



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

IZABEL MACEDO GUIMARÃES

**REAÇÃO DE GERMOPLASMAS DE MELÃO A *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* E
HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO AC-33 A *Monosporascus cannonballus***

MOSSORÓ-RN

2016

IZABEL MACEDO GUIMARÃES

**REAÇÃO DE GERMOPLASMAS DE MELÃO A *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* E
HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO AC-33 A *Monosporascus cannonballus***

Tese apresentada ao Doutorado em Fitotecnia
do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia
da Universidade Federal Rural do Semi-Árido
como requisito para obtenção do título de
Doutor em Fitotecnia

Linha de Pesquisa: Melhoramento de Plantas

Orientador: Glauber Henrique de Sousa Nunes

MOSSORÓ-RN

2016

©Todos os direitos estão reservados à 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 nº 9.279/1996, e Direitos Autorais: Lei nº 9.610/1998. O conteúdo desta obra tornar-se-á de domínio público após a data de defesa e homologação da sua respectiva ata, exceto as pesquisas que estejam vinculadas ao processo de patenteamento. Esta investigação será base literária para novas pesquisas, desde que a obra e seu (a) respectivo (a) autor (a) seja devidamente citado e mencionado os seus créditos bibliográficos.

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Biblioteca Central Orlando Teixeira (BCOT)
Setor de Informação e Referência (SIR)

M963r Macedo Guimarães, Izabel .
REAÇÃO DE GERMOPLASMAS DE MELÃO A *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* E HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO AC-33 A *Monosporascus cannonballus* / Izabel Macedo Guimarães. - 2016.
71 f. : il.

Orientador: Glauber Henrique Souza Nunes.
Coorientadora: Rafaela Priscila Antonio.
Tese (Doutorado) - Universidade Federal Rural do Semi-árido, Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, 2016.

1. Melhoramento genético. 2. Resistência genética. 3. Herança da resistência. 4. fungos de solo. 5. Cucumis melo. I. Souza Nunes, Glauber Henrique, orient. II. Priscila Antonio, Rafaela, co-orient. III. Título.

Bibliotecário-Documentalista
Nome do profissional, Bib. Me. (CRB-15/10.000)

**REAÇÃO DE GERMOPLASMAS DE MELÃO A *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* E
HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO AC-33 A *Monosporascus cannonballus***

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

Linha de Pesquisa: Melhoramento de Plantas

Defendida em: 26 / 02 / 2016.

BANCA EXAMINADORA

Glauber Henrique de Sousa Nunes

D. Sc. Glauber Henrique Sousa Nunes (UFERSA)

Presidente

Elaine Welk Lopes Pereira Nunes

D. Sc. Elaine Welk Lopes Pereira Nunes

Membro Examinador

Rafaela Priscila Antonio

D. Sc. Rafaela Priscila Antonio (EMBRAPA – Semiárido)

Membro Examinador

Pedro Martins Ribeiro Júnior

D. Sc. Pedro Martins Ribeiro Júnior (EMBRAPA – Semiárido)

Membro Examinador

Lidiane Kelly de Lima

D. Sc. Lidiane Kelly de Lima (UFERSA)

Membro Examinador

Aos meus pais, Guimarães e Daguia,
por sempre terem acreditado no poder
transformador da educação e nunca
desistirem de acreditar em mim.

Aos meus irmãos, Felipe Guimarães,
Alice Guimarães e Aline Guimarães,
pela compreensão e amor.

A Arthur, afilhado amado, por inocentemente
ter entendido minha ausência.

Dedico

A Vladimir Gurgel, por todo o amor, dedicação,
Apoio e companheirismo.

Ofereço

AGRADECIMENTOS

Agradeço à Universidade Federal Rural do Semiárido – UFRSA, por todos os ensinamentos na minha vida acadêmica.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Capes, pela concessão da bolsa.

Ao meu orientador, Glauber Henrique de Sousa Nunes, pelo apoio e ensinamentos.

A Rafaela Priscila Antônio, pela oportunidade do Doutorado Sanduíche na Universidade Federal de Lavras – UFLA.

A Márcia Michelle Ambrósio, por todo o apoio, empenho e dedicação.

A todos do Grupo de Estudos de Recursos Genéticos e melhoramento de Plantas – GERMEV, em especial Elaíne Welk, Anânkia e José Maria pela ajuda.

A todos do Laboratório de Microbiologia e Fitopatologia, em especial Louise, Beatriz e Maria Alice pela amizade.

Aos amigos da Pós-graduação em Fitotecnia da UFRSA, Ana Paula Medeiros, Patrícia Liane e Antônio Mendonça Júnior pela amizade.

Muito obrigada!

RESUMO

O cultivo do meloeiro no semiárido nordestino em ciclos consecutivos tem gerado problemas causados por fungos habitantes do solo, como *Fusarium solani* e *Monosporascus cannonballus*. O uso de cultivares resistentes é uma medida interessante para o manejo da doença. Em razão disso, é importante que fontes de resistência sejam identificadas e se conheça a herança da resistência. Os objetivos do presente trabalho foram: a) avaliar a reação de acessos de meloeiro a *F. solani* f. sp. *cucurbitae* e b) avaliar a reação de acessos e estudar a herança da resistência do acesso AC-33 a *M. cannonballus*. No primeiro experimento, foram avaliados 21 acessos em um delineamento inteiramente casualizado em casa-de-vegetação. Foram inoculados dois isolados, com o método do palito, aos 15 dias após a semeadura. A avaliação dos acessos foi realizada 30 dias após a inoculação, com uma escala de 0 a 4. Os acessos AC-01, AC-09, AC-42, AC-45 e AC-50 e a cultivar 'Doublon' são os materiais mais promissores para uso em programas de melhoramento genético visando à resistência a *F. solani* ou como porta-enxertos. No segundo experimento, foram avaliados 16 acessos e a linhagem OF-02 em um delineamento inteiramente casualizado. Utilizou-se o isolado MC-16 para infestação de mistura em volume de 1:1:1 de terra, turfa e areia, previamente esterilizada com a adição de uma concentração 20 u.f.c./g de solo. A avaliação foi realizada aos 45 dias utilizando uma escala de notas (1 a 5). No terceiro experimento, investigou-se a herança da resistência do acesso AC-33 (resistente) cruzado com a linhagem OF-02 (suscetível). Observou-se a existência de variabilidade no germoplasma investigado para reação ao fungo. O acesso AC-33 é altamente resistente a *M. cannonballus* e sua resistência é controlada por um gene maior de efeito aditivo e dominante e poligenes de efeitos aditivos.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, controle genético, germoplasma, monogênico, poligenes.

ABSTRACT

The melon cultivation in semi-arid northeast in consecutive cycles has generated problems caused by fungi inhabitants of the soil, such as *Fusarium solani* and *M. cannonballus*. The use of resistant cultivars is an interesting measure for the management of the disease. For this reason, it is important identify sources of resistance and study their inheritance. The objectives of this work were: a) to evaluate the reaction of melon accessions to *F. solani* f. sp. *Cucurbitae*; b) to evaluate the reaction of accessions and study the inheritance of resistance of accession AC-33 to *M. cannonballus*. In the first experiment, we evaluated twenty-one accessions in a completely randomized design in greenhouse. Two isolates were inoculated fifteen days after sowing by the toothpick. The assessment was done Thirty days after inoculation with a scale scored from zero to four. The accessions AC-01, AC-09, AC-42, AC-45, AC-50 and the cultivar 'Doublon' are the most promising materials for use in breeding programs for resistance to *F. solani* or as rootstocks. In the second experiment, sixteen accessions and line OF-02 were evaluated in a completely randomized design. We used the isolated MC-16 to infestation of a mixture (1:1:1) with soil, peat, and sand previously sterilized with the addition of a concentration of 20 u.f.c./g soil. The evaluation was performed at 45 days using a rating scale (1-5). In the third experiment, we investigated the inheritance of resistance of accession AC-33 crossed with line OF-02 (susceptible). We observed variability in the germplasm investigated for reaction to the fungus. The AC-33 is highly resistant to access *M. cannonballus* and its resistance is controlled by a major gene with additive and dominant effects and polygenes with additive effects.

