos Sousa e Silva
CRB: 15/120

O serviço de Geração Automática de Ficha Catalográfica para Trabalhos de Conclusão de Curso (TCC´s) foi desenvolvido pelo Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação da Universidade de São Paulo (USP) e gentilmente cedido para o Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (SISBI-UFERSA), sendo customizado pela Superintendência de Tecnologia da Informação e Comunicação (SUTIC) sob orientação dos bibliotecários da instituição para ser adaptado às necessidades dos alunos dos Cursos de Graduação e Programas de Pós-Graduação da Universidade.

FRANCISMÁRIA FREITAS DE LIMA

METODOLOGIA REML/BLUP NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE MELOEIRO INOCULADOS COM *Meloidogyne incognita E Meloidogyne javanica*

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Semi-Árido como requisito para obtenção do título de Mestra em Fitotecnia.

Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético

Defendida em: 17 / 02 / 2025 .

BANCA EXAMINADORA

Documento assinado digitalmente
gov.br GLAUBER HENRIQUE DE SOUSA NUNES
Data: 11/03/2025 14:08:32-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

Prof. Dr. Glauber Henrique de Sousa Nunes (UFERSA)
Presidente

Documento assinado digitalmente
gov.br EDICLEIDE MACEDO DA SILVA
Data: 19/02/2025 09:59:20-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

Prof. Drª. Edicleide Macedo da Silva (UFERSA)
Membro Examinador

Documento assinado digitalmente
gov.br MARCIA MICHELLE DE QUEIROZ AMBROSIO
Data: 20/02/2025 09:57:39-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

Prof. Drª. Márcia Michelle de Queiroz Ambrosio (UFERSA)
Membro Examinador

Documento assinado digitalmente
gov.br PEDRO LUIZ MARTINS SOARES
Data: 24/02/2025 14:32:47-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

Prof. Dr. Pedro Luiz Martins Soares (UNESP)
Membro Examinador

Documento assinado digitalmente
gov.br RAFAELLE FAZZI GOMES
Data: 24/02/2025 15:01:40-0300
Verifique em https://validar.iti.gov.br

Prof. Drª. Rafaelle Fazzi Gomes (UFRA)
Membro Examinador

AGRADECIMENTOS

A Deus, dono de toda a ciência, por nunca me desamparar e me mostrar todos os dias que sigo guiada por Ele em todos os caminhos que percorro.

À Universidade Federal Rural do Semi-Árido, pela disponibilidade de estrutura para a realização da pesquisa.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudo.

Ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, pela oportunidade de cursar o mestrado.

Aos meus pais, Maria Helena e Francisco, por todos os ensinamentos que me tornaram a mulher que sou hoje, e por nunca medirem esforços para cuidar da nossa família.

À minha irmã, Malueline Freitas, por ser amiga e motivadora dos meus sonhos.

À minha sobrinha, Ana Vitória, por estar comigo independentemente da distância e mostrar que o amor ultrapassa qualquer barreira.

A Dalbert Freitas, pelo amor e cuidado de todos os momentos, por acreditar em mim até mesmo quando eu desacreditei e por sempre me dar forças para continuar.

Aos meus tios, Evausto Freitas e Elmira Galindo, que foram incentivadores da minha jornada acadêmica desde criança.

Aos meus colegas do Grupo de Estudos em Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal (GERMEV), por todo o apoio na execução da pesquisa e pelo convívio diário: Adriano, Anderson, Bruno, Camila, Cesar, Cintya, David, Eduardo, Geovanna, Luiz, Nynyve, Paulo e Sara.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Glauber Nunes, por todos os ensinamentos ao longo de todo o mestrado, pela paciência e pelo apoio frequente.

Às minhas coorientadoras, Prof. Drª. Edicleide Silva e Prof. Drª. Lindomar Silveira, por serem grandes referências femininas no Melhoramento de Plantas, por todos os ensinamentos compartilhados e por todo apoio.

Ao Prof. Dr. José Torres Filho, pela oportunidade de realizar o estágio docência na disciplina de Melhoramento Vegetal e por todos os conhecimentos compartilhados.

Aos grandes amigos que fiz durante essa trajetória, que dividiram momentos além da Universidade e da pesquisa, tornando os dias mais leves: Nynyve, Benedito, César, Geovanna, Cintya e Eduardo.

Às minhas amigas de longa data, que vibram comigo em cada conquista e torcem sempre pelo meu sucesso: Leyenne, Kellen, Estéfany, Damiana, Gabriella e Daniela.

Aos membros da banca, Prof. Drª. Márcia Michelle, Prof. Dr. Pedro Soares e Prof. Drª. Rafaelle Fazzi, pela disponibilidade e por todas as contribuições para a melhoria do trabalho.

A todos os que não foram citados, mas que contribuíram e vibraram nessa fase junto comigo, muito obrigada!

“Até aqui nos ajudou o Senhor.”

(1 Samuel 7:12)

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Genótipos de meloeiro (*Cucumis melo* L.) inoculados com *Meloidogyne incognita* e *M. javanica*. 22
Tabela 2. Componentes de variância e estimativas de parâmetros genéticos para resistência a *Meloidogyne incognita* e *M. javanica* em 41 genótipos de melão (*Cucumis melo* L.)..... 27
Tabela 3. Valores genotípicos médios para resistência a *Meloidogyne incognita* em 41 acessos de melão (*Cucumis melo* L.)..... 28
Tabela 4. Valores genotípicos médios para resistência a *Meloidogyne javanica* em 41 acessos de melão (*Cucumis melo* L.)..... 29
Tabela 5. Componentes de variância e estimativas de parâmetros genéticos para resistência a *Meloidogyne incognita* e *M. javanica* em dez genótipos de melão (*Cucumis melo* L.)..... 31
Tabela 6. Valores genotípicos médios para resistência a *Meloidogyne incognita* e *M. javanica* em dez acessos de melão (*Cucumis melo* L.)..... 32

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Valores médios, máximos e mínimos de temperatura do ar (°C), umidade relativa do ar máxima (%) da casa de vegetação nos ensaios de triagem, *M. incognita* (A) e *M. javanica* (B). 21
Figura 2. Valores médios, máximos e mínimos de temperatura do ar (°C), umidade relativa do ar máxima (%) da casa de vegetação nos ensaios de confirmação da resistência. 24
Figura 3. Frequência absoluta de classes da reação em 41 acessos de melão, inoculados com *Meloidogyne incognita* (A) e *M. javanica* (B)..... 30
Figura 4. Correlação entre o número total de ovos e diferentes estágios de desenvolvimento e o peso da raiz (g) observada em 41 acessos de melão inoculados com *Meloidogyne incognita* (Mi) e *M. javanica* (Mj)..... 30
Figura 5. Acessos resistentes a *Meloidogyne incognita*: AC-09 (A) e AC-18 (B); Acessos resistentes a *M. javanica*: AC-18 (B) e C-82 (C). 33
Figura 6. Frequência absoluta de classes da reação em dez acessos de melão, inoculados com *Meloidogyne incognita* (A) e *M. javanica* (B)..... 33
Figura 7. Raízes avaliadas nos ensaios III (A) e IV (B), inoculadas com nematoide-de-galhas. 34
Figura 8. Correlação entre o número total de ovos e diferentes estágios de desenvolvimento e o peso da raiz (g) observada em dez acessos de melão inoculados com *Meloidogyne incognita* (MI) e *M. javanica* (MJ). 35

SUMÁRIO

RESUMO **10**
ABSTRACT **11**
1 INTRODUÇÃO **12**
2 REFERENCIAL TEÓRICO **14**
2.1 ORIGEM E IMPORTÂNCIA SOCIOECONÔMICA DO MELOEIRO 14
2.2 MEDIDAS DE MANEJO DE *Meloidogyne* spp. 15
2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO VISANDO À RESISTÊNCIA A *Meloidogyne* spp..... 18
2.4 METODOLOGIA REML/BLUP 19
3 MATERIAL E MÉTODOS **21**
3.1 ENSAIOS DE TRIAGEM (ENSAIOS I E II)..... 21
3.2 ENSAIOS DE CONFIRMAÇÃO DE RESISTÊNCIA (ENSAIOS III E IV) 24
3.3 CONDUÇÃO EXPERIMENTAL..... 25
3.4 AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA 26
3.5 ANÁLISES ESTATÍSTICAS 26
4 RESULTADOS **27**
4.1 ENSAIOS DE TRIAGEM (ENSAIOS I E II)..... 27
4.2 ENSAIOS PARA CONFIRMAÇÃO DE RESISTÊNCIA (ENSAIOS III E IV)..... 31
5 DISCUSSÃO **36**
6 CONCLUSÕES **39**
REFERÊNCIAS **40**

RESUMO

O meloeiro é uma das principais hortaliças cultivadas no Brasil, com expressiva produção na região Nordeste, sendo a fruta fresca mais exportada. A cultura sofre interferência de alguns estresses bióticos, dentre os quais a ocorrência de nematoides tem se destacado. *Meloidogyne* spp. é considerado um dos mais importantes devido à sua ampla gama de hospedeiros, podendo causar perdas de até 100% na produção. Portanto, é indispensável o desenvolvimento de pesquisas cujo objetivo inicial seja a identificação de fontes de resistência. A utilização dos parâmetros genéticos em programas de melhoramento permite que o melhorista faça inferências sobre os efeitos envolvidos nas características avaliadas, além de auxiliar na definição do melhor método para transferência de caracteres de interesse. Diante disso, o objetivo deste estudo foi identificar acessos de meloeiro resistentes a *Meloidogyne incognita* e *M. javanica* e estimar parâmetros genéticos utilizando a metodologia REML/BLUP. Para isso, foram conduzidos quatro ensaios em delineamento inteiramente casualizado, sendo dois para *M. incognita* e dois para *M. javanica*. Nos dois primeiros ensaios, foram avaliados 41 acessos de meloeiro com dez repetições. Dos acessos avaliados, nove acessos classificados como resistentes para as duas espécies e um acesso resistente a *M. incognita* foram submetidos a uma nova avaliação (ensaios três e quatro). Foram avaliados o peso da raiz (PR), número total de ovos e diferentes estágios de desenvolvimento (NTODE) e fator de reprodução (FR). Os parâmetros genéticos foram estimados pela metodologia REML/BLUP por meio do modelo 83 do *software* Selegen. Nos primeiros ensaios, 71% e 26,8% dos genótipos avaliados foram considerados resistentes para *M. incognita* e *M. javanica*, respectivamente, por apresentarem média genotípica de FR < 1. Nos ensaios de reavaliação de resistência, cinco genótipos (AC-09, AC-18, AC-41, AC-42 e AC-51) se mantiveram resistentes a *M. incognita*, ao passo que apenas dois (AC-18 e C-82) apresentaram resistência a *M. javanica*. Para as características avaliadas em todos os ensaios, a variância ambiental foi superior à variância genética. A herdabilidade variou entre intermediária e baixa, e a acurácia foi considerada moderada. O coeficiente de variação ambiental foi superior ao coeficiente de variação genética. A correlação entre NTODE e PR apresentou significância apenas para o primeiro ensaio de *M. javanica*. Diante do exposto, o acesso AC-18 apresentou resistência múltipla às espécies de nematoide, sendo um genótipo promissor para o programa de melhoramento do meloeiro. Para *M. incognita*, cinco acessos foram considerados resistentes: AC-09, AC-18, AC-41, AC-42 e AC-51. Para *M. javanica*, dois (AC-18 e C-82) se mantiveram resistentes, sendo promissores. A variável NTODE não deve ser substituída pelo PR quando o objetivo é selecionar genótipos resistentes a *M. incognita* e *M. javanica*.

Palavras-Chave: *Cucumis melo* L. Nematoide-de-galhas. Controle genético.

ABSTRACT

Melon is one of the most important vegetable crops grown in Brazil, with significant production in the Northeast region, and it is the most exported fresh fruit from the country. The crop is affected by some biotic stresses, among which nematode infestation stands out. *Meloidogyne* spp. is considered one of the most significant due to its broad host range, which can cause losses of up to 100% in production. Therefore, it is essential to conduct research aimed at identifying sources of resistence. Using genetic parameters in breeding programs enables breeders to infer the effects associated with the evaluated traits, in addition to helping to define the best method for transferring characters of interest. Therefore, the objective of this study was to identify melon accessions resistant to *Meloidogyne incognita* and *M. javanica* and to estimate genetic parameters using the REML/BLUP methodology. For this purpose, four trials were conducted in a completely randomized design, two for *M. incognita* and two for *M. javanica*. In the first two trials, 41 melon accessions were evaluated with 10 replicates. Of the accessions evaluated, nine accessions that were classified as resistant to both species and one accession resistant to *M. incognita* were subjected to a new evaluation (trials three and four). Root weight (RP), total number of eggs and different stages of development (NTODE) and reproduction factor (RF) were evaluated. The genetic parameters were estimated by the REML/BLUP methodology through model 83 of the Selegen software. In the first trials, 71% and 26.8% of the genotypes evaluated were considered resistant to *M. incognita* and *M. javanica*, respectively, due to their genotypic mean FR < 1. In the resistance reevaluation trials, five genotypes (AC-09, AC-18, AC-41, AC-42 and AC-51) remained resistant to *M. incognita*, while only two (AC-18 and C-82) showed resistance to *M. javanica*. For the traits evaluated in all trials, the environmental variance was higher than the genetic variance. Heritability ranged from intermediate to low and accuracy was considered moderate. The environmental coefficient of variation was higher than the genetic coefficient of variation. The correlation between NTODE and PR was significant only for the first *M. javanica* trial. Based on these findings, the AC-18 accession exhibited multiple resistance to nematode species, being a promising genotype for the melon breeding program. For *M.incognita*, five accessions (AC-09, AC-18, AC-41, AC-42, and AC-51) were considered resistant. For *M. javanica*, two accessions (AC-18 and C-82) remained resistant, showing promise. The NTODE variable should not be replaced by PR when the objective is to select genotypes resistant to *M. incognita* and *M. javanica*.

Keywords: *Cucumis melo* L. Root-knot nematode. Genetic control.

1 INTRODUÇÃO

O melão, pertencente à família das Cucurbitáceas, é uma hortaliça de alto valor comercial, sendo importante para todo o mundo. A China é o maior produtor dessa fruta fresca, tendo ultrapassado 14 milhões de toneladas em 2023, ano em que o Brasil ocupou a quinta posição, com uma produção de mais de 862 mil toneladas (FAOSTAST, 2024).

A região do Nordeste é a maior produtora do país, tendo produzido em 2023, segundo o IBGE, 845.422 toneladas, sendo 98,03% de toda a produção nacional. Isso ocorre porque as condições ambientais são ideias para o cultivo, como baixas precipitações pluviométricas (300 a 800 mm) e altas temperaturas (25 a 35 °C) (Carvalho *et al*., 2017).