Keywords: *Cucumis melo*, soil-borne pathogens, genetic control, germplasm.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 – Inóculo do isolado *F. solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1 colonizando palitos de dente 37
- Figura 2 – Inoculação pelo método do palito em plantas de melão..... 38

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 2

Tabela 1	–	Ordem (<i>Rank</i>), média e reação de acessos de meloeiro a isolados de <i>F. solani</i> f. sp. <i>cucurbitae</i> raça 1.....	40
Tabela 2	–	Caracterização morfológica de acessos de melão resistentes ou moderadamente resistentes a <i>F. solani</i> f. sp. <i>cucurbitae</i> raça 1.....	42

CAPÍTULO 3

Tabela 1	–	Modelos de herança utilizados pelo programa Monogen.....	58
Tabela 2	–	Média e reação de acessos de meloeiro a isolados de <i>M. cannonballus</i>	59
Tabela 3	–	Notas médias das gerações P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC ₁₁ e RC ₁₂ , componentes de média e grau médio de dominância (GMD) em estudo de herança da resistência do acesso AC-33 a <i>M. cannonballus</i>	62
Tabela 4	–	Variâncias das gerações P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC ₁₁ e RC ₁₂ , estimativas dos componentes de variância do modelo aditivo-dominante e herdabilidade no sentido amplo em estudo de herança da resistência do acesso AC-33 a <i>M. cannonballus</i>	63
Tabela 5	–	Testes de hipóteses de modelos genéticos hierárquicos em estudo de herança da resistência do acesso AC-33 a <i>M. cannonballus</i>	64

SUMÁRIO

1	CAPITULO 1- INTRODUÇÃO GERAL	13
2	REFERENCIAL TEÓRICO	15
2.1	Importância e diversidade genética do meloeiro	15
2.2	<i>Monosporascus cannonballus</i> na cultura do meloeiro	16
2.3	Reação de Germoplasma e melhoramento genético para resistência a <i>Monosporascus cannonballus</i>	18
2.4	<i>Fusarium solani f. sp. cucurbitae</i> raça 1 na cultura do meloeiro	21
	REFERÊNCIAS	23

CAPÍTULO 2 - REAÇÃO DE ACESSOS DE MELOEIRO COLETADOS NO NORDESTE DO BRASIL A *Fusarium solani f. sp.* *cucurbitae* raça 1.....

	RESUMO	31
	ABSTRACT	32
1	INTRODUÇÃO	33
2	MATERIAL E MÉTODOS	36
2.1	Área experimental	36
2.2	Germoplasma	36
2.3	Isolado e preparação do inóculo	36
2.4	Condução do experimento e avaliações	38
2.5	Delineamento experimental e análises estatísticas	38
3	RESULTADOS E DISCUSSÕES	39
4	CONSIDERAÇÕES FINAIS	43
	REFERÊNCIAS	44

CAPÍTULO 3 – AVALIAÇÃO DE ACESSOS E HERANÇA DA RESISTÊNCIA A *Monosporascus cannonballus* EM MELOEIRO.....

	RESUMO	48
	ABSTRACT	49
1	INTRODUÇÃO	50
2	MATERIAL E MÉTODOS	52

2.1	Área experimental.....	52
2.2	Germoplasma.....	52
2.3	Isolado e preparação do inóculo.....	52
2.4	Condução do experimento e avaliações.....	53
2.5	Delineamento experimental e análises estatísticas	53
3	RESULTADOS E DISCUSSÕES.....	59
3.1	Avaliação da reação dos acessos a <i>M. cannonballus</i>	59
3.2	Herança da resistência do acesso AC-33 a <i>M. cannonballus</i>	61
4	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	67
	REFERÊNCIAS.....	68

CAPÍTULO 1

1 INTRODUÇÃO GERAL

O Nordeste brasileiro responde por mais de 95% da produção e exportação de melão (*Cucumis melo* L.). Os principais estados produtores no período de agosto de 2013 a janeiro de 2014 foram o Ceará e o Rio Grande do Norte, com 61,14% e 38,76% da produção nacional, respectivamente (MDIC/ALICE WEB, 2015). Os polos produtores são Vale do Jaguaribe, no Ceará, e o Agropolo Mossoró-Assu, no Rio grande do Norte. As razões do destaque destas regiões são as condições climáticas favoráveis ao desenvolvimento da cultura, como altas temperaturas ($> 28^{\circ}\text{C}$), baixa precipitação pluviométrica ($\approx 600 \text{ mm ano}^{-1}$) e a alta luminosidade e a adoção de alta tecnologia pelas empresas produtoras. Os frutos produzidos têm como destino principal a Comunidade Europeia, Estados Unidos, Ásia e Chile (NUNES et al., 2006).

Apesar de todo o potencial econômico e da adaptação edafoclimática predominante no Agropólo Mossoró-Assu e Baixo Jaguaribe, fatores têm influenciado na redução da produção e da qualidade dos frutos, destacando-se as doenças causadas por fungos habitantes do solo. Dentre estes, podemos mencionar *Fusarium solani* (Mart.) Sacc. e *Monosporascus cannonballus* Pollack et Uecker (MARINHO et al., 2002; ANDRADE et al., 2005). Estes agentes fitopatogênicos são causadores de podridões de raiz e do colo, podendo parasitar as plantas desde seu estágio inicial de desenvolvimento até completar seu ciclo vegetativo. No entanto, o desenvolvimento dos sintomas só é iniciado com a frutificação das plantas, o que sugere que o *stress* da formação do fruto pode ser fator de desenvolvimento da doença declínio de ramas (AL-MAWAALI et al., 2013), com o escurecimento das raízes mais novas, evoluindo para as raízes mais velhas (BEDENDO, 2011), reduzindo a absorção de água e nutrientes.

O controle de doenças causadas por *F. solani* e *M. cannonballus* é complexo, pois estes fungos são habitantes do solo e apresentam estruturas de resistência, como clamidósporos e peritécios. Além disso, por se tratar de doenças que ocorrem nas raízes, a diagnose sempre é tardia e o controle com fungicidas nem sempre é econômico, e tecnicamente torna-se difícil atingir o alvo biológico, bem como limitações quanto à contaminação ambiental do solo. Há poucos progressos no controle biológico de doenças causadas por esses fungos maioria dos patossistemas, devido aos poucos antagonistas, que

nem sempre são competitivos o suficiente e a maioria dos testes ocorre *in vitro*. Sendo assim, buscar fontes de resistência em plantas, por meio do controle genético, é uma alternativa importante no manejo dessas doenças (MICHEREFF, DOMINGOS, ANDRADE, 2005; BARBOSA, TERÃO, BATISTA, 2010; GHAD, EL-KOLALY, ABDEL-SATTAR, 2013; MARTÍNEZ- MEDINA et al., 2014).

No patossistema de *F. solani* do meloeiro, a diversidade de raças exige a busca contínua de fontes de resistência. Há poucos relatos ou trabalhos de resistência genética em *F. solani*, pois os maiores problemas são decorrentes do fungo *F. oxysporum*, que até o momento não foi identificado no Rio Grande do Norte. Champaco, Martyn e Miller (1993) relataram, em testes de patogenicidade, que MR-1 e Doublon não apresentaram resistência a *F. solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1. Considerando a limitação de fontes de resistência a *F. solani* no Nordeste do Brasil, para os pequenos produtores, bem como para futuros trabalhos de melhoramento, tornam-se primordiais ações que busquem fontes de resistência.

Com o descobrimento da fonte de resistência de plantas a patógenos, torna-se importante estudar a herança dessa resistência genética. Alguns trabalhos foram realizados para identificar fontes de resistência a *M. cannonballus* no meloeiro, porém os materiais só foram classificados como tolerantes e moderadamente resistentes (CROSBY, 2000; CROSBY et al., 2000; CROSBY, 2001; SALARI et al., 2012). Tão importante quanto descobrir o gene de resistência é entender o controle genético da resistência nestas fontes. Tem-se apenas um relato sobre a herança da resistência a *M. cannonballus* (DIAS et al., 2004), que é oligogênica. Todavia, a herança depende da fonte de resistência e do *background* do genitor suscetível utilizado no estudo. Conhecer a herança do patossistema auxilia o melhorista no processo de transferência do (s) alelo(s) para genótipos comerciais.

Diante dessas considerações, os objetivos do presente trabalho foram avaliar a reação de acessos a *F. solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1 e a herança da resistência do AC-33 de meloeiro a *M. cannonballus*.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância e diversidade genética do meloeiro

O melão (*C. melo* L.) apresenta posição de destaque no comércio de frutas frescas no Brasil. Em 2014, a área plantada com essa cultura foi de 22.001 hectares (IBGE, 2015) e foram exportados mais de 177.800 kg da fruta *in natura* (IBRAF, 2015). Os maiores produtores desta olerícola são os estados do Rio Grande do Norte, Ceará, Bahia e Pernambuco (MAPA, 2015).

No nordeste do Brasil, a fruticultura contribui para o desenvolvimento econômico e social das microrregiões produtoras, como no caso do Estado do Rio Grande do Norte, com a produção do melão. O desenvolvimento dessa olerícola na região foi beneficiado pelo limitado índice pluviométrico anual na região do semiárido do Rio Grande do Norte, oferta de trabalho abundante, terra disponível, capacidade empresarial e facilidade para escoar a produção para o mercado externo, favorecendo a competitividade do meloeiro no estado (OLIVEIRA et al., 2011).

O meloeiro pertence ao gênero *Cucumis* da família Cucurbitaceae. Sua região de origem segue sendo motivo de debates entre os estudiosos. Um grupo defende o leste africano como provável centro de origem do meloeiro (KERJE, GRUM, 2000; LUAN et al., 2010). O segundo grupo defende a Ásia, mais especificamente a Índia, como local de origem do meloeiro (SEBASTIAN et al., 2010; JOHN et al., 2012). Durante sua domesticação, o meloeiro sofreu um intenso processo de diversificação, produzindo centros de diversidade desta cucurbitácea. Os principais centros de diversidade estão localizados na bacia do Mar Mediterrâneo (desde sudeste europeu até a Turquia), na Ásia Central (Irã, Iraque e Uzbequistão), na Índia e na Ásia oriental, em países como China, Japão e Coreia (WHITAKER; DAVIS, 1962).

O meloeiro possuiu grande diversidade morfológica, em especial em seus frutos, sendo a espécie mais polimórfica do gênero *Cucumis* (LUAN et al., 2010). O pesquisador francês Charles Naudin foi o primeiro a subdividir a grande variação observada em 16 variedades botânicas. O trabalho pioneiro de Naudin em 1859 foi a base para classificações subsequentes (COGNIAUX; HARMS, 1924; FILOV, 1960; WHITAKER; DAVIS, 1962; MUNGER; ROBINSON, 1991; PITRAT et al., 2000).

Atualmente, a espécie *Cucumis melo* L. foi subdividida em duas subespécies em função da presença e comprimento de pelos no ovário. Segundo o referido critério, cultivares

com ovários de pelos longos pertencem à subespécie *agrestes*, ao passo que ovários com pelos curtos identificam a subespécie *melo* (JEFREY, 1980). As variedades ou grupo botânicos *acidulus*, *conomon*, *momordica*, *makuwa* e *chinensis* pertencem à subespécie *agrestis*; ao passo que *chate*, *flexuosus*, *tibish*, *adana*, *ameri*, *cantalupensis*, *chandalak*, *reticulatus*, *inodorus* e *dudaim* pertencem à subespécie *melo* (BURGER et al., 2006). Ressalta-se que algumas destas variedades não são bem definidas, pois muitas características são heterogêneas. Além disso, existem tipos intermediários, dificultando, em muitas situações, a classificação. Estudos atualizados com marcadores moleculares, como microssatélites e SNPs, têm confirmado a classificação proposta por Pitrat (2008) (ESTERAS et al., 2013).

Dentro das variedades ou grupos botânicos estão os tipos de melão, sendo os tipos comercializados no Brasil: Amarelo, Honey Dew, Pele de sapo, Cantaloupe, Gália e Charentais. Os três primeiros tipos de melão pertencem à variedade botânica *inodorus* e se caracterizam por serem frutos sem aroma, boa resistência ao transporte e elevada vida pós-colheita. Os melões do tipo Cantaloupe (americano) e Charentais (europreu) são aromáticos, têm elevados valores de sólidos solúveis e baixa conservação pós-colheita (NUNES et al., 2006), assim como o melão Gália (KARCHI, 2000). Esses tipos de melão podem ser cruzados entre si e na verdade existe uma continuidade entre eles, com muitas formas intermediárias. Com efeito, as diferentes características fenotípicas dos tipos de melão podem ser combinadas e exploradas nos programas de melhoramento dessa cultura, propiciando a produção de genótipos superiores (PITRAT et al., 2000).

2.2 *Monosporascus cannonballus* na cultura do meloeiro

O declínio de ramas é causado por *Monosporascus cannonballus* (POLLACK; UECKER, 1974), um ascomiceto habitante do solo, economicamente importante na cultura do melão. Foi identificado no Brasil causando perdas no melão no Rio Grande do Norte e no Ceará em 2002 (SALES JÚNIOR et al., 2003); em melancia (*Citrullus lanatus*) no município de Mossoró, Rio Grande do Norte e Quixeré, Ceará (SALES JÚNIOR et al., 2010).

Em isolamento de raízes de melão no município de Mossoró, foi identificada a presença do fungo em 11,4% das raízes analisadas e 4,8% nas raízes de melão analisadas no município de Icapuí, Ceará (MARINHO et al., 2002). Em levantamento da microflora das raízes do melão nos mesmo estados, o fungo foi isolado em 30% das áreas apresentando

colapso (ANDRADE et al., 2005). Tentando comparar as densidades de ascósporos em amostras solo de 15 áreas não cultivadas de Caatinga e 15 áreas produtoras de melão do Rio Grande do Norte e do Ceará, observou-se que em todos os solos estudados foram identificados ascósporos de *M. cannonballus* (MEDEIROS et al., 2006)

M. cannonballus infecta as raízes de plantas, principalmente as raízes secundárias e terciárias, geralmente ocorre no início do ciclo, mas os sintomas secundários são percebidos no final do ciclo. Os sintomas principais são necrose nas raízes e pequenas lesões na raiz principal. A colonização e necrose seguem durante todo o ciclo da cultura, danificando o sistema radicular. O sinal primário do agente fitopatogênico nas raízes é a formação de estruturas reprodutivas sexuais, os peritécios, esféricos e pretos sobre o tecido radicular. Quando maduros, os peritécios rompem-se e liberam os ascósporos no solo (MARTYN, 1996).