Nessa região, o cultivo ocorre de forma intensiva durante praticamente todo o ano. Em razão disso, aparecem doenças de plantas, as quais podem causar perdas significativas à produção, prejudicando a qualidade e comercialização. Dentre os patógenos que atacam a cultura do meloeiro, os nematoides-de-galhas são considerados um dos principais (Ito *et al*., 2014; Afzal e Mukhtar., 2024; Yang *et al*., 2024).

Meloidogyne incognita e *M. javanica* foram identificados em plantios comerciais de melão do tipo amarelo nos municípios de Mossoró e Assú, no Rio Grande do Norte, com densidades populacionais de 5.000 J2/100 cm^3 de solo (Moura, Pedrosa e Guimarães, 2002). Por apresentar ampla gama de hospedeiros, esses nematoides podem causar perdas de mais de US$ 157 bilhões a cada ano em todo o mundo (Wang *et al*., 2024).

As espécies de nematoides apresentam variabilidade genética e morfológica, dificultando sua identificação correta e, consequentemente, o controle (Mondal *et al*., 2024); além disso, para a cultura do meloeiro não existem nematicidas químicos registados no Ministério de Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) para *M. javanica* (Agrofit, 2025). Dessa forma, a resistência genética tem se tornado uma solução, na medida em que, além de ser uma estratégia ambientalmente viável, reduz o crescimento populacional e apresenta alta relação custo-benefício (Exposito *et al*., 2019). Porém, atualmente não existem cultivares comerciais de melão apresentando resistência aos nematoides-de-galhas (Silva *et al*., 2022).

Identificar fontes de resistência e entender o controle genético por meio de estudos de parâmetros genéticos são ações fundamentais em programas de melhoramento de plantas (Oliveira *et al*., 2015). Para isso, metodologias de modelos mistos têm sido utilizadas, pois resultam em um processo de seleção de maior precisão. Esses modelos

permitem estimativas dos componentes de variância, por meio do método da máxima verossimilhança restrita (REML), e uma predição dos valores genotípicos, por meio da melhor predição linear não enviesada (BLUP) (Resende, 2016; Ribeiro *et al*., 2019; Chimello *et al*., 2021; Barbiero *et al*., 2024). Dessa forma, o objetivo deste estudo foi identificar acessos de meloeiro resistentes a *Meloidogyne incognita* e *M. javanica* e estimar parâmetros genéticos utilizando a metodologia REML/BLUP.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 ORIGEM E IMPORTÂNCIA SOCIOECONÔMICA DO MELOEIRO

O melão (*Cucumis melo* L.) faz parte da família *Cucurbitaceae*, a qual inclui diversas culturas de importância econômica como melancia, abóbora e pepino (Manchali *et al*., 2021). Comercializado como fruta fresca, é rico em propriedades nutritivas e medicinais, pois contém polifenóis, ácidos orgânicos, ligninas e outros compostos benéficos à saúde (Mallek-Ayadi, 2017). Além disso, pode ser utilizado no tratamento de doenças cardiovasculares, apresenta efeitos antioxidantes e anti-inflamatórios e potencial inibitório da urease (Malhotra & Rani, 1978; Vouldoukis *et al*., 2004; Milind & Kulwant, 2011).

Essa hortaliça é difundida em todo o mundo, principalmente em países de clima temperado. Sua origem não foi totalmente identificada, mas, como várias espécies silvestres de Cucumis apareceram na África, esse é tido como o centro de origem (Kesh e Kaushik, 2021). Podem ser considerados alguns centros secundários de diversidade, como a Índia, Iran, Sudeste da Rússia e China (Fontes e Puiatti, 2021).

Atualmente conhece-se a classificação interespecífica de *C. melo* que inclui duas subespécies, sendo elas subsp. *melo*, caracterizadas por pelos longos e espalhados no ovário e no fruto jovem, e subsp. *agrestis*, que apresenta pelos curtos e comprimidos (Kirkbride, 1993). Pitrat (2008) dividiu a subsp. *melo* em dez grupos (*cantalupensis*, *reticulatus, adana, chandalak, ameri, inodorus, chate, flexuosus, dudaim* e *tibish*) e a subsp. agresti em cinco (*momordica, conomon, chinensis, makuwa* e *acidulus*).

No entanto, Pitrat (2016) sugeriu modificações na classificação interespecífica; segundo o autor, as duas subespécies que levavam em consideração a pubescência do ovário nem sempre são pertinentes, pois variações são encontradas dentro dos grupos. Dessa forma, o autor sugeriu que fosse necessário utilizar somente o nível de grupo, e em casos específicos de subgrupos. Foram definidos 19 grupos botânicos: *agrestis, kachri, chito, tibish, acidulus, momordica, conomon, makuwa, chinensis, flexuosus, chate, dudaim, chandalak, indicus, ameri, cassaba, ibericus, inodorus, cantalupensis*.

Os grupos *cantalupensis* e *inodorus* apresentam maior interesse comercial (Fontes e Puiatti, 2021). O grupo *cantalupensis* apresentam frutos com forma rendonda a ovalada, levemente rendilhados, casca com cor branca, verde-clara ou verde-escura, polpa de cor laranja (em alguns casos verde), aromático e vida de prateleira de curta a média. O grupo *inodorus* apresentam frutos com forma arredondada, com ou sem rendilhamento,

casca espessa, polpa verde-clara, maturação tardia e vida de prateleira longa, não aromáticos (Barbosa, 2021).

O Brasil apresenta condições adequadas de cultivo desta hortaliça, com condições geográficas, edáficas e climáticas favoráveis para o desenvolvimento da cultura, como baixas precipitações pluviométricas (300 a 800 mm) e altas temperaturas (25 a 35 °C) (Medeiros *et al*., 2015; Carvalho *et al*., 2017). No ano de 2023, o País ocupou a quinta posição no ranking de produção mundial com mais de 862 mil toneladas (FAOSTAT, 2024).

A região Nordeste é a maior produtora do país, produzindo mais de 845 mil toneladas e sendo responsável por 98,03% de toda a produção nacional. O Rio Grande do Norte foi o maior produtor da região (604.566 t), seguido pela Bahia (85.341 t) e Ceará (65.887 t) (IBGE, 2023). O melão é a segunda fruta fresca mais exportada pelo Brasil, tendo exportado em 2024 mais de 243,5 mil toneladas, tendo o Nordeste como o maior responsável dessa exportação (99,57%). A fruta é exportada principalmente para os Países Baixos, Espanha e Reino Unido (ABAFRUTAS, 2024; AGROSTAT, 2024).

No Agropolo Mossoró/Assú, o plantio de melão ocorre, principalmente, entre julho e janeiro, quando as condições climáticas são favoráveis ao crescimento e desenvolvimento da cultura. O cultivo no período chuvoso apresenta grandes desafios para os produtores da região, em razão de diversos problemas fitossanitários que acometem a cultura. Ainda assim, algumas estratégias são levadas em consideração com o intuito de reduzir os problemas do plantio no período chuvoso, visando a obter maiores valores na entressafra do melão (Câmara *et al*., 2007). Esse cultivo intensivo tem favorecido o aumento significativo de infestações das áreas produtoras por fitopatógenos de solo, dentre os quais nematoides do gênero *Meloidogyne* spp. são considerados um dos principais (Ito *et al*., 2014).

2.2 MEDIDAS DE MANEJO DE *Meloidogyne* spp.

Nematoide-de-galhas (*Meloidogyne* spp) são vermes microscópicos e fitoparasitas que atacam o sistema radicular de plantas hospedeiras, sendo considerados os nematoides de maior importância econômica. Nesse gênero, foi descrito um total de 105 espécies capazes de parasitar ampla faixa de hospedeiros (Jones *et al*., 2013; Ralmi, 2016; Swaruparani; Shanmugam, 2024).

Esses nematoides são capazes de infectar mais de 5.500 hospedeiros, podendo causar perdas de mais de US$ 157 bilhões a cada ano em todo o mundo. Além disso, a

infecção por nematoides-de-galhas pode favorecer a ocorrência de outros patógenos transmitidos pelo solo, ampliando as perdas (Wang *et al*., 2024; Wu *et al*., 2024).

Meloidogyne spp. são endoparasitas sedentários, que necessitam da infecção de uma planta hospedeira para completar seu ciclo de vida (Singh; Phulera, 2015). A forma infectante desse fitopatógeno é o juvenil de segundo estágio (J2), que penetra as raízes por meio da introdução do estilete, migra entre as células para o ápice da raiz e depois para o cilindro vascular. Os sítios de alimentação são estabelecidos, o estágio J2 torna-se imóvel e passa por três ecdises até atingir a fase adulta (Ralmi *et al*., 2016). Na fase adulta, as fêmeas apresentam formato de pera ou cabaça, permanecem sedentárias e depositam seus ovos em uma massa gelatinosa, podendo se localizar dentro ou na superfície da raiz, ao passo que os machos apresentam formato filiforme e migram para o interior das raízes (Hunt e Handoo, 2012; Hama *et al*., 2024).

As fêmeas podem produzir em média de 400 a 500 ovos, os quais irão eclodir no estágio J2 e novamente ocorrerá a infecção das raízes de plantas. O ciclo de vida começa com a fase de ovo, passando por quatro fases de juvenis (J1, J2, J3 e J4) e a fase adulta, totalizando seis estágios fenológicos, durando em média 21 dias, podendo ser acelerado ou reduzido à medida que ocorre alteração da temperatura do solo (Van Der Eycken *et al*., 1996; Tihohod, 2000; Arieira *et al*., 2008; Ibrahim *et al*., 2019).

Após o estabelecimento do sítio de alimentação, localizado nas células nutridoras, é iniciado o processo de hiperplasia (aumento de quantidade) e hipertrofia (aumento de tamanho) dos tecidos da raiz, ao redor do corpo do nematoide, formando, assim, as conhecidas galhas (Freitas *et al*., 2012; Ferraz e Brown, 2016).

A formação de galhas no sistema radicular das plantas hospedeiras é o principal sintoma da presença desses nematoides. Essas galhas dificultam a absorção de água e nutrientes, causando sintomas secundários na parte aérea, podendo ser confundidos com os apresentados por deficiência nutricional. Além disso, as plantas apresentam crescimento lento e atrofiado, causando a presença de reboleiras em áreas com a presença do patógeno. Quando encontradas altas densidades populacionais, as plantas podem apresentar murcha em horários mais quentes do dia (Fullana *et al*., 2024; Habteweld *et al*., 2024).

Meloidogyne spp. abrange um total de 105 espécies; quatro delas são consideradas as principais que causam perdas economicamente significativas: *M. arenaria*, *M. hapla*, *M. incognita* e *M. javanica*, sendo as duas últimas mais frequentes em áreas de plantio de hortaliças (Charchar 1999; Swaruparani; Shanmugam, 2024).

Dentre as espécies de ocorrência no Nordeste Brasileiro, *Meloidogyne incognita* foi identificada em cultivos comerciais de melão em áreas irrigadas do Ceará (Santos *et al*., 2000). No Rio Grande do Norte, maior produtor dessa hortaliça, Lima *et al*. (1995) evidenciaram que perdas causadas por nematoides na região do Baixo-Assú podem chegar a 100%. Moura *et al*. (2002) relataram populações de 5.000 J2/100 cm^3 de solo de *M. incognita* e *M. javanica* em áreas comerciais de melão do tipo amarelo nos municípios de Mossoró e Assú.

A variabilidade genética e morfológica das espécies desse nematoide (Mondal *et al*, 2024), associadas à diagnose tardia dessa doença, tem dificultado o controle desse patógeno, visto que apresentam ampla gama de hospedeiros e podem persistir no solo por muitos anos. Estratégias de manejo direcionadas e precisas, como o controle químico, controle biológico, praticas culturais e utilização de variedades resistentes, auxiliam na redução das densidades populacionais e, consequentemente, nas perdas econômicas para as culturas (Afzal; Mukhtar, 2024).

O uso de nematicidas químicos é uma prática generalizada entre os produtores, uma vez que apresenta rápidos resultados, estabilidade e altos benefícios econômicos (Yang *et al*., 2024). Esse método de controle inibe a eclosão dos ovos e o desenvolvimento dos estágios de desenvolvimento dos nematoides e, consequentemente, a penetração no hospedeiro (Subedi *et al*., 2020). Existem dois tipos principais de nematicidas: os fumigantes e os não fumigantes. O primeiro tipo é caracterizado pela ação de forma repelente na exaustão de gás, muitas vezes utilizados no tratamento de sementes. E os não fumigantes são utilizados principalmente em sulcos de plantio. Porém, apesar do sucesso na redução das populações de nematoides, os produtos químicos são de alto custo, aumentando o valor total da produção, além de possuírem alta toxicidade, durabilidade residual no solo e amplo risco para organismos benéficos do solo (Cardoso, 2020).

Considerando os impactos ambientais causados pelos nematicidas químicos, tem-se buscado formas alternativas de controle, como a utilização de microrganismos (Benedetti *et al*., 2021). O controle biológico de nematoides pode ser conceituado como a ação de um ou mais organismos, na redução da população de nematoides ou na capacidade destes em causar danos às plantas, podendo acontecer naturalmente ou por meio de aplicações (Baker; Cook, 1974). Dentre os microrganismos capazes de infectar e reduzir populações de nematoides-de-galhas, são estudados principalmente as bactérias (Abdel Razek e Yaseen, 2020; Bui *et al*., 2020; Liu *et al*., 2020) e os fungos (Patil *et al*., 2021; Naz *et al*., 2021; Khan *et al*., 2024), mostrando grande potencial da utilização dessa

alternativa em plantios comerciais de diversas culturas.

Outra alternativa no manejo de nematoides é o controle cultural, que compreende um manejo que relaciona as práticas ao ciclo de vida da cultura, visando a reduzir a densidade populacional do patógeno (Silva, 2022). Dentre as práticas utilizadas nesse tipo de controle, tem-se: rotação de culturas, utilização de plantas antagonistas, incorporação de matéria orgânica ao solo, solarização, pousio, inundação, dentre outros (Alves, 2020; Ferreira *et al*., 2021; Azlay *et al*., 2023). Apesar de ser uma forma bastante utilizada, são encontradas algumas limitações, pois esses nematoides apresentam ampla gama de hospedeiros e pode ocorrer mais de uma espécie em uma área (Xiang *et al*., 2018).

O controle genético, por meio da utilização de cultivares resistentes, é considerado um método eficaz, ambientalmente e economicamente viável (Verdejo-Lucas e Talavera, 2019). Em plantas com o gene de resistência, não há desenvolvimento do sítio de alimentação, pois pode ocorrer necrose nos tecidos ou uma resposta de hipersensibilidade (HR) no local inicial do sítio de alimentação ou próximo a ele (Ralmi *et al*., 2016). Nematoides que não conseguem realizar o estabelecimento de sítios de alimentação abandonam as raízes ou morrem (Milligan *et al*., 1998). No entanto, há dificuldade na obtenção de cultivares resistentes a esse patógeno, pois existe variabilidade genética e morfológica entre as espécies (Mondal *et al*., 2024). Além disso, o controle genético para essa característica foi identificado como poligênico em meloeiro para *M. incognita* (Cândido *et al*., 2017), tornando difícil o processo de transferência desses genes para cultivares elites utilizando o melhoramento clássico (Silva, 2021).