O controle dessa doença é difícil, não existindo atualmente um método de controle disponível de baixo custo e longa duração, garantindo controle efetivo em campo, embora pesquisas tenham buscado estratégias para solucionar o problema. O uso de indutores de resistência, como o jasmonato de metila, mostrou-se eficiente no controle *M. cannonballus* quando combinado com práticas agrônômicas integradas adequadas na cultura do melão (ALEANDRI et al., 2010). O controle biológico com *Chaetomium* como antagonista foi eficiente (SALES JÚNIOR et al., 2007), porém não é usado na prática.

Alternativas de controle químico com produtos fumigantes, como brometo de metila, em tratamento pré-plantio em Israel foi eficiente no controle da doença (COHEN et al., 2000), porém no Brasil esse produto não pode mais ser utilizado. A aplicação de metam de sódio no sistema de irrigação inibiu significativamente a reprodução do fungo em raízes infectadas de melão (RADEWALD, FERRIN, STANGUELLINI, 2004). O fungicida fluazinam apresentou eficiência *in vitro* para o controle de *M. cannonballus* (MEDEIROS et al., 2006b), e o mesmo princípio ativo foi eficiente em casa de vegetação para o controle desta enfermidade nos solos infestados, usado na dose de 1,5 l por hectare (GUIMARÃES et al., 2008).

Avaliando-se a estrutura populacional de isolados de *M. cannonballus*, que provoca declínio de ramas em melão, por meio de grupos de compatibilidade micelial com isolados de sete campos de melão em três municípios do Nordeste do Brasil, constatou-se o baixo nível de diversidade genética entre os isolados estudados, sugerindo que o controle por meio da resistência genética seja uma estratégia promissora para a região (BEZERRA et al., 2013).

2.3. Reação de Germoplasma e melhoramento genético para resistência a *Monosporascus cannonballus*

O uso de cultivares resistentes é uma das melhores medidas de controle de patógenos. Suas principais vantagens são a fácil adoção por parte dos agricultores, complementação com outras medidas de controle e não prejuízo ao meio ambiente. Não obstante a importância do *M. cannonballus* como patógeno causador de prejuízos na cultura do melão, não existem cultivares comerciais ao referido fungo.

Uma das primeiras ações para obter cultivares resistentes é identificar fontes de resistências no germoplasma disponível. Por ser a cucurbitácea mais polimórfica do gênero *Cucumis* (LUAN et al., 2010), espera-se que o germoplasma do meloeiro tenha variação para resistência a *M. cannonballus* e, por conseguinte, fontes de resistência promissoras. Um dos primeiros esforços foi realizado no começo da década de noventa nos Estados Unidos. Mertely; Martyn (1993) identificaram as cultivares Improved, Cruiser, Durango, PI 12411, Laredo, Hale's Best Jumbo, Honeydew Green Flesh mais a F1 do cruzamento PI 12411 x Tam Dew foram tolerantes a *M. cannonballus*. Em avaliações realizadas no Vale Arava, Israel, foram identificadas duas fontes com elevada tolerância. A primeira foi a linhagem melhorada P6a, desenvolvida a partir de germoplasma originário do Sudoeste asiático. A segunda, denominada F35a, foi uma linhagem melhorada do tipo Galia (COHEN et al., 1996). Posteriormente, Wolff; Miller (1998) avaliaram 125 acessos de meloeiro pertencentes a diferentes tipos de melão. Contataram-se diferenças quanto à tolerância no germoplasma, com superioridade dos tipos Charenthais e Ananas sobre os tipos Galia, Cantaloupe e tipos não definidos. Neste trabalho, foram identificadas como promissoras fontes de resistência as cultivares 'Deltex' (tipo Ananas) e 'Doublon' (tipo Charenthais). Todavia, a cultivar 'Deltex' mostrou-se suscetível nas condições de Israel (COHEN et al., 2000).

Crosby et al. (2001), avaliando 74 de acessos pertencentes a subespécie *agrestis*, identificaram três acessos (20608, 20747 and 20826) com elevado nível de resistência. Na Espanha, sob condições de campo e infestação artificial em casa de vegetação, identificou-se o acesso Pat 81, também pertencente à subespécie *agrestis*, com alto nível de tolerância (ESTEVA; NUEZ, 1994; IGLESIAS; NUEZ, 1998, IGLESIAS et al. 1999, 2000a, b). Mais recentemente, avaliando cultivares iranianas, Salari et al. (2012, 2013) identificaram as cultivares 'Sfidak khatdar', 'Sfidak bekhat', 'Nabijani', 'Ghandak', 'Mollamosai', 'Chappat', 'Shadgan' e 'Hajmashallahi' como moderadamente resistentes a *M. cannonballus*. A

resistência da cultivar ‘Nabijani’ provavelmente está associada ao acúmulo das atividades de fenóis totais, proteínas totais e peroxidase (SALARI et al., 2013).

No que diz respeito à herança da resistência a *M. cannonballus*, são poucos os relatos na literatura. Estudando a herança da resistência nos genitores P6a e BSK (‘Black Skin’) quando cruzados, respectivamente, com os genitores suscetíveis D17 e P202, verificou-se em ambos os cruzamentos a presença de ação gênica aditiva no controle genético (COHEN et al., 1996). Iglesias et al. (2000a) estudaram a herança da resistência do acesso Pat 81 utilizando as gerações F1, F2 e retrocruzamentos obtidos nos cruzamentos com os genitores suscetíveis ‘VC-185’ (Amarelo) e ‘VC-186’ (Pele de Sapo) com avaliações da severidade da doença em diferentes tempos após a inoculação. Os autores sugeriram um controle genético monogênico com penetrância incompleta da resistência. Em ambos os estudos, não foi estimado o número de genes que controlavam a resistência. Dias et al. (2004) estudaram a herança da lesão no caule e nas raízes a partir do cruzamento entre ‘Pioñet’ (susceptível) e Pat 81 (tolerante). Para lesões do patógeno no caule, foi estimado aproximadamente um gene (0,94) envolvido no controle genético, ao passo que para lesões nas raízes a estimativa foi superior (2,01 genes), indicando que o melhoramento genético para a resistência/tolerância pode ser obtido por retrocruzamentos. Na herança de ambos os caracteres, estiveram envolvidos efeitos aditivos e de dominância com ausência de epistasia.

Um aspecto que merece destaque em programas de melhoramento é o fato de que a tolerância em meloeiro a *M. cannonballus* está estritamente relacionada ao sistema radicular. Crosby et al. (2000), avaliando caracteres do sistema radicular em duas cultivares tolerantes (‘Doublon’ e ‘Deltex’) e duas cultivares suscetíveis (‘Magnum 45’ and ‘Caravelle’), constataram maiores médias para o comprimento total da raiz, o diâmetro médio da raiz, o número de ramificações da raiz, o número de raízes finas (0,0-0,5 mm) e o número de raízes pequenas (0,5-1,0 mm) na cultivar ‘Deltex’ em comparação com os cultivares suscetíveis; e maior na cultivar ‘Doublon’ do que na cultivar ‘Caravelle’. Segundo os referidos autores, o incremento da capacidade de absorção de água e nutrientes está associado com a maior área superficial das raízes e deve ser um fator importante na tolerância a *M. cannonballus*. Além disso, comentam que cultivares tolerantes possuem menor redução de raízes finas após a infecção. A tolerância do acesso Pat 81 é explicada pelo elevado vigor e ramificação pronunciada do seu sistema radicular. Este acesso tem elevada massa radicular, mesmo quando infectado, quando comparado à cultivar suscetível Pioñet (DIAS et al., 2002).