2.3 MELHORAMENTO GENÉTICO VISANDO RESISTÊNCIA A *Meloidogyne* spp.

A resistência a doenças tem sido um dos principais objetivos dos programas de melhoramento da maioria das espécies de interesse agronômico. Para o desenvolvimento de cultivares resistentes, são necessários habilidades e conhecimentos específicos em diversas áreas, além da realização do trabalho por uma equipe multidisciplinar, com cooperação entre melhoristas e fitopatologistas (Borém *et al*., 2021).

O primeiro passo em programas de melhoramento é a identificação de variabilidade genética e, consequentemente, de genes de resistência, que posteriormente poderão ser introduzidos em genótipos comerciais. Esse processo pode demorar vários anos, sendo importante a colaboração de pesquisadores e agricultores (Afzal; Mukhtar,

2024). Pesquisas visando à identificação de fontes de resistência à *Meloidogyne* spp. têm ganhado destaque em diversas culturas.

Silva *et al*. (2022) testaram 13 genótipos de melão, buscando resistência a três espécies de Meloidogyne: *M. incognita*, *M. javanica* e *M. enterolobii*. Dentre os genótipos avaliados, AC-09, PI157082 e 'Ouro' foram considerados resistentes às três espécies estudadas, apresentando grande potencial em programas de melhoramento da cultura do meloeiro.

Galatti *et al*. (2013) avaliaram 16 genótipos da família *Cucurbitaceae* quanto à resistência a *Meloidogyne incognita*. Foram observados cinco genótipos resistentes, sendo um genótipo de *Luffa cylindrica*, dois de abóbora, um de melão e um de melancia, sendo promissores para utilização em programas de melhoramento de cucurbitáceas.

Oliveira *et al*. (2009) avaliaram a resistência a *Meloidogyne incognita* em treze porta-enxertos de pimenta, sendo nove de *Capsicum chinense*, três de *C. annuum* e um de C. frutescens. Os porta-enxertos de *C. annum* (A-3, Snooker e Linhagem 13) e *C. frutescens* (Pimenta-malagueta) foram considerados resistentes à espécie avaliada.

Fatobene *et al*. (2017) estudaram a resistência a *Meloidogyne paranaensis* em 1046 plantas derivadas de 71 cafeeiros selvagens, demonstrando o potencial de 47 plantas consideradas resistentes.

Além da disponibilidade de fontes de resistência, outras características são consideradas importantes dentro de um processo de melhoramento, como a precisão dos métodos utilizados, objetivando a definição das melhores estratégias futuras dentro de um programa de melhoramento (Silva *et al*., 2014; Gomes, 2017).

Após a identificação correta de fontes de resistência, esses resultados podem ser disponibilizados para programas de melhoramento genético, podendo ser utilizados em trabalhos visando à definição do melhor método para transferência dos genes de resistência para cultivares elites, além de estudos visando à compatibilidade de enxertia (Silva, 2021).

2.4 METODOLOGIA REML/BLUP

As estimativas de parâmetros genéticos são fundamentais em estudos de melhoramento genético, pois identificam os efeitos envolvidos nas características estudadas, como os efeitos causados pelo ambiente, a herdabilidade e os coeficientes de variação genética e ambiental. Dessa forma, a abordagem de modelo misto da Máxima

Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear Não Viesada (REML/BLUP) surgiu como ferramenta em avaliações genéticas e processos de seleção (Andrade; Machado, 2015; Santos 2018; Barbiero, 2024).

Os modelos mistos são aqueles que apresentam, ao mesmo tempo, os fatores fixos e aleatórios, além da média e do erro, diferentemente dos comumente utilizados modelos lineares, que podem ser fixos ou aleatórios, apresentando a média considerada fixa e o erro considerado aleatório (Vencovsky e Barriga, 1992; Fritsche-Neto *et al*., 2010).

O método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) foi proposto por Patterson e Thompson (1971). Suas principais vantagens são: a estimação dos parâmetros genéticos de maneira imparcial, consideração da covariância genética entre as observações e a ponderação dos genótipos com números variáveis de informações (Silva, 2016). O destaque desse método se deve às suas ótimas propriedades no avanço de estudos que apresentaram baixa precisão quando utilizada a análise de variância (ANOVA) (Duarte, 2010). Utilizando o método REML, é possível obter as reais estimativas dos componentes de variância necessárias à aplicação do BLUP (Resende, 2007; Resende, 2016).

O método BLUP (Melhor Predição Linear Não Viesada) foi proposto por Henderson (1975) a fim de predizer os efeitos aleatórios, ajustando os dados aos efeitos fixos e ao número distinto de informações por meio dos modelos mistos (Silva, 2016). O BLUP minimiza o erro da predição, ocorrendo predição não viciada dos valores genéticos (Resende, 2004). Com base nisso, é possível realizar a estimativa futura da média dos genótipos para determinada característica (Resende; Duarte, 2007).

A utilização da metodologia REML/BLUP tem auxiliado em várias pesquisas na área de melhoramento genético de plantas, em frutíferas (Santos *et al*., 2015; Lima; Silva *et al*., 2017; Almeida *et al*., 2019), culturas anuais (Santos *et al*., 2016; Gomes *et al*., 2018; Gonçalves *et al*., 2020), culturas perenes (Rodrigues *et al*., 2017; Capistrano *et al*., 2020). Além disso, tem ganhado destaque no auxílio da seleção de genótipos resistentes a algumas doenças (Olivera *et al*., 2017; Graça *et al*., 2020; Araújo *et al*., 2024) e especificamente aos nematoides-de-galhas (Rezende *et al*., 2017; Ribeiro *et al*., 2019; Santos *et al*., 2021; Silva *et al*., 2022).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 ENSAIOS DE TRIAGEM (ENSAIOS I E II)

Foram conduzidos dois ensaios, isolados, em casa de vegetação (5º 12’ 20” S 37º 19’ 14” W, altitude média de 21 m) da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró, Rio Grande do Norte, Brasil, sendo o primeiro para *Meloidogyne incognita* de 30 de junho a quatro de setembro de 2023 e o segundo para *M. javanica* de 25 de outubro de 2023 a 30 de dezembro de 2023.

Os dados meteorológicos foram obtidos por meio de Termo-higrômetro Minipa Digital MT-242A e estão dispostos na Figura 1. Para o ensaio de *M. incognita*, a temperatura média do ar foi de 32,5 °C, com máxima de 37,7 °C e mínima de 23,45 °C, e a umidade relativa do ar máxima foi de 86%. No ensaio para *M. javanica*, a temperatura média do ar foi de 32,7 °C, com máxima de 40,4 °C e mínima de 24,9 °C, e a umidade relativa do ar máxima foi de 85%.

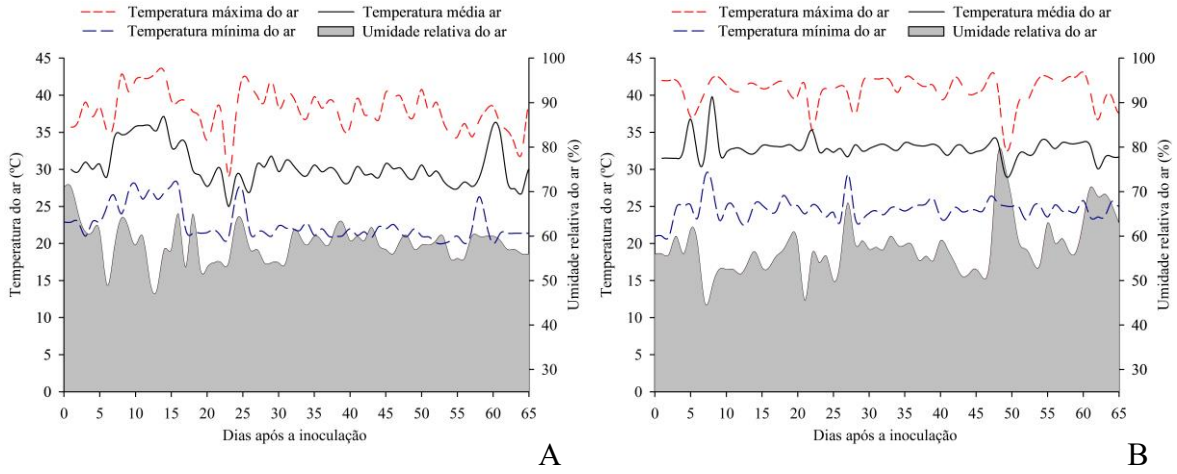


Figura 1. Valores médios, máximos e mínimos de temperatura do ar (°C), umidade relativa do ar máxima (%) da casa de vegetação os ensaios de triagem, *M. incognita* (A) e *M. javanica* (B).

Foram avaliados 41 genótipos de meloeiro (Tabela 1), de diferentes grupos botânicos, provenientes da coleção de germoplasma da UFERSA quanto à resistência a *Meloidogyne incognita* e *M. javanica*.

Tabela 1. Genótipos de meloeiro (*Cucumis melo* L.) inoculados com *Meloidogyne incognita* e *M. javanica*.

GENÓTIPO	ORIGEM	GRUPO BOTÂNICO	GENÓTIPO	ORIGEM	GRUPO BOTÂNICO
AC-02	Brasil	*momordica*	AC-50	Brasil	*momordica*
AC-04	Brasil	*momordica*	AC-51	Brasil	*momordica*
AC-07	Brasil	*momordica*	AC-52	Brasil	*momordica*
AC-08	Brasil	*momordica*	AC-53	Brasil	*momordica*
AC-09	Brasil	*momordica*	AM55	Índia	*acidulus*
AC-10	Brasil	*momordica*	C-04	Espanha	*cantalupensis*
AC-16	Brasil	*acidulus*	C-14	Gana	*agrestis*
AC-17	Brasil	*momordica*	C-18	Espanha	*cantalupensis*
AC-18	Brasil	*momordica*	C-22	Índia	*chito*
AC-19	Brasil	*momordica*	C-27	Itália	*chinensis*
AC-25	Brasil	*momordica*	C-30	Japão	*makuwa*
AC-27	Brasil	*momordica*	C-32	Coreia do Sul	*conomon*
AC-29	Brasil	*momordica*	C-82	Espanha	*inodorus*
AC-32	Brasil	*momordica*	C-91	África	*tibish*
AC-36	Brasil	*momordica*	ÍTALO	Brasil	*momordica*
AC-39	Brasil	*momordica*	PI124111	Índia	*momordica*
AC-41	Brasil	*momordica*	PI124112	Índia	*momordica*
AC-42	Brasil	*momordica*	PI313970	Índia	*acidulus*
AC-43	Brasil	*momordica*	PI414723	Índia	*momordica*
AC-44	Brasil	*momordica*	VENDRANTAIS	França	*reticulatus*
AC-45	Brasil	*momordica*			

Os grupos botânicos atuais foram definidos por Pitrat (2016). Os estudados no presente trabalho estão apresentados a seguir.

Grupo *momordica*: apresenta frutos com tamanhos pequenos a médios, podendo ser ovais ou alongados, cor uniforme ou com manchas/listas, sem rendilhamento, frutos racham na maturidade fisiológica, polpa verde-clara (podendo apresentar algumas brancas ou levemente alaranjadas), baixo teor de açúcar, sem aroma, maturação precoce e vida de prateleira muito curta.

Grupo *acidulus*: são pequenos, com formas ovais ou elípticas, cor da casca amarela, sem rendilhamento, baixo teor de açúcar, sem aroma e vida de prateleira longa.

Grupo *cantalupensis*: tem seus frutos com tamanhos médios, podendo ser redondos a ovalados, levemente rendilhados, casca de cor branca a verde-clara ou verde-escura, cor da polpa laranja (em alguns casos podendo ser verdes), alto teor de açúcar, aromático e vida de prateleira de curta a média.

Grupo *agrestis*: apresentam frutos muito pequenos, redondos, ovais ou elípticos, cor da casca verde claro ou com manchas/faixas verde-escuras, polpa verde-clara, baixo teor de açúcar, sem aroma e vida de prateleira longa.

Grupo *chito*: frutos muito pequenos, redondos ou ovais, casca amarela, polpa verde-clara, sem açúcar, sem aroma e vida de prateleira longa.

Grupo *chinensis*: frutos médios, formato piriforme, sem rendilhamento, casca verde-claro com manchas verde-escuras, baixo teor de açúcar, sem aroma, maturação tardia, vida longa de prateleira.

Grupo *makuwa*: apresenta frutos com tamanho médio, formato oval, sem rendilhamento, polpa verde (podendo ser branca ou laranja), teor médio de açúcar, maturação precoce e baixa vida de prateleira.

Grupo *conomon*: tem frutos ovais ou alongados, casca verde-claro ou branca (podendo ser em alguns casos verde-escuro), sem rendilhamento, polpa verde-clara ou branca, baixo teor de açúcar, sem aroma, vida longa de prateleira.

Grupo *tibish*: são frutos pequenos, com forma elíptica ou piriforme, casca verde-claro com listras ou manchas verde escuras ou, ao contrário, sem rendilhamentos, polpa verde-clara, baixo teor de açúcar, sem aroma e vida longa de prateleira.

Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado, com dez repetições. A unidade experimental foi composta por um vaso de dois litros com uma planta. Para verificar a viabilidade do inóculo nos experimentos, foi utilizada a cultivar ‘Santa Cruz-47’ de quiabo e a cultivar ‘Santa Cruz Kada’ de tomate como padrões de suscetibilidade e como padrão de resistência a *Crotalaria spectabilis*.

Os inóculos das espécies de nematoides foram cedidos pelo Lab Nema (Laboratório de Nematologia), Departamento de Fitossanidade, da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV) da Universidade Estadual Paulista (Unesp), Campus de Jaboticabal, São Paulo, Brasil e mantidas em plantas de tomate ‘Santa Cruz Kada’ e quiabeiro ‘Santa Cruz-47’ em casa de vegetação da UFERSA.

O inóculo de *M. incognita* Raça 3 foi coletado de plantas de algodoeiro na cidade de Barreiras, Bahia. O inóculo de *M. javanica* foi coletado de plantas de quiabeiro na cidade de Piacatu, São Paulo. Foram utilizados esses inóculos em virtude da alta virulência do patógeno, observada em trabalhos anteriores realizados pelo Lab Nema. A identificação das espécies foi realizada no Lab Nema, utilizando como base os caracteres morfológicos da configuração perineal (Taylor; Netscher, 1974), na morfologia da região labial dos machos (Eisenback, 1981) e no fenótipo isoenzimático de esterase (Esbenshade; Triantaphyllou, 1990).

A suspensão do inóculo foi ajustada, sendo inoculados 5.000 ovos e juvenis de segundo estágio de desenvolvimento (J2) em cada planta, consistindo na população inicial

(PI). As plantas foram inoculadas no momento do transplantio com o auxílio de uma pipeta automática.

3.2 ENSAIOS DE CONFIRMAÇÃO DE RESISTÊNCIA (ENSAIOS III E IV)

Após os resultados dos primeiros ensaios, dez acessos foram reavaliados para a confirmação da resistência, sendo eles: AC-09, AC-18, AC-19, AC-41, AC-42, AC-51, C-14, C-82, PI124111 e PI124112.

Foram conduzidos dois ensaios, isolados, simultaneamente, em casa de vegetação (5º 12’ 20” S 37º 19’ 14” W, altitude média de 21 m) da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró, Rio Grande do Norte, Brasil, sendo um para *Meloidogyne incognita* e outro para *M. javanica*, entre de 21 de maio de 2024 a 26 de julho de 2024.

Os dados meteorológicos foram obtidos por meio de Termo-higrômetro Minipa Digital MT-242A e estão dispostos na Figura 2. A temperatura média do ar foi de 30,5 °C, com máxima de 39 °C e mínima de 21,9 °C e a umidade relativa máxima do ar foi de 87%.

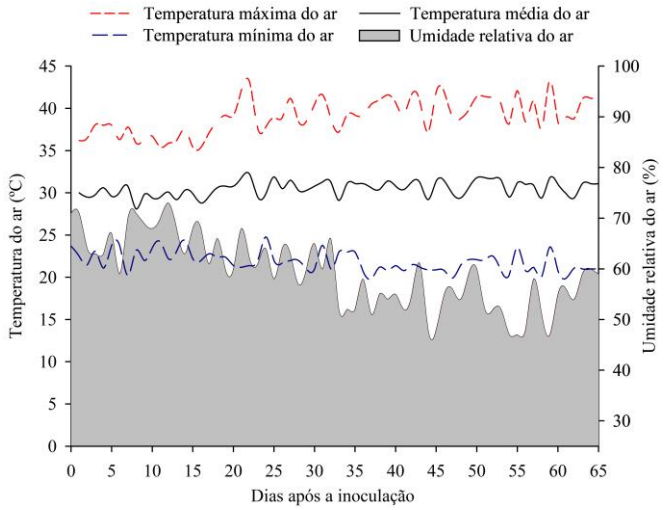


Figura 2. Valores médios, máximos e mínimos de temperatura do ar (°C), umidade relativa do ar máxima (%) da casa de vegetação nos ensaios de confirmação da resistência.

Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado, com nove repetições. A unidade experimental foi composta por um vaso de dois litros com uma planta. Para verificar a viabilidade do inóculo nos experimentos, foi utilizada a cultivar ‘Santa Cruz-47’ de quiabo e a cultivar ‘Santa Cruz Kada’ de tomate como padrões de suscetibilidade e como padrão de resistência a *Crotalaria spectabilis*.

Para esses ensaios, os inóculos de *M. incognita* e *M. javanica* foram provenientes

de plantas de tomateiro ‘Santa Cruz Kada’ e quiabeiro ‘Santa Cruz-47’, utilizadas como fontes de manutenção desses nematoides, na UFERSA.

Em virtude da dificuldade na obtenção da população dos nematoides, a suspensão do inóculo foi ajustada, sendo inoculados 2.500 ovos e J2 em cada planta, consistindo da população inicial (PI) dos ensaios de confirmação de resistência. As plantas foram inoculadas 16 dias após o transplantio, para que houvesse melhor desenvolvimento das raízes, com o auxílio de uma pipeta automática.

3.3 CONDUÇÃO EXPERIMENTAL

As sementes foram semeadas em bandeja de poliestireno expandido com 200 células preenchida com substrato comercial Maxfértil® autoclavado por 60 min em 121°C e 1 atm. Após 15 dias da semeadura, as mudas foram transplantadas para vasos plásticos com capacidade de dois litros preenchidos com uma mistura de 2:1 (areia:esterco) previamente autoclavada a 121°C e 1 atm por 60 min.

Para todos os ensaios, as plantas foram retiradas 65 dias após a inoculação (DAI). As raízes foram retiradas dos vasos e desprendidas do solo cuidadosamente, em seguida foram lavadas, evitando o desprendimento de galhas e massa de ovos, foram pesadas em balança semi-analítica para obtenção da variável peso das raízes (PR) e posteriormente armazenadas em sacos plásticos devidamente identificados e mantidas em geladeira até o momento da extração.

A extração foi realizada conforme metodologia de Coolen e D’Herde (1972), na qual o sistema radicular foi processado em liquidificador por 30 segundos com hiploclorito de sódio (0,5 %). Posteriormente, a solução foi vertida em peneiras com malha de 60 e 500 mesh e obtida a amostra com os nematoides. As peneiras foram armazenadas em tubos falcon de 50 mL. Em seguida, a suspensão foi centrifugada com 1 cm^3 de caulim em cada tubo falcon por 5 min a 1750 rpm. O sobrenadante foi descartado e adicionada uma solução de sacarose (45%), centrifugada por 1 min a 1750 rpm. O sobrenadante foi vertido em uma peneira de 500 mesh e lavado em água corrente até retirar todo o resquício de sacarose. A suspensão foi armazenada em tubos falcon de 15 mL na geladeira em uma temperatura de 5 °C ± 2 °C.

3.4 AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA

Para avaliação da resistência das plantas, foi realizada contagem da suspensão com o auxílio de câmara de Peters em microscópio fotônico Opton com aumento de 10x, obtendo o número total de ovos e diferentes estágios de desenvolvimento (NTODE) e, consequentemente, a população final do nematoide nas raízes (PF). Foi determinado o fator de reprodução (FR) pela razão entre PF e PI (equação 1). Genótipos com FR ≥ 1 foram considerados suscetíveis e FR < 1 foram considerados resistentes (Oostenbrink, 1966).

$$FR = \frac{PF}{PI} \quad (1)$$

3.5 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

Os dados obtidos para todas as variáveis foram transformados utilizando o logaritmo natural e analisados usando o Modelo 83 do Selegen (Resende, 2016), que se refere à avaliação de um delineamento completamente casualizado, avaliado em apenas um local e uma colheita. O modelo estatístico utilizado foi:

$$y = Xu + Zg + e \quad (2)$$

Onde y é o vetor dos dados; u é o vetor escalar referente à média geral (efeito fixo); g é o vetor dos efeitos genotípicos, $g \sim N(0, Z\sigma_g^2)$, onde σ_g^2 é a variância genética; e é o vetor dos erros experimentais, $e \sim N(0, I\sigma_e^2)$, onde σ_e^2 é a variância experimental. As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os efeitos mencionados.

Os parâmetros genéticos foram estimados utilizando REML, e as médias genotípicas foram ajustadas e estimadas usando o procedimento BLUP. Os seguintes componentes de variância foram obtidos a partir do modelo: σ_g^2: variância genética; σ_e^2: variância experimental; σ_f^2: variância fenotípica individual; h^2_g: herdabilidade de parcelas individuais em sentido amplo, ou seja, a partir dos efeitos genotípicos totais; Ac: acurácia; CV_g%: coeficiente de variação genotípica; CV_e%: coeficiente de variação experimental; e a média geral do experimento.

Estimou-se a correlação de Pearson entre o número total de ovos e diferentes estágios de desenvolvimento (NTODE) e o peso da raiz (PR), buscando entender se é possível realizar a classificação de resistência somente pelo PR. A análise foi realizada utilizando o Programa R (Core Team R, 2024).

4 RESULTADOS

4.1 ENSAIOS DE TRIAGEM (ENSAIOS I E II)

As estimativas de variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$) foram superiores às de variância genética ($\hat{\sigma}_g^2$) (Tabela 2) para as três variáveis nos dois experimentos, evidenciando que a diferença entre os tratamentos foi influenciada pelo ambiente.

Os valores de herdabilidade (h^2_g) foram baixos para todas as características avaliadas (Tabela 2), variando entre 0,31 e 0,32 para *M. incognita* e de 0,08 a 0,30 para *M. javanica*.

A precisão dos ensaios foi considerada moderada, apresentando valor de acurácia de 0,67 para todas as características nas duas espécies de nematoides, com exceção do peso da raiz para *M. javanica*, que obteve valor de 0,55 (Tabela 2).

Tabela 2. Componentes de variância e estimativas de parâmetros genéticos para resistência a *Meloidogyne incognita* e *M. javanica* em 41 genótipos de melão (*Cucumis melo* L.).

Parâmetro	*Meloidogyne incognita*			*Meloidogyne javanica*		
	PR (g)	NTODE	FR	PR (g)	NTODE	FR
Devience	-617,65**	108,37^{ns}	108,24**	-366,07*	241,04**	240,93**
$\hat{\sigma}_g^2$	0,02	0,19	0,19	0,01	0,24	0,24
$\hat{\sigma}_e^2$	0,05	0,40	0,40	0,13	0,57	0,57
$\hat{\sigma}_f^2$	0,07	0,59	0,59	0,14	0,81	0,81
h^2_g	0,31 ± 0,08	0,32 ± 0,08	0,32 ± 0,08	0,08 ± 0,04	0,30 ± 0,08	0,30 ± 0,08
Ac_g	0,67	0,67	0,67	0,55	0,67	0,67
CV_g (%)	11,77	15,37	20,40	2,49	13,69	16,99
CV_e (%)	17,68	22,32	29,61	8,74	20,85	25,86
Média	1,32	2,84	2,14	4,14	3,61	2,91

Peso da raiz (PR); Número total de ovos e diferentes estágios de desenvolvimento (NTODE); Fator de reprodução (FR); variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$); variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$); variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$); herdabilidade genética (h^2_g); Acurácia (Ac_g); Coeficiente de variação genética (CV_g); Coeficiente de variação ambiental (CV_e); ^{ns} não significativo; * significativo a 5% de probabilidade; ** significativo a 1% de probabilidade.

As estimativas de coeficiente de variação genética (CV_g) foram menores do que as estimativas de coeficiente de variação ambiental (CV_e) para todas as características avaliadas nas duas espécies de nematoides. Para *M. incognita*, os valores de CV_g foram superiores aos observados em *M. javanica* (Tabela 2).

Os padrões utilizados se mantiveram como o proposto, sendo a crotalária o padrão de resistência, apresentando FR abaixo de 1, e os padrões de suscetibilidade, quiabo e tomate, que apresentaram FR acima de 1 (Tabela 3 e 4), indicando que os inóculos estavam viáveis, e as condições ambientais favoráveis para o desenvolvimento dos nematoides.

Genótipos que apresentem menores valores de NTODE e FR são preferíveis em programas de melhoramento, visto que reduziram a população do nematoide. No ensaio para *M. incognita*, 71% dos genótipos avaliados (31 acessos) foram considerados resistentes por apresentarem baixos valores de FR, dentre esses acessos o AC-42, AC-41 e o PI414723 exibiram menores médias genotípicas ($\mu + \hat{g}$) para FR (Tabela 3), sendo 0,02, 0,05 e 0,05, respectivamente; além disso, apresentaram valores reduzidos de NTODE (99,00, 240,25 e 268,29), ao passo que para PR o genótipo AM55 apresentou maior média genotípica (49,59 g) e PI124112 apresentou a menor (5,90 g).

Tabela 3. Valores genotípicos médios para resistência a *Meloidogyne incognita* em 41 acessos de melão (*Cucumis melo* L.).

ACESSOS	$\mu + \hat{g}$				ACESSOS	$\mu + \hat{g}$			
	PR (g)	NTODE	FR	R		PR (g)	NTODE	FR	R
AC-02	24,60	1109,75	0,22	R	AC-50	31,58	364,50	0,07	R
AC-04	47,61	18078,68	3,62	S	AC-51	31,76	828,10	0,17	R
AC-07	31,82	25077,22	5,02	S	AC-52	22,41	10987,40	2,20	S
AC-08	20,93	1421,11	0,28	R	AC-53	41,83	11814,50	2,36	S
AC-09	20,40	564,10	0,11	R	AM55	49,59	1673,83	0,33	R
AC-10	28,45	9292,10	1,86	S	C-04	27,85	2111,20	0,42	R
AC-16	21,75	268,40	0,05	R	C-14	20,63	582,00	0,12	R
AC-17	16,87	325,43	0,07	R	C-18	17,45	8580,35	1,72	S
AC-18	25,21	399,05	0,08	R	C-22	35,97	2342,89	0,47	R
AC-19	22,25	415,40	0,08	R	C-27	25,58	1685,10	0,34	R
AC-25	21,90	4235,45	0,85	R	C-30	18,00	4686,35	0,94	R
AC-27	29,00	5240,15	1,05	S	C-32	10,57	2526,30	0,51	R
AC-29	28,84	8295,17	1,66	S	C-82	17,11	2027,05	0,41	R
AC-32	34,09	3613,55	0,72	R	C-91	13,52	2735,35	0,55	R
AC-36	32,57	1497,30	0,30	R	ÍTALO	28,29	1763,00	0,35	R
AC-39	24,82	8378,00	1,68	S	PI124111	14,88	1177,75	0,24	R
AC-41	26,98	240,25	0,05	R	PI124112	5,90	681,22	0,14	R
AC-42	28,77	99,00	0,02	R	PI313970	19,78	819,10	0,16	R
AC-43	22,89	315,17	0,06	R	PI414723	18,22	268,29	0,05	R
AC-44	27,14	1481,78	0,30	R	VENDRANTAIS	23,83	11800,21	2,36	S
AC-45	25,94	543,00	0,11	R					
Crotalária	-	0,00	0,00	R					
Quiabo	-	129600,80	25,92	S					
Tomate	-	86293,70	17,26	S					

Peso da raiz (PR); Número total de ovos e diferentes estágios de desenvolvimento (NTODE); Fator de reprodução (FR).

Para *M. javanica*, 26,83% dos genótipos (11 acessos) foram considerados resistentes, apresentando FR abaixo de 1, as médias genotípicas ($\mu + \hat{g}$) dos acessos AC-18, PI124111 e PI124112 foram as menores (0,17, 0,25 e 0,33) para FR e, consequentemente, para NTODE (826,80, 1230,19 e 1655,50), para o PR o AC-43 apresentou menor média genotípica (6,42 g) e o AM55 apresentou maior média (39,17 g) (Tabela 4). Os acessos AC-18, AC-19, AC-41, AC-42, AC-51, C-14, C-82, PI124111 e PI124112 foram considerados resistentes às duas espécies de nematoide, sendo, portanto, promissores dentro dos genótipos avaliados.

Tabela 4. Valores genotípicos médios para resistência a *Meloidogyne javanica* em 41 acessos de melão (*Cucumis melo* L.).