A associação entre tolerância ao fungo e vigor do sistema radicular indica que os pesquisadores devem focar os caracteres que compõem o sistema radicular do genótipo

com o intuito fortalecer e melhorar sua arquitetura. Para isso, é fundamental conhecer a herança das características que compõem o sistema radicular. Nesse sentido, um dos primeiros estudos foi realizado por Crosby (2000), o qual, estudando a herança em sete caracteres do sistema radicular, verificou a predominância de efeitos aditivos e a presença de efeito de dominância para cruzamentos específicos. Na Espanha, também foi estudado o controle genético de caracteres relacionados ao sistema radicular no cruzamento envolvendo 'Pioñet' (suscetível) e Pat 81 (tolerante) em condições de casa de vegetação com solo esterilizado e em campo naturalmente infestados pelo *M. cannonballus*. Verificou-se a presença de efeitos aditivos e dominantes para a biomassa, o peso fresco da raiz e a área da superfície radicular. O número de genes envolvidos para os referidos caracteres foram, respectivamente, 0,3; 0,7 e 1,9 (DIAS et al., 2004).

Crosby (2000) estimou herdabilidade no sentido restrito para caracteres do sistema radicular e para resistência das cultivares Doublon, Deltex e linhagens em cruzamentos com cultivares altamente suscetíveis. Os valores estimados pelo método regressão genitor-progênie em plantas controle (não inoculadas) foram elevados (0,71 a > 1,0) para os caracteres comprimento total da raiz, comprimento das raízes menores (0,5 a 2,0 cm) e área da superfície radicular e mediano (0,55) para o número de raízes secundárias. Todavia, em plantas inoculadas as estimativas foram inferiores, sendo elevadas (> 1,0) para comprimento total da raiz e área da superfície radicular, e reduzidas ou medianas (0,21 a 0,52) para os demais caracteres. Dias et al. (2004) observaram estimativas de herdabilidade, sentidos amplo e restrito, baixas a medianas (0,2 a 0,66) para caracteres do sistema radicular.

As fontes de resistência podem ser utilizadas em programas de melhoramento clássico e/ou como porta-enxertos. Na primeira alternativa, registra-se a execução de um programa visando à obtenção de linhagens Pele de sapo resistentes ou tolerantes a *M. cannonballus* e com frutos de excelente qualidade (> 12° Brix). Para isso, foram realizados três retrocruzamentos e posteriores autofecundações a partir do cruzamento entre Pat 81 e a cultivar 'Pioñet' (Pele de Sapo). Selecionaram-se várias linhagens com *background* tipo Pele de Sapo, com maior destaque quanto à tolerância e à qualidade do fruto para os genótipos 32349.8F1, 32349.8F2 e 04271338 (FITA et al, 2009a, b).

Na segunda alternativa, o meloeiro pode ser enxertado sobre porta-enxertos pertencentes a outras cucurbitáceas, como abóboras, abobrinhas e morangas (*Cucurbita* spp.), melancia (*Citrullus lanatus*) e o próprio melão (KING et al., 2010). Na região de Arava, ao Sul de Israel, a incidência de problemas com *M. cannonballus* foi menor em plantas de meloeiro enxertadas do que nas não enxertadas (EDELSTEIN et al., 1999). Avaliando a

produção de frutos de quatro híbridos de melão Galia não enxertados e enxertados sobre o híbrido *Cucurbita* TZ 148, em campos não infestados e infestados naturalmente, Cohen et al. (2005) concluíram que a enxertia foi um sucesso em virtude de ter reduzido a incidência de plantas doentes e incrementou a produtividade. O acesso Pat 81 foi utilizado como porta-enxerto com excelentes resultados. Plantas enxertadas sobre o referido acesso tiveram poucos sintomas e boa qualidade de frutos quando comparadas a plantas enxertadas sobre porta-enxertos do gênero *Cucurbita*. Além disso, não se observou incompatibilidade ao se utilizar o acesso Pat 81 como porta-enxerto (FITA et al., 2007).

2.4 *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* na cultura do meloeiro

Algumas espécies de fungo do gênero *Fusarium* provoca doenças na família Cucurbitáceas. As espécies mais relevantes para o meloeiro são *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* e *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae*. A espécie *F. oxysporum* f. sp. *melonis* ainda não foi identificada em condições do Nordeste brasileiro. Esse fato é surpreendente uma vez que o referido fungo em todas as regiões produtoras de melão em todo o mundo (OUMOULOU et al., 2013). Todavia, a espécie *F. solani* foi identificada associada a raízes do meloeiro no Rio Grande do Norte e Ceará, principais produtores de melão do país (MARINHO et al., 2002). No Vale do São Francisco, em Petrolina, Pernambuco, em estudos de diversidade dos fungos filamentosos presentes em solo cultivado com o meloeiro, também foi isolado *F. solani* associado às raízes da cv. Gold Mine (COUTINHO et al., 2010).

A espécie *F. solani* f. sp. *cucurbitae* possui duas raças classificadas em função do órgão da planta atacado. A raça 1 (FSC 1), teleomorfa *Nectria haematococca*, faz raiz, colo e frutos de cucurbitáceas apodrecerem; e a raça 2 (FSC2) faz só o fruto apodrecer. As duas raças não são facilmente distinguidas morfológicamente (MEHL; EPSTEIN, 2007).

A principal alternativa para o controle desta doença é o uso de cultivares resistentes, de vez que o controle químico é pouco eficiente. Ainda não há cultivares resistentes ao referido fungo, sendo importante a busca por fontes de resistência no germoplasma da cultura ou no mesmo germoplasma de espécies com maior afinidade filogenética uma atividade imprescindível para o início de programas de melhoramento genético. Não há muitos relatos sobre a reação de genótipos de meloeiro a *F. solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1. Um dos primeiros trabalhos foi realizado nos Estados Unidos com dois isolados procedentes dos estados da Califórnia e de Arkansas, inoculados em plântulas com duas semanas de 23 genótipos de meloeiro. Os autores observaram que todos foram altamente suscetíveis a ambos

os isolados. Entre os genótipos avaliados estavam as diferenciadoras de raças de *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* ‘Doublon’ e ‘MR-1’ (CHAMPACO et al., 1993). A cultivar ‘Honey Dew’ foi suscetível (CHEHRI et al., 2011)

Em um ensaio visando a estudar a reação de 20 acessos de meloeiro e dois híbridos comerciais, verificou-se a formação de três grupos de genótipos em função do tamanho das lesões no colo, avaliadas aos 14 dias após a inoculação. O primeiro grupo apresentou dez acessos (lesões de 0,8 cm a 1,49 cm), o segundo apresentou sete acessos e os dois híbridos comerciais (de 1,65 cm a 2,07 cm) e o terceiro apresenta três acessos (2,50 cm a 3,58 cm). Os autores concluíram que acessos do primeiro grupo constituem fontes promissoras de resistência a *F. solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1, podendo ser explorados no programa de melhoramento genético do meloeiro visando à resistência a esse patógeno (SANTOS et al., 2015).