ACESSOS	$\mu + \hat{g}$				ACESSOS	$\mu + \hat{g}$			
	PR (g)	NTODE	FR	R		PR (g)	NTODE	FR	R
AC-02	28,20	11149,50	2,23	S	AC-50	22,20	6544,85	1,31	S
AC-04	17,52	18904,30	3,78	S	AC-51	14,02	1810,45	0,36	R
AC-07	16,08	3697,15	0,74	R	AC-52	17,36	4683,90	0,94	R
AC-08	15,36	11175,30	2,24	S	AC-53	19,63	11395,70	2,28	S
AC-09	21,33	57215,06	11,44	S	AM55	39,17	50531,20	10,11	S
AC-10	20,57	22687,80	4,54	S	C-04	28,45	11219,55	2,24	S
AC-16	19,98	43269,00	8,65	S	C-14	13,40	2798,06	0,56	R
AC-17	12,46	6506,80	1,30	S	C-18	11,73	61698,20	12,34	S
AC-18	20,44	826,80	0,17	R	C-22	26,86	91398,88	18,28	S
AC-19	14,93	2035,10	0,41	R	C-27	18,36	34047,55	6,81	S
AC-25	27,30	10807,40	2,16	S	C-30	14,13	26384,22	5,28	S
AC-27	17,80	5155,00	1,03	S	C-32	12,09	15778,50	3,16	S
AC-29	20,03	80510,00	16,10	S	C-82	9,96	3094,50	0,62	R
AC-32	21,68	9415,10	1,88	S	C-91	13,61	10070,83	2,01	S
AC-36	16,83	18962,75	3,79	S	ÍTALO	22,65	6632,90	1,33	S
AC-39	15,19	19032,30	3,81	S	PI124111	10,34	1230,19	0,25	R
AC-41	16,91	4103,00	0,82	R	PI124112	8,55	1655,50	0,33	R
AC-42	19,87	4723,85	0,94	R	PI313970	15,97	48554,39	9,71	S
AC-43	6,42	6511,60	1,30	S	PI414723	21,69	21849,61	4,37	S
AC-44	23,72	20948,05	4,19	S	VENDRANTAIS	13,73	8471,65	1,69	S
AC-45	17,78	16475,25	3,30	S					
Crotalária	-	64,30	0,01	R					
Quiabo	-	41207,25	8,24	S					
Tomate	-	53141,50	10,63	S					

Peso da raiz (PR); Número total de ovos e diferentes estágios de desenvolvimento (NTODE); Fator de reprodução (FR).

Houve variação dentro dos acessos avaliados quanto à resistência a *M. incognita* (Figura 3A) e *M. javanica* (Figura 3B). Dos acessos avaliados, 22 apresentaram todas as plantas avaliadas como resistentes a *M. incognita*. Enquanto para *M. javanica*, três acessos (AC-18, AC-51 e PI124111) avaliados apresentaram todas as plantas resistentes e um (AC-29) acesso apresentou todas as plantas suscetíveis a essa espécie.

Houve correlação significativa a 5% de probabilidade entre NTODE e PR no ensaio para *M. javanica* (Figura 4), evidenciando que quando há aumento de NTODE o PR é influenciado, ocorrendo também incremento nessa variável, a correlação para *M. incognita* não foi significativa, indicando que neste ensaio as variáveis não apresentaram relação de interdependência significante.

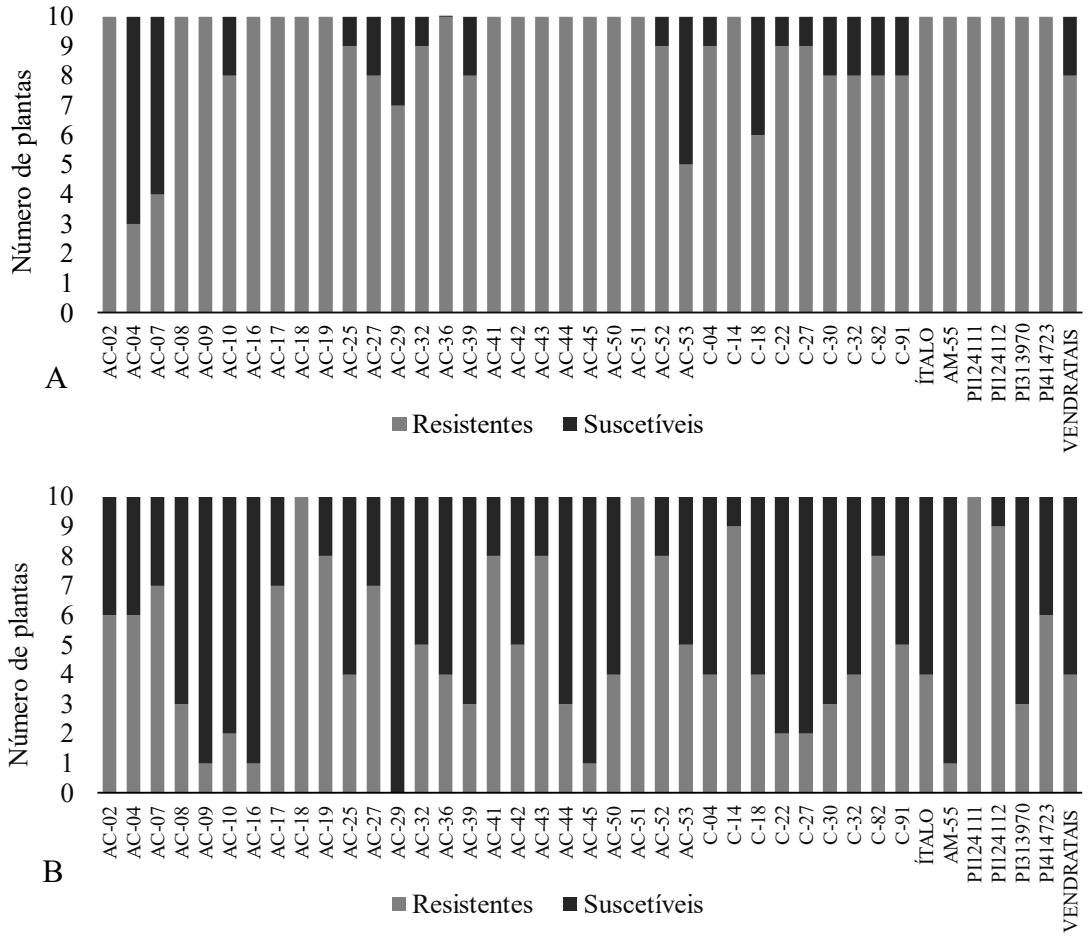


Figura 3. Frequência absoluta de classes da reação em 41 acessos de melão, inoculados com *Meloidogyne incognita* (A) e *M. javanica* (B).

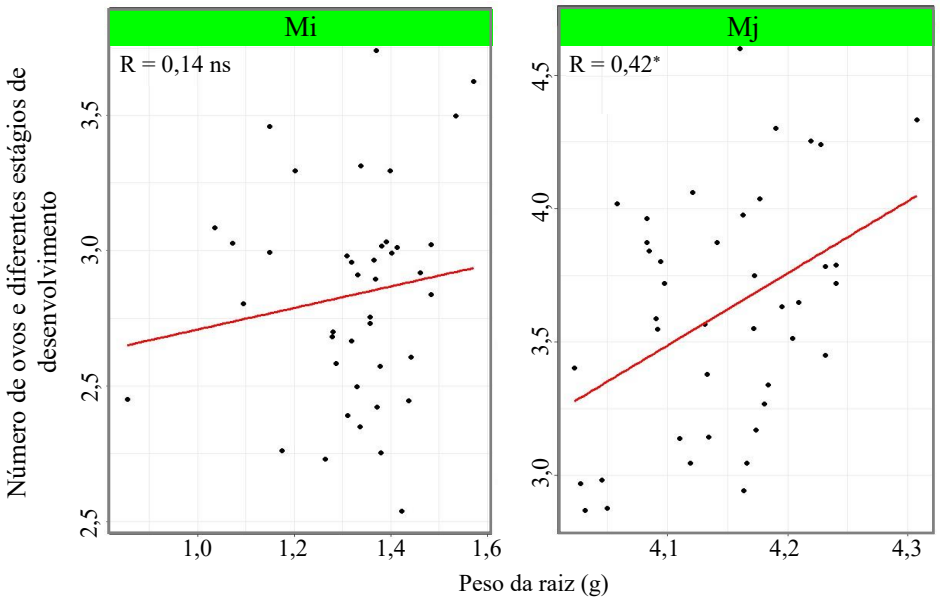


Figura 4. Correlação entre o número total de ovos e diferentes estágios de desenvolvimento e o peso da raiz (g) observada em 41 acessos de melão inoculados com *Meloidogyne incognita* (Mi) e *M. javanica* (Mj).

4.2 ENSAIOS PARA CONFIRMAÇÃO DE RESISTÊNCIA (ENSAIOS III E IV)

Para as variáveis avaliadas nas duas espécies de nematoides, a variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$) foi superior à variância genética ($\hat{\sigma}_g^2$) (Tabela 5), indicando que o ambiente teve maior influência entre os tratamentos, reafirmando os resultados encontrados nos ensaios de triagem.

Tabela 5. Componentes de variância e estimativas de parâmetros genéticos para resistência a *Meloidogyne incognita* e *M. javanica* em dez genótipos de melão (*Cucumis melo* L.).

Parâmetro	*Meloidogyne incognita*			*Meloidogyne javanica*		
	PR (g)	NTODE	FR	PR (g)	NTODE	FR
Devience	-85,71^{ns}	-30,92**	-30,83**	-99,93**	-6,50^{ns}	-6,58^{ns}
$\hat{\sigma}_g^2$	0,02	0,11	0,11	0,04	0,002	0,002
$\hat{\sigma}_e^2$	0,11	0,20	0,20	0,09	0,32	0,32
$\hat{\sigma}_f^2$	0,13	0,31	0,31	0,13	0,32	0,32
h^2_g	0,13 ± 0,11	0,34 ± 0,18	0,34 ± 0,18	0,30 ± 0,17	0,007 ± 0,03	0,007 ± 0,03
Ac_g	0,39	0,46	0,46	0,45	0,06	0,06
CV_g	3,36	10,55	12,09	4,80	1,44	1,66
CV_e	8,54	14,57	16,72	7,40	16,88	19,13
Média	3,99	3,11	2,71	4,09	3,36	2,96

Número total de ovos e diferentes estágios de desenvolvimento (NTODE); Fator de reprodução (FR); Peso da raiz (PR); variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$); variância ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$); variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$); herdabilidade genética (h^2_g); Acurácia (Ac_g); Coeficiente de variação genética (CV_g); Coeficiente de variação ambiental (CV_e); ^{ns} não significativo; * significativo a 5% de probabilidade; ** significativo a 1% de probabilidade.

Da mesma forma que nos experimentos de triagem, a herdabilidade (h^2_g) foi baixa para todas as características analisadas (Tabela 5), apresentando resultados de 0,13 (PR) e 0,34 (NTODE e FR) para *M. incognita* e de 0,007 (NTODE e FR) e 0,30 (PR) para *M. javanica*.

Os valores de acurácia foram baixos para todas as características avaliadas, variando de 0,39 (PR) a 0,46 (NTODE e FR) para *M. incognita* e 0,06 (NTODE e FR) a 0,45 (PR) para *M. javanica* (Tabela 5).

As estimativas de coeficiente de variação ambiental (CV_e) foram superiores às de coeficiente de variação genética (CV_g) para todas as variáveis nas duas espécies; para NTOJ (10,55) e FR (12,09), o CV_g foi superior em *M. incognita*, ao passo que PR (4,80) apresentou destaque no *M. javanica* (Tabela 5).

A crotalária foi considerada resistente, como o proposto, apresentando FR abaixo de 1. O quiabo e o tomate, propostos como padrão de suscetibilidade, multiplicaram o nematoide, apresentando FR acima de 1. Esses resultados indicam a viabilidade dos

inóculos e as condições ambientais ideias para o desenvolvimento desse patógeno (Tabela 5).

No ensaio para *M. incognita*, 50% dos genótipos avaliados (cinco acessos) mantiveram-se resistentes, apresentando baixos valores de FR, com médias genotípicas ($\mu + \hat{g}$) entre 0,26 (AC-18) a 0,54 (AC-09) (Tabela 6). AC-19 apresentou maior média genotípica (2,10), indicando maior suscetibilidade à espécie. Para NTODE, AC-18 (644,41) e AC-51 (742,08) apresentaram as menores médias genotípicas, ao passo que para PR a maior média foi obtida no AC-41 (17,92 g) e a menor, pelo AC-09 (8,33 g).

Tabela 6. Valores genotípicos médios para resistência a *Meloidogyne incognita* e *M. javanica* em dez acessos de melão (*Cucumis melo* L.)

ACESSOS	$\mu + \hat{g}$							
	Meloidogyne incognita				*Meloidogyne javanica*			
	PR (g)	NTODE	FR	R	PR (g)	NTODE	FR	R
AC-09	8,33	1350,25	0,54	R	8,96	5236,13	2,09	S
AC-18	10,54	644,41	0,26	R	14,29	2272,28	0,91	R
AC-19	17,31	5242,21	2,10	S	23,00	8343,87	3,34	S
AC-41	17,92	842,67	0,34	R	29,98	4260,05	1,70	S
AC-42	11,69	813,03	0,33	R	18,08	3393,49	1,36	S
AC-51	12,70	742,08	0,30	R	14,35	3875,73	1,55	S
C-14	17,88	3892,52	1,56	S	17,53	6947,52	2,78	S
C-82	16,62	4824,07	1,93	S	10,29	2100,50	0,84	R
PI124111	9,86	3871,35	1,55	S	8,42	3509,03	1,40	S
PI124112	8,70	2740,60	1,10	S	13,92	3804,42	1,52	S
Crotalária	-	171,50	0,07	R	-	519,71	0,21	R
Quiabo	-	14281,00	5,71	S	-	480883,87	19,23	S
Tomate	-	13414,57	5,37	S	-	109994,67	44,00	S

Peso da raiz (PR); Número total de ovos e diferentes estágios de desenvolvimento (NTODE); Fator de reprodução (FR).

Dos genótipos avaliados, 20% mantiveram-se resistentes a *M. javanica*, com baixos valores de FR, apresentando médias genotípicas ($\mu + \hat{g}$) de 0,91 (AC-18) e 0,84 (C-82) (Tabela 6), também demonstraram valores médios menores para NTODE, 2272,28 e 2100,50, respectivamente. Os demais acessos foram considerados suscetíveis, o C-14 apresentou o maior FR (2,78) e o maior NTODE (6947,52). Para PR, o PI124111 apresentou a menor média genotípica (8,42 g), e o AC-41, a maior (29,98 g).

O acesso A-18 apresentou resistência às duas espécies avaliadas com FR de 0,26 (*M. incognita*) e 0,91 (*M. javanica*). As fotos dos acessos AC-09 e AC-18, resistentes a *M. incognita*, e dos acessos AC-18 e C-82, resistentes a *M. javanica*, estão expostas na Figura 5.



Figura 5. Acessos resistentes a *Meloidogyne incognita*: AC-09 (A) e AC-18 (B); Acessos resistentes a *M. javanica*: AC-18 (B) e C-82 (C).

Houve variação dentro dos acessos avaliados quanto à resistência a *M. incognita* (Figura 6A) e *M. javanica* (Figura 6B). Os acessos AC-18, AC-41 e AC-42 apresentaram todas as plantas avaliadas como resistentes à *M. incognita*, ao passo que para *M. javanica* nenhum acesso avaliado apresentou todas as plantas resistentes ou suscetíveis a essa espécie.