Há uma tendência para o cultivo do meloeiro com o uso de porta enxertos em todo o mundo. Os porta-enxertos avaliados para o meloeiro são aqueles pertencentes a outras cucurbitáceas, como abóboras, abobrinhas e morangas (*Cucurbita* spp.), melancia (*Citrullus lanatus*) e o próprio melão (KING et al., 2010). O uso de porta-enxertos em melancia para o controle, principalmente de espécies de fusários causadores de podridão e murchas, é bastante difundido em melancia. Com efeito, também é uma alternativa para o controle do fungo no meloeiro. No Japão, Nagao et al. (1994) concluíram que as cultivares ‘Suzunari-nishiki’ e ‘Miyako’ (*Cucurbita maxima*) foram mais suscetíveis do que as cultivares ‘Zam Squash’ (*Cucurbita pepo*) e ‘Yashiro-yon-go’ (*Cucurbita moschata*). Os híbridos interespecíficos (*C. maxima* x *C. moschata*) comumente utilizados como porta-enxertos em melancia (Brava, Titan, Shintoza, RS-841, TZ-148, TW-I) e as cultivares ‘Waltham Butternut’ (*C. moschata*) e Duke de Homo (*C. maxima*) foram suscetíveis.

REFERÊNCIAS

ALICEWEB/MDIC - Sistema de Análise das Informações de Comércio Exterior/Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio Exterior. Disponível em <<http://aliceweb.mdic.gov.br//index/home>>. Acesso em: 16 fev. 2016.

ALEANDRI, M. P.; REDA, R.; TAGLIAVENTO, V.; MAGRO, P.; CHILOSI, G. Effect of chemical resistance inducers on the control of *Monosporascus* root rot and vine decline of melon. **Phytopathologia Mediterranea**, v. 49, p. 18–26, 2010.

AL-MAWAALI, Q. S.; AL-SADI, A. M.; AL-SAID, F. A.; DEADMAN, M. L. Etiology, development and reaction of muskmelon to vine decline under arid conditions of Oman. **Phytopathologia Mediterranea**, v. 52, n. 3, p. 457–465, 2013.

ANDRADE, D. E. G. T.; MICHEREFF, S. J.; BIONDI, C. M.; NASCIMENTO, C. W. A.; SALES JR., R. Frequência de fungos associados ao colapso do meloeiro e relação com características físicas, químicas e microbiológicas dos solos. **Summa Phytopathologica**, v. 31, p. 326-331, 2005.

BARBOSA, M. A. G.; TERAPO, D.; BATISTA, D. C. Doenças. In: COSTA, N. D. (org.). Sistema de produção de melão. Petrolina: **Embrapa Semiárido**, 2010. (Embrapa Semiárido. Sistemas de Produção, 5). Disponível em <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Melao/SistemaProducaoMelao/doencas.html>>. Acesso em: 22 jan. 2016.

BEDENDO, I. P. Podridão de raiz e colo. In: AMORIN, L.; REZENDE, J. A. M.; BERGAMIN FILHO, A. (org.). **Manual de Fitopatologia: princípios e conceitos**. Piracicaba: Agronômica Ceres, p. 443-449, 2011.

BEZERRA, C. S.; CORREIA, K. C.; CÂMARA, M. P. S.; SALES JÚNIOR, R.; ARMENGOL, J.; MICHEREFF, S. J. Population structure of *Monosporascus cannonballus* isolated from melons produced in Northeastern Brazil based on mycelial compatibility groups. **Acta Scientiarum**. Agronomy, Maringá, v. 35, n. 2, p. 161-167, 2013.

BURGER, Y.; SA'AR, U.; PARIS, H. S.; LEWINSOHN, E.; KATZIR, N.; TADMOR, Y.; SCHAFFER, A. A. Genetic variability for valuable fruit quality traits in *Cucumis melo*. **Israel Journal of Plant Sciences**, Jerusalém, v. 54, n. 3, p. 233-242, 2006.

CHAMPACO, E. R.; MARTYN, R. D.; MILLER, M. E. Comparison of *Fusarium solani* and *Fusarium oxysporum* as causal agents of fruit rot and root rot of muskmelon. **HortScience**, v. 28, p. 1174-1177, 1993.

CHEHRI K.; SALLEH, B., YLI-MATTILA, T.; REDDY, K.R.N.; ABBAS, S. Molecular characterization of pathogenic *Fusarium* species in cucurbit plants from Kermanshah province, Iran. **Saudi Journal of Biological Sciences**, v. 18, p. 341-351, 2011.

COGNIAUX, A.; HARMS, H. *Cucurbitaceae - Cucurbiteae - Cucumerineae*, p. 116-157. In **Das Pflanzenreich. Regni vegetabilis conspectus** (A. Engler ed.). Vol: 88 (IV.275.II). ilhelm Engelmann, Leipzig (DE). 1924.

COHEN, R., ELKIND, Y., BURGER, Y., OFFENBACH, R., NERSON, H. 1996. Variation in the response of melon genotypes to sudden wilt. **Euphytica**, v. 87, n.1, p. 91-95, 1996.

COHEN, R.; PIVONIA, S.; BURGER, Y.; EDELSTEIN, M.; GAMLIEL, A.; KATAN, J. Toward integrated management of *Monosporascus* wilt of melons in Israel. **Plant Disease**, St. Paul, v. 84, n. 4, p. 496-505, 2000.

COHEN, R.; BURGER, Y.; HOREV, C.; PORAT, A. EDELSTEIN, M. Performance of Galia-type melons grafted on to *Cucurbita* rootstock in *Monosporascus cannonballus*-infested and non-infested soils. **Annals of Applied Biology**, v. 146, p.381-387, 2005.

COUTINHO, F. P.; CAVALCANTI, M. A. Q.; YANO-MELO, M. Y. Filamentous fungi isolated from the rhizosphere of melon plants (*Cucumis melo* L. cv. Gold Mine) cultivated in soil with organic amendments. **NOTA CIENTÍFICA. Acta botanica brasileira**, v. 24, p. 292-298, 2010.

CROSBY, K. Narrow-sense heritability estimates for root traits and *Monosporascus cannonballus* tolerance in melon (*Cucumis melo* L.) by parent-offspring regression. In: Katzir N and Paris HS (eds.). Proceedings of 7th Eucarpia meeting on cucurbit genetics and breeding. **Acta Hort.** ISHS, Leuven, Belgium, 510, p. 149-154, 2000.

CROSBY, K. Screening *Cucumis melo* L. *agrestis* germplasm for resistance to *Monosporascus cannonballus*. **Plant Science**, v. 53, p. 24-26, 2001.

CROSBY, K.; WOLFF, D.; MILLER, M. Comparisons of root morphology in susceptible and tolerant melon (*Cucumis melo* L.) cultivars before and after infection by *Monosporascus cannonballus*. **Horticulture Science**, v. 35, p. 681-683, 2000.

DIAS, R.C.S., PICÓ, B.; HERRAIZ, J.; ESPINÓS, A. NUEZ, F. Modifying root structure of cultivated muskmelon to improve vine decline resistance. **HortScience**, v. 37, p.1092-1097, 2002.

DIAS, R. C. S.; PICÓ, B.; ESPINÓ, A. S.; NUEZ, F. Resistance to melon vine decline derived from *Cucumis melo* ssp. *agrestis*: Genetic analysis for root structure and root response. **Plant Breeding**, v. 23, n. 1, p. 66-72, 2004.

EDELSTEIN, M., COHEN, R., BURGER, Y., SHRIBER, S., PIVONIA, S., SHTIENBERG, D. Integrated management of sudden wilt in melons, caused by *Monosporascus cannonballus*, using grafting and reduced rates of methyl bromide. **Plant Disease**, v. 83, p. 1142-1145, 1999.

ESTERAS, C.; FORMISANO, G.; ROIG, C.; DÍAZ, A.; BLANCA, J.; GARCIA-MAS, J.; GÓMEZ-GUILLAMÓN, M. L.; LOPÉZ-SESÉ, A. I.; LÁZARO, A.; MONFORTE, A. J.; PICÓ, B. SNP genotyping in melons: genetic variation, population structure, and linkage disequilibrium. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 126, p. 1285-1303, 2013.

ESTEVA, J., NUEZ, F. Field resistance to melon dieback in *Cucumis melo* L. **Cucurbit Genetic Cooperative**, v.17, p. 76-77, 1994.

FILOV, A.I. [The problem of melon systematics]. *Vestnik sel'skochozjajstvennoj nauki*, v. 1, p. 126-132, 1960.

FITA, A., PICÓ, B.; ROIG, C.; NUEZ, F. Performance of *Cucumis melo* ssp *agrestis* as a rootstock for melon. **Journal Horticulture Science Biotechnology**. v..82, p. 184-190, 2007.

FITA, A.; PICÓ, B.; DIAS, R. C. S.; NUEZ, F. 'Piel de Sapo' Breeding Lines Tolerant to Melon Vine Decline. **HortScience**, v. 44, n. 5, p. 1458-460. 2009a.

FITA, A.; PICÓ, B.; DIAS, R. C. S.; NUEZ, F. *Cucumis melo* L. New Breeding Lines Tolerant to Melon Vine Decline. **HortScience**, v. 44, n.7, p. 2022-2024, 2009b.

GHADA, A.; EL-KOLALY, A.; ABDEL-SATTAR, M. A. Biological and Chemical Control of the Sudden Wilt Disease of Cantaloupe in Egypt. **J Am Science**, v. 9, p. 100-108, 2013.

GUIMARÃES, I. M.; SALES JÚNIOR, R.; SILVA, K. J. P.; MICHEREFF, S. J.; NOGUEIRA, D. R. S. Efeito de fluazinam no controle de *Monosporascus cannonballus*, agente causal do declínio de ramas em meloeiro. **Caatinga**, v. 21, n. 4, p. 147-153, 2008.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Disponível em <<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia/agropecuaria/censoagro/default.shtm>>. Acesso em: 12 jan. 2016.

IBRAF - INSTITUTO BRASILEIRO DE FRUTAS. Disponível em: <<http://www.ibraf.org.br/>>. Acesso em: 13 jan. 2016.

IGLESIAS, A., NUEZ, F. Caracterización de diversas entradas de melón frente al colapso o muerte súbita. **Actas de Horticultura**, v. 22, p. 139-147, 1998.

IGLESIAS, A., PICÓ, B.; NUEZ, F. Resistance to melon dieback in *Cucumis melo* ssp. *agrestis* Pat 81. **Phytopathology** 89, S35, 1999.

IGLESIAS, A., PICÓ, B.; NUEZ, F. A temporal genetic analysis of disease resistance genes: resistance to melon vine decline derived from *Cucumis melo* var. *agrestis*. **Plant Breeding**, v. 118, p. 1-6, 2000.

JEFREY, C. A review of the cucurbitaceae. **Botanic Journal Linneus Society**, v. 81, n. 2, p. 233-247, 1980.

JOHN, K. J.; SCARIAH, S.; NISSAR, V. A. M.; LATHA, M.; GOPALAKRISHNAN, S.; YADAV, S. R.; BHAT, K. V. On the occurrence, distribution, taxonomy and genepool relationship of *Cucumis callosus* (Rottler) Cogn, the wild progenitor of *Cucumis melo* L. from India. **Genetic Resources Crop Evolution**, Holanda, v. 59, n. 1, p. 1-10, 2012.

KARCHI, Z. Development of melon culture and breeding in Israel. Proceedings of 7th EUCARPIA Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding. **Acta Horticulture**, v. 510, p. 13-17, 2000.

KERJE, T.; GRUM, M. The origin of melon, *Cucumis melo*: A review of the literature. **Acta Horticulture**, Bélgica, v. 510, n. 1, p. 34-37, 2000.

KING, S.R., DAVIS, A.R.; ZHANG, X.; CROSBY, K. 2010. Genetics, breeding and selection of rootstocks for Solanaceae and Cucurbitaceae. **Scientia Horticulturae**, v. 127, p.106-111, 2010.

LUAN, F.; SHENG, Y.; WANG, Y.; STAUB, J. E. Performance of melon hybrids derived from parents of diverse geographic Origins. **Euphytica**, Holanda, v. 173, n. 1, p. 1-16, 2010.

MARTÍNEZ-MEDINA, A.; ALGUACIL, M. D. M.; PASCUAL, J. A.; VAN WEES, S. C. M. Phytohormone Profiles Induced by Trichoderma Isolates Correspond with Their Biocontrol and Plant Growth-Promoting Activity on Melon Plants. **J Chem Ecol**, v. 40, p. 804–815, 2014.

MARTYN, R. D.; MILLER, M. E. *Monosporascus* root rot and vine decline: An emerging disease of melon worldwide. **Plant Disease**, St. Paul, v. 80, n. 7, p. 716- 725, 1996.

MARINHO, R. E. M.; SALES JUNIOR, R.; MARACAJÁ, P. B.; SILVA, G. F.; COSTA, F. M.; SILVA, E. C. Identificação da micoflora associada a raízes de meloeiro nos estados do Rio Grande do Norte e Ceará. **Caatinga**, Mossoró, v. 15, n. 1, p. 25-28, 2002.

MEDEIROS, E. V.; SALES JUNIOR, R.; MICHEREFF, S. J.; BARBOSA, M. R. Quantificação de ascósporos de *Monosporascus cannonballus* em solos não cultivados de Caatinga e em áreas de cultivo de melão do Rio Grande do Norte e Ceará. **Fitopatologia Brasileira**, v. 31, p. 500-504, 2006a.

MEDEIROS, E. V.; SALES JUNIOR, R.; MICHEREFF, S. J. Eficiência de fungicidas no controle “*in vitro*” de *Monosporascus cannonballus*. **Caatinga**, Mossoró-RN, v. 19, n. 4, p. 360-368, 2006b.

MEHL, H. L.; EPSTEIN, L. Identification of *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* race 1 and race 2 with PCR and production of disease-free pumpkin seeds. **Plant Disease**, v. 91, p. 1288-1292, 2007.

MERTELY, J.C., MARTYN, R.D., MILLER, M.E., BRUTON, B.D. 1993. An expanded host range for the muskmelon pathogen *Monosporascus cannonballus*. **Plant Disease**, v. 77, p. 667-673, 1993.

MICHEREFF, S. J.; DOMINGOS, E. G. T.; ANDRADE, M. M. **Ecologia e manejo de patógenos radiculares em solos tropicais**. Recife, PE: UFRPE, 2005.

MUNGER, H. M.; ROBINSON, R. W. Nomenclature of Cucumis melo L. **Cucurbit Genetic Cooperative Report**, Raleigh, v. 14, n. 1, p. 43-44, 1991.

NUNES, G. H. S.; MADEIROS, A. E. S.; GRANGEIRO, L. C.; SANTOS, G. M.; SALES JUNIOR, R. Estabilidade fenotípica de híbridos de melão amarelo avaliados no Pólo Agroindustrial Mossoró-Assu. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 9, p. 57-67, 2006.