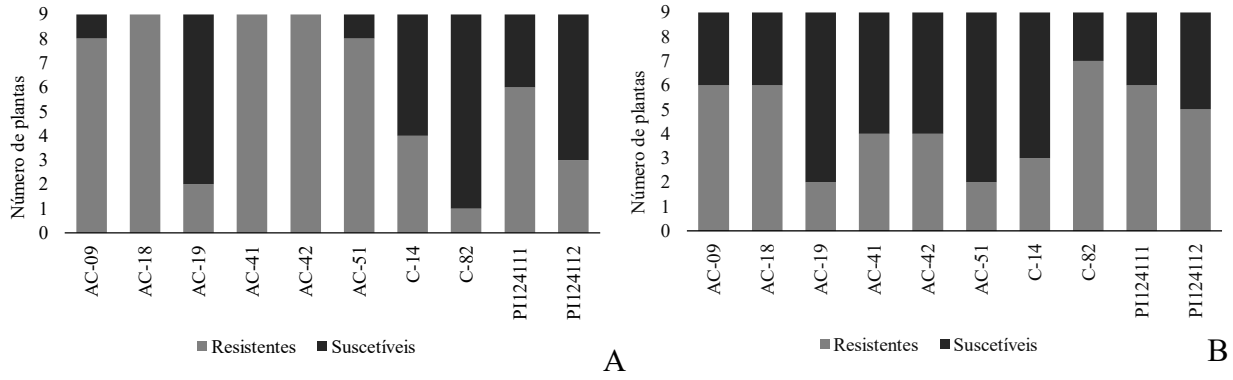


Figura 6. Frequência absoluta de classes da reação em dez acessos de melão, inoculados com *Meloidogyne incognita* (A) e *M. javanica* (B).

Na figura 7, pode-se observar as raízes dos padrões de resistência (*Crotalaria spectabilis*) e suscetibilidade (Quiabo 'Santa Cruz-47' e Tomate 'Santa Clara') em comparação com acessos de meloeiro suscetíveis e resistentes para as duas espécies de nematoides estudadas.

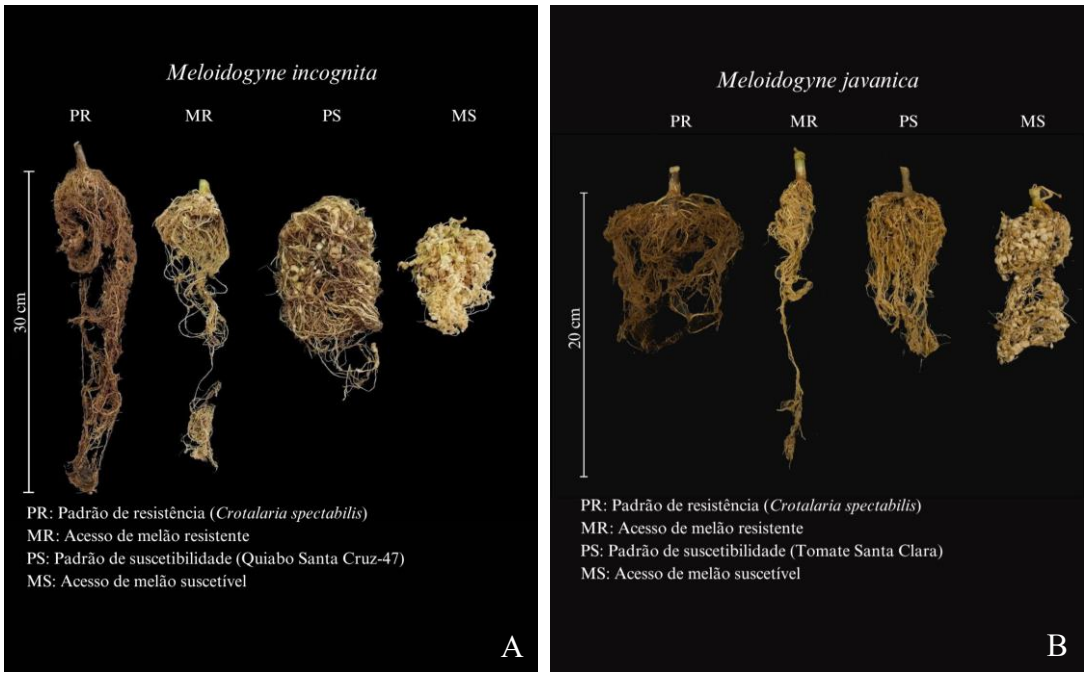


Figura 7. Raízes avaliadas nos ensaios III (A) e IV (B), inoculadas com nematoide-de-galhas.

Não houve correlação significativa entre NTODE e PR para nenhuma das espécies (Figura 8), indicando que nesses ensaios as variáveis não apresentaram interdependência entre si. Para *M. javanica*, apesar de não ter ocorrido correlação significativa, o valor foi de 0,52, superior ao encontrado para a mesma espécie no experimento de triagem (0,42). Isso pode estar ligado à magnitude dos dados avaliados, visto que no ensaio de triagem foram avaliados 41 genótipos com dez repetições e no ensaio atual foram dez genótipos com nove repetições.

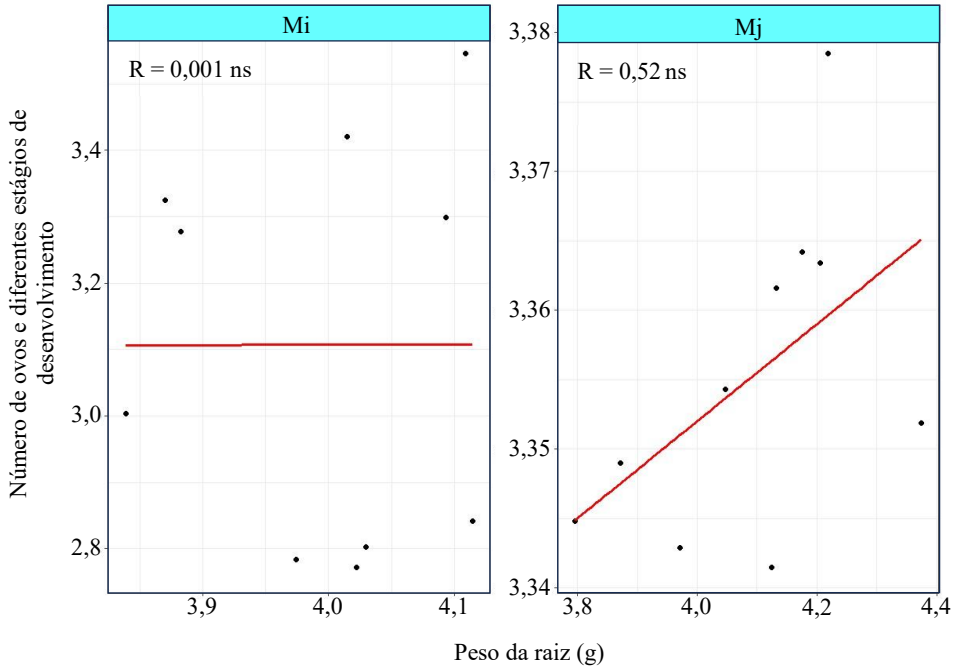


Figura 8. Correlação entre o número total de ovos e diferentes estágios de desenvolvimento e o peso da raiz (g) observada em dez acessos de melão inoculados com *Meloidogyne incognita* (Mi) e *M. javanica* (Mj).

5 DISCUSSÃO

A metodologia REML/BLUP foi utilizada pela primeira vez para a cultura do melão visando à identificação de genótipos promissores resistentes a *M. javanica*, *M. incognita* e *M. enterolobii*, de acordo com Silva *et al*. (2022).

A acurácia é utilizada para inferência da precisão experimental. Esse parâmetro contempla o coeficiente de variação experimental, o número de repetições e o coeficiente de variação fenotípica, podendo ser definida como muito alta (≥ 90), alta (90 < Ac ≥ 0,70), moderada (70 < Ac ≥ 50) e baixa (≤ 40) (Resende; Duarte, 2007). Os valores encontrados no presente trabalho podem ser considerados moderados para as características avaliadas, com exceção de NTODE e FR no experimento de confirmação de resistência a *M. javanica* (Tabela 5).

A herdabilidade permite ao melhorista a estimativa da parte da variância fenotípica que é herdável, além de estimar quanto haverá de ganho genético e poder auxiliar na escolha dos métodos de seleção a serem utilizados (Leite *et al*., 2015). Segundo Brogin, Arias e de Toledo (2003), a herdabilidade pode ser considerada baixa (< 0,30), intermediária (0,30 > 0,60) e alta (> 0,60). Os valores encontrados no ensaio de triagem para NTODE e FR (Tabela 2) nas duas espécies de nematoides e no ensaio de confirmação de resistência para *M. incognita* (Tabela 5) foram considerados intermediários, com valores entre 0,30 e 0,34. Para auxiliar na seleção, os ganhos genéticos podem ser ampliados quando selecionados genótipos com valores de FR < 1 (Silva *et al*., 2022).

O coeficiente de variação genética (CVg) também é considerado um parâmetro importante, pois permite compreender sobre a relevância da variabilidade genética que a população apresenta para a característica de interesse (Santos *et al*., 2018a), ao passo que o coeficiente de variação ambiental (CVe) mostra o quanto os dados tiveram influência do ambiente. Quanto menor for a estimativa do CVe, menor será a variação ambiental e maior a homogeneidade dos dados obtidos (Peres *et al*., 2020). Porém, nos ensaios com nematoides é esperado que os valores de CVg sejam menores do que os observados para CVe, em razão da citogenética de cada espécie e variações de reprodução de acordo com a cultura utilizada (Roberts; Thompson, 1989; Silva *et al*., 2022). Esse fato foi confirmado na presente pesquisa, uma vez que para todas as características avaliadas o CVe apresentou valores superiores ao CVg (Tabela 2 e 5).

A variância fenotípica para todos os ensaios foi atribuída principalmente a causas de efeitos ambientais (Tabelas 2 e 5), divergindo dos resultados encontrados por Diniz *et*

al. (2016) e Silva *et al*. (2022) quando avaliados genótipos de melão também para espécies de nematoides-de-galhas, *Meloidogyne incognita*, *M. javanica* e *M. enterolobii*. Neste cenário, a seleção torna-se delicada, visto que o ambiente apresentou influência notável. Esses resultados podem ser explicados pela capacidade dos nematoides de evoluir juntamente com o ambiente, se adaptando às mudanças climáticas para que continuem acometendo as culturas hospedeiras (Khanal; Land, 2023). Além disso, a herança de resistência a *M. incognita* na cultivar 'Gaúcho Redondo' (*Cucumis melo* var. *reticulatus* Naud.) foi identificada como poligênica, envolvendo seis genes (Cândido *et al*., 2017).

Para que a seleção seja realizada de forma eficiente considerando a resistência, as médias genotípicas devem ser levadas em consideração, selecionando genótipos com FR < 1 (Tabelas 3, 4 e 6), genótipos com FR ≥ 1 são considerados suscetíveis, sendo descartados do programa de melhoramento visando à resistência a esse patógeno.

O REML/BLUP permitiu selecionar nos ensaios de triagem 31 genótipos de melão resistentes a *M. incognita* e 11 resistentes a *M. javanica*, ao passo que nos ensaios para confirmação da resistência um acesso foi promissor, apresentando resistência múltipla às duas espécies de nematoides. Outros autores obtiveram sucesso de seleção de genótipos resistentes a diferentes espécies de nematoides com essa metodologia (Fatobene *et al*., 2017; Santos *et al*., 2018b; Resende *et al*., 2019; Silva *et al*., 2022).

Dos acessos reavaliados, somente cinco se mantiveram resistentes a *M. incognita* e dois a *M. javanica*, o que pode ter ocorrido porque a população avaliada não se encontrava em homozigose para a característica de resistência, apresentando variação dentro das plantas da população (Figura 6). Em trabalhos futuros, é importante que sejam realizadas autofecundações sucessivas, visando ao aumento da homozigose nas populações, visto que a cada ciclo de autofecundação a homozigose aumenta em 50% em relação à geração anterior (Glémin, 2021).

Além disso, é importante ressaltar que há variação patogênica entre as espécies de nematoides, podendo ser pelo status (hospedeiro ou não hospedeiro), pela agressividade ou pela virulência. A agressividade é a capacidade do nematoide de se reproduzir em um hospedeiro suscetível, ao passo que a virulência é a capacidade destes se reproduzirem em genótipos resistentes (Santos *et al*., 2018c). Isso foi observado nas Figuras 3 e 6, onde houve variação entre os acessos quanto à resistência as duas espécies, além de variação dentro dos acessos.

O aumento de peso das raízes inoculadas com nematoides se deve à formação de galhas, sendo afetado pelo seu número e tamanho (Kayani, Mukhtar e Hussain, 2017). A formação destas no sistema radicular indica o sucesso do estabelecimento do nematoide no seu sítio de alimentação, no entanto nem sempre a formação de galhas está associada ao desenvolvimento e reprodução do nematoide (Aydinli, Kurtar e Mennan, 2019). Apesar de não ter sido avaliado o número de galhas por sistema radicular, nos ensaios para *M. javanica* a correlação entre NTODE e PR apresentou valor intermediário (Figuras 3 e 7), com diferença significativa apenas no ensaio de triagem devido ao maior número de genótipos.

A resistência de plantas a nematoides tem se tornado destaque, visto que é uma das formas de controle mais eficientes quando levados em consideração resultados promissores na redução da população dos patógenos. Com a metodologia REML/BLUP, foi possível selecionar cinco acessos (AC-09, AC-18, AC-41, AC-42 e AC-51) resistentes a *M. incognita* e dois acessos (AC-18 e C-82) resistentes a *M. javanica*.

Alguns dos acessos promissores nesse trabalho foram considerados resistentes a outros patógenos em trabalhos anteriores, como a *Pseudoperonospora cubensis* (AC-09 e AC-18) (Albuquerque, 2014). Os acessos AC-09 e Ac-42 apresentaram resistência aos isolado 1 e 2 de *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* (AC-09 e AC-42), e o AC-42 ao isolado 2 do mesmo patógeno (Guimarães, 2016). O AC-09 foi considerado imune aos isolados Me-243 e Me-244 de *Rhizoctonia solani* e moderadamente resistente ao isolado Me-242, ao passo que AC-18 foi moderadamente resistente aos isolados Me-242 e Me-244 e imune ao isolado Me-243 (Melo, 2014). O AC-09 também foi considerado resistente a *Podosphaera xanthii* (Nunes, 2014).

Esses acessos podem ser utilizados em programas de melhoramento do meloeiro associados à resistência a outros patógenos e/ou a outras características de interesse do pesquisador, além de serem realizados estudos de herança do controle genético. Considerando que o processo de melhoramento clássico é longo, outra possibilidade é o estudo desses acessos em compatibilidade para porta-enxerto avaliado com cultivares comerciais.

6 CONCLUSÕES

O acesso A-18 apresentou resistência a ambas as espécies de nematoides-de-galha, *Meloidogyne incognita* e *M. javanica*, sendo um genótipo promissor para o programa de melhoramento do meloeiro.

Para *M. incognita*, os acessos AC-09, AC-18, AC-41, AC-42 e AC-51 foram considerados resistentes.

Para *M. javanica*, foram considerados resistentes dois acessos: AC-18 e C-82.

A variável, número total de ovos e diferentes estágios de desenvolvimento não devem ser substituídos pelo peso de raiz quando o objetivo é selecionar genótipos resistentes a *Meloidogyne incognita* e *M. javanica*.

REFERÊNCIAS

ABDEL RAZEK, G. M., YASEEN, R. Affect of some rhizosphere bacteria on root-knot nematodes. **Egypt J Biol Pest Co**, 30: 1-11, 2020.

ABRAFRUTAS, 2024. **Painéis de exportação**. Disponível em: https://abrafrutas.org/dados-estatisticos/. Acesso em: 22 fev. 2025.

Afzal, A., Mukhtar, T. Revolutionizing nematode management to achieve global food security goals – An overview. **Heliyon**. 10, 1-11, 2024.

AGROFIT, 2025. **Sistema de agrotóxicos e fitossanitários**. Disponível em: https://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit_cons/principal_agrofit_cons. Acesso em: 04 jan. 2025.

AGROSTAT, 2024. **Estatísticas de comércio exterior do agronegócio Brasileiro**. Disponível em: https://mapa-indicadores.agricultura.gov.br/publico/extensions/Agrostat/Agrostat.html. Acesso em 20 jan. 2025.

ALBUQUERQUE, L. B. **Reação de acessos e cultivares de meloeiro a *Pseudoperonospora cubensis* e identificação de *Quantitative Trait Loci* de resistência do meloeiro ao míldio**. 2014. 99f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2014.

ALMEIDA, G. Q., SILVA, J. O., RESENDE, M. D. V., MENEGUI, J. L. P. Selection index via REML/BLUP for identifying superior banana genotypes in the central region of Goiás state, Brazil. **Revista Ceres**, 66:026-033, 2019.

ALVES, A. P. C. **Manejo integrado do nematoide-de-galhas na cultura da alface**. 2020. 48 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, PR, 2020.

ANDRADE, J. S. C. O.; MACHADO, J. Avaliação do desempenho agroindustrial de famílias da série RB07 na fase inicial de seleção em cana-de-açúcar. **Revista Geama**, 1: 220-245, 2015.

ARAÚJO, L. S.; VIANA, A. P.; SILVEIRA, S. F.; CARVALHO, B. M.; MENDES, D. S.; LIMA, J. A. Mixed models in the selection of interspecific crosses of Psidium spp. resistant to myrtle rust. **Eur J Plant Pathol**, 1-10, 2024.

Arieira, C. R. D., Mollina, R. O., Costa, A. T. 2008. Nematoides causadores de doenças em frutíferas. **Revista Agro@mbiente On-line**, 2:48-56, 2008.

AYDINLI, G., KURTAR, E.S., MENNAN, S. Screening of *Cucurbita maxima* and *Cucurbita moschata* genotypes for resistance against *Meloidogyne arenaria*, *M. incognita*, *M. javanica*, and *M. luci*. **J Nematol**. 51, 1-10, 2019.

AZLAY, L.; BOUKHARI, M. E. M. E.; MAYAD, E. H.; BARAKATE, M. Biological management of root-knot nematodes (*Meloidogyne* spp.): a review. **Organic Agriculture**, 13: 99-117, 2023.

BAKER, K. F.; COOK, R. J. **Biological control of plant pathogens**. 1974

BARBIERO, N. Z.; MORO, G. L. J.; BERNARDES, C. O.; ARRUDA, V. C. A.; CARIAS, C. M. O. M.; GUILHEN, J. H. S.; ALTOÉ, S. C.; OLIVEIRA, E. J.; FERREIRA, M. F. S.; POSSE, S. C. P.; FERREIRA, A. Selection index and prediction of genetic values in cassava via reml/blup. **Euphytica**. 220, 41, 2024.

BARBOSA, B. L. R. **Avaliação morfoagronômica de germoplasma de melão do nordeste brasileiro**. 2021. 121 f. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, 2021.

BENEDETTI, T.; HUZAR-NOVAKOWISKI, J.; SORDI, E.; CARVALHO, I. R.; BORTOLUZZI, E. C. Microorganisms in the biological control of root-knot nematode: A metanalytical study. **Rev. Soc. Dev.**, 10: e39310615209, 2021.

BORÉM, A., MIRANDA, G. V., FRITSCHE-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 8.ed. Viçosa: UFV, 2021.

BROGIN, R. L.; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F. 2003. Genetic control of soybean resistance to brown spot (*Septoria glycines*): first studies. **Crop. Breed. Appl. Biot.** 3, 35-44, 2003.

BUI, H. X.; HADI, B. A. R.; OLIVA, R.; SCHROEDER, N. E. Benefical bacterial volatile compunds for the control of root-knot nematode and bacterial leaf blight on rice. **Crop Prot**, 135: 104792, 2020.

CÂMARA, M. J. T.; NEGREIROS, M. Z.; MEDEIROS, J. F.; BEZERRA NETO, F.; BARROS JÚNIOR, A. P. Produção e qualidade de melão amarelo influenciado por coberturas do solo e lâminas de irrigação no período chuvoso. **Ciência Rural**, 37: 58-63, 2007.

CÂNDIDO, W. S.; CASTOLDI, R.; SANTOS, L. S.; TOBAR-TOSSE, D. E.; SOARES, P. L. M.; BRAZ, L. T. Genetic parameters of resistance to *Meloidogyne incognita* in melon. **Ciência Rural**, 47: e20151147, 2017.

CAPISTRANO, M. C.; ANDRADE NETO, R. C.; LESSA, L. S.; RESENDE, M. D. V.; MESQUITA, A. G. G.; GURGEL, F. L. Use of the REML/BLUP methodology for the selection of sweet orange genotypes. **Pesqui. Agropecu. Bras.**, 56: e02032, 2020.

Cardoso, G. F. G. **Controle químico do nematoide de galha, *Meloidogyne* spp. na cultura da batata**. 2020. 59f. Dissertação (Mestrado) – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano, Morrinhos, 2020.

CARVALHO, A. D. F.; SALVIANO, A. M. *et al*. **Produção de melão e mudanças climáticas**: sistemas conservacionistas de cultivo para redução das pegadas de carbono e hídrica. Brasília: Embrapa, 2017.

CHARCHAR, J. M. **Nematoides em hortaliças**. Embrapa Hortaliças. Circular técnica, 1999.

CHIMELLO, A. M.; SILVA, G. C.; BELISÁRIO, R. P.; MAROSTEGA, T. N.; PREISIGKE, S. C.; ARAÚJO, K. L.; NEVES, L. G. Backcross Aiming at the resistance of passion fruit to soil pathogen. **J. Agr. Sci.** 13, 62-68, 2021.

COOLEN, W. A.; D'HERDE, C. J. **A method for the quantitative extraction of nematodes from plant tissue**. Burg. Van Gansberghelaan, Belgium, 1972.

DINIZ, G. M. M.; CANDIDO, W. S.; SILVA, E. H. C.; MARIN, M. V.; FRANCO, C. A.; BRAZ, L. T.; SOARES, P. L. M. Screening melon genotypes for resistance to *Meloidogyne enterolobii*. **Afr J Agr Res.** 11, 2271-2276, 2016.

Duarte, J. B. Biometria em genética e melhoramento de plantas: tendências e inquietações. In: XIV simpósio de atualização em genética e melhoramento de plantas: a genética quantitativa e de populações no Brasil, 14, 2010, Lavras. **Anais** [...]. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2010. p. 47-60.

EISENBACK, J. D. Diagnostic characters useful in the identification of the four most common species of root-knot nematodes (*Meloidogyne* spp.). In: SASSER, J.N., CARTER, C. C. (org.). **An advanced treatise on *Meloidogyne***: Biology and control. Raleigh, North Carolina State University, 1981. p. 95-112.

Esbenshade, J. D.; Triantaphyllou, H. H. Root-Knot Nematodes: *Meloidogyne* species And Races In.: NICKLE, W. R. (org.). **Manual of Agricultural Nematology**. Marcel Dekker York, 1990. p. 281-286.

EXPÓSITO, A.; GARCÍA, S.; GINÉ, A.; ESCUDERO, N.; SORRIBAS, F. J. *Cucumis metuliferus* reduces *Meloidogyne incognita* virulence Against the *Mi 1.2* resistance gene in a tomato – melon rotation sequence. **Pest Manag. Sci.**, 75, 1902-1910.

FAOSTAT, 2023. **Food and agriculture organization of the United Nations, statistical database 2023**. Disponível em: https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL. Acesso em: 26 dez. 2024.

FATOBENE, B. J. R. *et al*. Wild *Coffea arabica* resistant to *Meloidoyne paranaenses* and genetic parameters for resistance. **Euphytica**, 2013, 1-6, 2017.

FERRAZ, L. C. C. B., BROWN, D. J. F. 2016. **Nematologia de plantas**: fundamentos e importância. Manaus: Norma Editora, 2016.

FERREIRA, P. S.; SANTOS, M. A.; LEMES, E. M.; CHARLO, H. C. O.; VIEIRA, D. M. S.; LOSS, A.; COELHO, V. O.; TORRES, J. L. R. Controle populacional de Meloidogyne sp. Em áreas cultivadas com hortaliças utilizando plantas de cobertura. **Rev. Soc. Dev.**, 10: e51010615981, 2021.

FONTES, P. C. R.; PUIATTI, M. Cultura do melão. In: FONTES P. C. R.; NICK, C. (org.). **Olericultura:** Teoria e Prática. 2. ed. Viçosa: UFV, DAA, 2021. p. 543-563.

FREITAS, L. G., OLEIVEIRA, R. D. L. O. FERRAZ, S. Nematoides como patógenos de plantas. In: ZAMBOLIM, L.; JESUS JUNIOR, W. C.; PEREIRA, O. L. (org.). **O essencial da fitopatologia**: agentes causais. Viçosa: UFV, 2012.

FRISCHE-NETO, R.; GONÇALVES, M. C.; VENCOVSKY, R.; JUNIOR, C. L. Prediction of genotypic values of maize hybrids in unbalanced experiments. **Crop Breed Appl Biot**, 10: 32-39, 2010.

FULLANA, A. M.; MALEITA, C.; SANTOS, D.; ABRANTES, I.; SORRIBAS, F. J.; GINÉ, A. Reactions of *Citrullus amarus* and *Cucumis metuliferus* to *Meloidogyne chitwoodi*, *Meloidogyne enterolobii* and *Meloidogyne luci*. **Phytopathol Mediterr**, 63: 79-90, 2024.

GALATTI, F. S.; FRANCO, A. J.; ITO, L. A.; CHARLO, H. O.; GAION, L. A.; BRAZ, L.T. Rootstocks resistant to *Meloidogyne incognita* and compatibility of grafting in net melon. **Revista Ceres**, 60:432-436, 2013.

GLÉMIN, S. Balancing selection in self-fertilizing populations. **Evolution**. 75, 1011-1029, 2021.

GOMES, A. B. S.; OLIVEIRA, T. R. A.; CRUZ, D. P.; GRAVINA, G. A.; DAHER, R. F.; ARAÚJO, L. C.; ARAÚJO, K. C. Genetic gain via REML/BLUP and selection indices in snap bean. **Hortic. Bras.**, 36: 195-198, 2018.

GOMES, V. M.; RIBEIRO, R. M.; VIANA, A. P.; SOUZA, R. M.; SANTOS, E. A.; RODRIGUES, D. L.; ALMEIDA, O. F. Inheritance of resistance to Meloidogyne enterolobii and individual selection in segregating populations of Psidium spp. **Eur. J. Plant Pathol.**, 148:699-708, 2017.

GONÇALVES, G. M. C.; FERREIRA-GOMES, R. L.; LOPES, A. C. A.; VIEIRA, P. F. M. J. Adaptability and yield stability of soybean genotypes by REML/BLUP and GGE Biplot. **Crop Breed Appl Biot**, 20: e282920217, 2020.

GRAÇA, G. A.; ARAÚJO, M. S. B.; ALENCAR, A. A. S.; GERONIMO, I. G. C.; CORREA, J. W. S.; ALMEIDA, C. L. P.; SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R. Associating REML/BLUP and pedigree in developing sweet pepper (*Capsicum annuum* L.) progenies resistant to bacterial spot. **Euphytica**, 216:119, 2020.

GUIMARÃES, I. M. **Reação de germoplasmas de melão a *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* e herança da resistência ao acesso AC-33 a *Monosporascus cannonballus***. 2016. 71 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2016.

HABTEWELD, A.; KANTOR, M.; KANTOR, C.; HANDOO, Z. Understanding the dynamic interactions of root-knot nematodes and their host: role of plant growth promoting bacteria and abiotic factors. **Front. Plant Sci**. 15, 1377453, 2024.

HAMA, J. R.; FOMSGAARD, I. S.; TOPALOVIC, O.; VASTERGARD, M. Root uptake of cereal benzoxazinoids grants resistance to root-knot nematode invasion in white clover. **Plant Physiol. Bioch**., 210: 108636, 2024.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, 31: 423-447, 1975.

HUNT, D. J.; HANDOO, Z. A. Root-knot nematodes. In: Manzanilla-López, R.H., Marbán-Mendoza, N. (org.). **Pratical Plant Nematology**. Madrid: BBA, 2012. p. 359-409.

IBGE, 2023. **Sistema IBGE de recuperação automática**. Disponível em: https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1612#resultado. Acesso em: 20 jan. 2025.

IBRAHIM, H. M. M.; AHMAD, E. M.; MARTÍNEZ-MEDINA, A.; ALY, M. A. M. Effective approaches to study the plant-root knot nematode interaction. **Plant Physiology and Biochemistry**, 141: 332-342, 2019.

ITO, L. A., GAION, L. A., GALATTI, F. S., BRAZ, L. T.; SANTOS, J.M. Resistência de porta-enxertos de cucurbitáceas a nematoides e compatibilidade da enxertia em melão. **Hortic. Bras**., 32, 297-302, 2014.

JONES, J. T.; HAEGEMAN, A.; DANCHIN, E. G. J.; GAUR, H. S.; JOHANNES, H.; JONES, M. G. K.; KIKUCHI, T.; MANZANILLA-LÓPEZ, R.; PALOMARES-RIUS, J. E.; WESEMAEL, W. M. L.; PERRY, R. N. Top 10 plant-parasitic nematodes in molecular plant pathology. **Mol. Plant Pathol.**, 14:946-961, 2013.

KANAL, C.; LAND, J. Study on two nematode species suggests climate change will inflict greater crop damage. **Sci. Rep-uk**., 13, 14185, 2023.

KAYANI, M. Z.; MUKHTAR, T.; HUSSAIN, M. A. Effects on southern root knot nematode population densities and plant age on growth and yield parameters of cucumber. **Crop Prot.**, 92, 207-212, 2017.

KESH, H., KAUSHIK, P. Advances in melon (*Cucumis melo* L.) breeding: An update. **Sci. Hortic-Amsterdam**, 282: 110045, 2021.

KHAN, A.; HUSSAIN, A.; ALI, F.; HAMAYUN, M.; IQBAL, A.; ELANSARY, H.O.; KIM, H. Biocontrol of root knote nematodes by endophytic fungus isolated from garlic. **Sci Hortic-Amsterdam**, 332: 113223, 2024.

KIRKBRIDE, J. H. **Biosystematic monograph of the genus cucimis (*Cucurbitaceae*)**. Parkway Publishers, Boone, NC, USA, 1993.

LEITE, W. S., PAVAN, B. E., MATOS FILHO, C. H. A., FEITOSA, F. S., OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agronômicos em genótipos de soja. **Nativa**, 3, 241-245, 2015.

LIMA E SILVA, F. H.; VIANA, A. P.; SANTOS, E. A.; FREITAS, J. C. O.; RODRIGUES, D. L.; AMARAL JÚNIOR, A. T. 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: 183-190, 2017.

LIMA, R. D.; DIAS, W. P.; CUNHA, E.; CASTRO, J. M. Doenças causadas por nematoides em cucurbitáceas. **Informe Agropecuário**, 17: 57-59, 1995.

LIU, S., GAO, P., ZHU, Q., ZHU, Z., LIU, H., WANG, X., WENG, Y., GAO, M., LUAN, F. Resequencing of 297 melon accessions reveals the genomic history of improvement and loci related to fruit traits in melon. **Plant Biotechnol. J.**, 18: 2545-2558, 2020.

MALHOTRA, O. P.; RANI, I. Occurrence, isolation e characterization of urease inhibitor from melon (*Cucumis melo*) seeds. **Indian J. Biochem. Bio.**, 15: 229-231, 1978.

MALLEK-AYADI, S., BAHLOUL, N., KECHAOU, N. Characterization, phenolic

compounds and functional properties of *Cucumis melo* L. peels. **Food Chemistry**, 221: 1691-1697, 2017.

MANCHALI, S. *et al*. Nutritional composition and health benefits of various botanical types of melon (*Cucumis melo* L.). **Plant**, 10: 1755, 2021.

MEDEIROS, A. C.; MELO, D. R. M.; AMBRÓSIO, M. M. Q.; NUNES, G. H. S.; COSTA, J. M. Métodos de inoculação de *Rhizoctonia solani* e M*acrophomina phaseolina* em meloeiro (*Cucumis melo*). **Summa Phytopathologica**, 41: 281-286, 2015.

Melo, D. R. M. **Métodos de inoculação, reação de acessos e herança da resistência do meloeiro a *Rhizoctonia solani***. 2014. 100 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2014.

MILIND, P., KULWANT, S. Musk melon is eat-must melon. **Irpj**, 8: 52-57, 2011.

MILLIGAN, S. B., BODEAU, J., YAGHOOBI, J., KOLOSHIAN. I., ZABEL, P., WILLIAMSON, V. M. The root knot nematode resistance gene Mi from tomato is a member of the leucine zipper, nucleotide binding, leucine-rich repeat family of plant genes. **Plant Cell**., 10: 1307-1319, 1998.

MONDAL, S. *et al*. Intraspecific variability of rice root knot nematodes across diverse agroecosystems for sustainable management. **Sci. Rep-uk.** 14: 30032, 2024.

MOURA, R. M.; PEDROSA, E. M. R.; GUIMARÃES, L. M. P. Nematoses de alta importância econômica da cultura do melão no Estado do Rio Grande do Norte, Brasil. **Fitopatol Bras**, 27: 225, 2002.

NAZ, I.; KHAN, R. A. A.; MASOOD, T.; BAIG, A.; SIDDIQUE, I.; HAQ, S. Biological control of root knot nematode, *Meloidogyne incognita*, in vitro, greenhouse and field in cucumber. **Biol Control**, 152: 104429, 2021.

NUNES, E. W. L. P. **Caracterização de germoplasma, herança e identificação de marcadores SNP associados à resistência a *Podosphaera xanthii* em meloeiro**. 2014. 125 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2014.

OLIVEIRA, C. D.; BRAZ, L. T.; SANTOS, J. M.; BANZATTO, D. A.; OLIVEIRA, P. R. Resistência de pimentas a nematoides de galha e compatibilidade enxerto/porta-enxerto entre híbridos de pimentão e pimentas. **Hortic. Bras.**, 27: 520-526, 2009.

OLIVEIRA, E. J.; OLIVEIRA, S. A. S.; BOAS, S. A. V.; HOHENFELD, C. S.; SANTOS, V. S. Selection of cassava accessions with multiple resistance to pathogens associated with root rot disease. **Euphytica**, 213: 185, 2017.

OLIVEIRA, N. S.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; SILVA, D. O.; PASTORIZA, R. J. G.; MELO, R. A.; SILVA, J. W.; MENEZES, D. Seleção e parâmetros genéticos de progênies de coentro tolerantes ao calor. **Hortic. Bras.**, 33, 319-323, 2015.

OOSTENBRINK, M. (org.). **Major characteristics of the relation between nematodes and plants.** Veenman: Wageningen, 1966.

PATIL, J. A.; YADAV, S.; KUMAR, A. Management of roor-knot nematode,

Meloidogyne incognita and soil borne fungus, Fusarium oxysporum in cucumber using three bioagents under polyhouse conditions. **Saudi J. Biol. Sci.**, 28: 7006-7011, 2021.

PATTERSON, H. D., THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. **Biometrika**, 58: 545-554, 1971.

PERES, R. M.; REIS, I. R. A.; PANTALEÃO, A. A.; TEODORO, L. P. R.; BAIO, F. H. R.; TEODORO, P. E. Seleção de linhagens F6 de soja para Chapadão do Sul. **Rev. Soc. Dev**., 9, n. 7, 2020.

PITRAT, M. Melon. In: PROHENS, J.; NUEZ, F. (org.). **Handbook of plant breeding**. Vegetables I: Asteraceae, Brassicaceae, Chenopodicaceae, and *Cucurbitaceae*. New York: Springer, 2008. p. 283-315.

Pitrat, M. Melon Genetic Resources: Phenotypic Diversity and Horticultural Taxonomy. In: GRUMET, R., KATZIR, N., GARCIA-MAS, J. (org.). **Genetics and Genomics of *Cucurbitaceae***. Cham: Springer, 2016. p. 25-60.

R Core Team. (2024). **R version 4.3.3. R Core Team**. Disponível em: https://cran.r-project.org/. Acesso em: 20 nov. 2024.

RALMI, N. H. A. A.; KHANDAKER, M. M.; MAT, N. Occurrence and control of root knot nematode in crops: A review. **Aust. J. Crop Sci.**, 12: 1649-1654, 2016.

RESENDE, M. D. V. **Modelos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas, 2004.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP:** Sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breed Appl Biot**, 16: 330-339, 2016.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesqui. Agropecu. Trop.**, 37, 182–194, 2007.

RESENDE, R. R.; ANDRADA, V. T.; SALGADO, S. M. L.; REZENDE, J. C.; NETO, T. G. C.; CARVALHO, G. R. *Arabica coffe* progenies with multiple resistant to root-knot nematodes. **Euphytica**, 215, 1-9, 2019.

REZENDE, R. M.; ANDRADE, V. T.; SALGADO, S. M. L.; REZENDE, J. C.; MENEZES, J. O.; CARVALHO, G. R. Genetic gain in the resistance of arabica coffe progênies to root-knot nematode. **Crop Sci.**, 57:1355-1362, 2017.

RIBEIRO, R. M.; GOMES, V. M.; VIANA, A. P.; SOUZA, R. M.; SANTOS, P. R. Selection of interspecific *Psidium* spp. hybrids resistant to *Meloidogyne enterolobii*. **Acta Sci-Agron**, 41, 1-11, 2019.

ROBERTS, P. A.; THOMPSON, I. J. A review of variability in four *Meloidogyne* spp. measured by reproduction on several hosts including Lycopersicon. **Agric. Zool. Rev.**, 3, 225-252, 1989.

RODRIGUES, H. S.; CRUZ, C. D.; MACÊDO, J. L. V.; RESENDE, M.D.V.; LOPES, R.; BORÉM, A. Genetic variability and progeny selection of peach palm via mixed models (REML/BLUP). **Acta Sci.-Agron.**, 39: 165-173, 2017.

SANTOS, A.; CECCON, G.; TEODORO, P. E.; CORREA, A. M.; ALVAREZ, R. C. F.; SILVA, J. F.; ALVES, V. B. Adaptability and stability of erect cowpea genotypes via REML/BLUP and GGE Biplot. **Bragantia**, 75: 299-306, 2016.

SANTOS, A. A.; FREIRE, F. C. O.; LIMA, J. A.; CARDOSO, J. E. **Doenças do meloeiro em áreas irrigadas no Estado do Ceará**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2000. 11 p. (Embrapa Agroindústria Tropical. Boletim de Pesquisa, 35).

SANTOS, E. A.; VIANA, A. P.; FREITAS, J. C. O.; RODRIGUES, D. L.; TAVARES, R. F.; PAIVA, C. L.; SOUZA, M. M. Genotype selection by REML/BLUP methodology in a segregating population from an interspecific *Passiflora* spp. crossing. **Euphytica**, 204:1-11, 2015.

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C. R.; CAPONE, A.; PEREIRA, P. R. Estimativa de parâmetros de variação genética em progênies F_2 de soja e genitores com presença e ausência de lipoxigenases. **Nucleus.** 15, 61-70, 2018a.

SANTOS, J. L. F.; SOUZA, F. F.; BOREL, J. C.; CASTRO, J. M. C.; CAPUCHO, A. S. Identification of sources of resistance to *Meloidogyne enterolobii* in acerola. **Rev. Caatinga**, 34:879-886, 2021.

SANTOS, M. F. A.; CORREA, V. R.; PEIXOTO, J. R.; MATTOS, V. S.; SILVA, J. G. P.; MOITA, A. W.; SALGADO, S. M. L.; CASTAGNONE-SERENO, P.; CARNEIRO, R. M. D. G. Genetic variability of *Meloidogyne paranaensis* population and their aggressiveness to susceptible coffee genotypes. **Plant Pathol**. 67, 193-201, 2018c.

SANTOS, P. R.; VIANA, A. P.; GOMES, V. M.; PREISIGKE, S. C.; SANTOS, E. A.; CAVALCANTE, N. R.; ALMEIDA, O. F.; WALKER, M. A. Clonal selection in interspecific *Vitis* spp. hybrids resistant to the root-lesion nematode *Pratylenchus brachyurus* by REML/BLUP. **Fruits**, 73, 191-197, 2018.

SILVA, A. C.; MORAIS, O. M.; SANTOS, J. L.; D'AREDE, L. O.; SILVA, C. J.; ROCHA, M. M. Estimativa de parâmetros genéticos em *Vigna unguiculata*. **Revista de Ciências Agrárias**, 3: 399-407, 2014.

SILVA, E. M. **Seleção de genótipos de meloeiro para resistência a *Didymella bryoniae* e três espécies de *Meloidogyne* e compatibilidade de combinações de enxertia**. 2021. 127 f. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2021.

SILVA, E. M.; FERNANDES, J.P.P., NASCIMENTO, D.D., GOMES-MESSIAS, L.M., OLIVEIRA, A., KOBAYASHI, B.F., FERREIRA, R.J., SOARES, P.L.M., BRAZ, L.T, 2022. Estimation of genetic parameters and resistance to *Meloidogyne* spp. in melon genotypes. **Crop Prot,** 154: 1-7.

Silva, F.A.M (2016). REML/BLUP para predição de valores genotípicos de topcrosses e seleção de testadores em milho. 127 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal.

SILVA, K. M. **Manejo de nematoides na cultura da soja**. 2022. 50f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano, Rio Verde, 2022.

SINGH, R.; PHULERA, S. Plant parasitic nematodes: the hidden enemies of farmers. **Environmental Issues for Socio-Ecological Development**, 2015: 68-81, 2015.

SUBEDI, S.; THAPA, B.; SHRESTHA, J. Root-knot nematode (*Meloidogyne incognita*) and its management: a review. **J. Agric. Nat. Res.**, 3: 21-31, 2020.

SWARUPARANI, N.; SHANMUGAM, H. Molecular mechanisms and phytomolecules as source of resistance for sustainable management of root-knot nematode infestations in horticultural crops: A review. **Psysiol. Mol. Plant P.,** 133: 102354, 2024.

TAYLOR, D. P.; NETSCHER, C. An improved technique for preparing perineal patterns of Meloidogyne spp. **Nematologica**. 20, 1-4, 1974.

TIHOHOD, D. **Nematologia agrícola aplicada**. Jaboticabal: FUNEP, 2000.

VAN DER EYCKEN, W.; ENGLER, J. A.; INZÉ, D.; MONTAGU, M. V.; CHEYSEN G. A molecular study of root-knot nematode-induced feeding sites. **Plant J.**, 9:45-54, 1996.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.

VERDEJO-LUCAS, S.; TALAVERA, M. Root-knot nematodes on zucchini (*Cucurbita pepo* subsp. Pepo): Pathogenicity and management. **Crop Prot.**, 126: 104943, 2019.

VOULDOUKIS, I.; LACAN, D.; KAMATE, C.; COSTE, P.; CALENDA, A.; MAZIER, D.; CONTI, M.; DUGAS, B. Antioxidant and anti-inflammatory properties of a Cucumis melo LC. Extract rich in superoxide dismutase activity. **J. Ethnopharmacol**, 94: 67-75, 2004.

WANG, X., WANG, J., DUAN, S., YAN, X., WANG, Y., HE, X., WU, W. Identification and characterization of root-knot nematodes infecting *Polygonatum sibiricum* and *Peucedanum praeruptorum* in China. **Agronomy**, 14, 782, 2024.

WU, B.; JIA, X.; ZHU, W.; GAO, Y.; TAN, K.; DUAN, Y.; CHEN, L.; FAN, H.; WANG, Y.; LIU, X.; XUAN, Y.; ZHU, X. Light signaling regulates root-knot nematode infection and development via HY5-SWEET signaling. **BMC Plant Biology**, 24: 664, 2024.

Xiang, N.; Lawrence, K. S.; Donald, P. A. Biological control potential of plant growth-promoting rhizobacteria suppression of *Meloidogyne incognita* on cotton and *Heterodera glycines* on soybean: A reviw. **J. Phytopathol.**, 166: 449-458, 2018.

YANG, R., LIU, B., TENG, A., ZHANG, L., WANG, H., YANG, Z., LI, J., XIA, Y., WANG, J. The impact of continuous cropping on phenolic acids in muskmelon soil and the colonization of *Trichoderma viride*. **Agron.**, 14, 1-15, 2024.