OLIVEIRA, D. M.; ALMEIDA, C. A. S.; PONTES, F. S. T.; DANTAS, C. C.; PONTES, F. M. A cultura do melão no estado do Rio Grande do Norte pós plano real: 1995-2009. **Revista Verde**, v. 6, n. 3, p. 192, 2011.

OUMOULOUD, A.; EL-OTMANI, M.; CHIKH-ROUHO, H.; GARCÉS CLAVER, A.; GONZÁLEZ TORRES, R.; PERL-TREVES, R.; ÁLVARES, J.M.A. Breeding melon for resistance to Fusarium wilt: recent developments. **Euphytica**, v. 192, n.1, p. 192:155-169, 2013.

PITRAT, M.; HANELT, P.; HAMMER, K. Some comments on infraspecific classification of cultivars of melon. **Acta Horticulture**, v. 510, p. 29-36, 2000.

POLLACK, F. G.; UECKER, F. A. *Monosporascus cannonballus* an unusual ascomycete in cantaloupe roots. **Mycologia**, v. 66, p. 346-349, 1974.

RADEWALD, K. C.; FERRIN, D. M.; STANGHELLINI, M. E. Sanitation practices that inhibit reproduction of *Monosporascus cannonballus* in melon roots left in the field after crop termination. **Plant Pathology**, v. 53, p. 660–668, 2004.

SALARI, M.; PANJEHKEH, N.; NASIRPOOR, Z.; ABKHOO, J. Reaction of melon (*Cucumis melo* L.) cultivars to soil-borne plant pathogenic fungi in Iran. **African Journal of Biotechnology**, v. 11, p. 15324-15329, 2012.

SALARI, M.; PANJEHKEH, N.; NASIRPOOR, Z.; ABKHOO, J. Reaction of Melon (*Cucumis melo* L.) Cultivars to *Monosporascus cannonballus* (Pollack & Uecker) and their effect on total phenol, total protein and peroxidase activities. **Journal of Phytopathology**, v. 161, p. 363-368, 2013.

SALES JÚNIOR, R.; OLIVEIRA, O. F.; SENHOR, R. F.; ALVES, M. Z. *Monosporascus cannonballus* agente causal do colapso em plantas de melão no Rio Grande do Norte, Brasil. **Fitopatologia Brasileira**, v. 28, p. 567, 2003.

SALES JÚNIOR, R.; BELTRÁN, R.; VICENT, A.; ARMENGOL, J.; GARCÍA-JIMÉNEZ, J.; MEDEIROS, E. V. Controle biológico de *Monosporascus cannonballus* com *Chaetomium*. **Fitopatologia Brasileira**, v. 32, p. 70-74, 2007.

SALES JÚNIOR, R. et al. First Report of *Monosporascus cannonballus* on Watermelon in Brazil. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 94, n. 2, p. 278, 2010.

SANTOS, J. D. S.; ANTÔNIO, R. P.; NETO, J. L. S.; RIBEIRO JÚNIOR, P. M.; DIAS, R. C. S. Reação de acessos de meloeiro a *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae*. In: **X Jornada de Iniciação Científica da Embrapa Semiárido**. Resumo. Petrolina, PE: SOB (CD-ROM), 2015.

SEBASTIAN, P.; SCHAEFERB, H.; TELFORD, I. R. H.; RENNER, S. S. Cucumber (*Cucumis sativus*) and melon (*C. melo*) have numerous wild relatives in Asia and Australia, and the sister species of melon is from Australia. **Proceedings National Academy Science USA**, v. 107, p. 14269–14273, 2010.

WHITAKER, T. W.; DAVIS, G. N. **Cucurbits: botany, cultivation, and utilization**. London: [s.n], 249, 1962.

WOLFF, D.W., MILLER, M.E. Tolerance to *Monosporascus* root rot and vine decline in melon (*Cucumis melo* L.) germplasm. **HortScience**, v. 33, p. 287-290, 1998.

CAPÍTULO 2

REAÇÃO DE ACESSOS DE MELOEIRO COLETADOS NO NORDESTE DO BRASIL A *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1

RESUMO

O melão é altamente adaptado às condições edafoclimáticas predominantes no semiárido nordestino. No entanto, diversos fatores têm ocasionado o decréscimo da produtividade, dentre estes estão as doenças causadas por fungos habitantes do solo, que causam podridão do colo. *Fusarium solani* é um dos mais importantes. O objetivo do presente trabalho foi avaliar a reação de acessos de meloeiro a *F. solani* f. sp. *cucurbitae*. Foram avaliados 21 acessos em um delineamento inteiramente casualizado em casa-de-vegetação. Foram inoculados dois isolados, pelo método do palito, aos 15 dias após a sementeira. A avaliação dos acessos foi realizada 30 dias após a inoculação com uma escala de notas de zero a quatro. Os acessos AC-01, AC-09, AC-42, AC-45 e AC-50 e a cultivar 'Doublon' são os materiais mais promissores para uso em programas de melhoramento genético visando à resistência a *F. solani* ou como porta-enxertos.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, Podridão do colo, germoplasma, resistência.

ABSTRACT

The melon is highly adapted to the prevailing soil and climatic conditions in Brazilian northeastern semi-arid. However, several factors have caused a decrease in productivity, being highlighted diseases caused by fungi of the soil inhabitants, causing stem rot. *Fusarium solani* is one of the most important. The objective of this study was to evaluate the reaction of melon accessions to *F. solani* f. sp. *cucurbitae*. We evaluated twenty-one accessions in a completely randomized design in greenhouse. Two isolates were inoculated fifteen days after sowing by the toothpick. The assessment was done thirty days after inoculation with a scale scored from zero to four. The accessions AC-01, AC-09, AC-42, AC-45, AC-50 and the cultivar 'Doublon' are the most promising materials for use in breeding programs for resistance to *F. solani* or as rootstocks.

Key-words: *Cucumis melo*, stem rot, germplasm, genetic resistance.

1 INTRODUÇÃO

A cultura do melão tem grande relevância para a economia do estado do Rio Grande do Norte. Em 2014 e 2015, o melão liderou a pauta de exportação de frutas do estado, ocupando, no mesmo período, o primeiro lugar na balança comercial no estado, chegando a exportar 16.670 toneladas de melão *in natura* em dezembro de 2015 (FIERN, 2015).

O meloeiro apresenta excelente adaptação às condições edafoclimáticas predominantes no semiárido nordestino. Não obstante, inúmeros fatores contribuem para a queda de produtividade e da qualidade dos frutos, entre os quais se destaca a ocorrência de doenças (ANDRADE et al., 2005). Dentre as doenças, aquelas ocasionadas por patógenos habitantes do solo são relevantes. Dentre os patógenos mais observados em amostras retiradas de raízes de meloeiro, destacam-se as espécies *Monosporascus cannonballus* Pollack et Uecker, *Macrophomina phaseolina* Tassi (Goid.), *Fusarium solani* (Mart.) Sacc. e *Rhizoctonia solani* Kühn (MARINHO et al., 2002; ANDRADE et al., 2005;). Estas espécies também estão presentes em ervas daninhas em talhões de produção do meloeiro (SALES JÚNIOR et al., 2012). A ocorrência destes patógenos pode propiciar reduções quantitativas e qualitativas na produtividade, constituindo, em alguns casos, fator considerável na redução da produção.

Em levantamentos realizados para verificar a ocorrência de fungos de solo no sul da Espanha, observou-se que plantas de melão exibiam necrose na haste basal, murcha e morte. Analisando morfológicamente e realizando inoculações experimentais, constatou-se que o agente causal correspondia a *F. solani* f. sp. *cucurbitae*. Esse foi o primeiro relato desse agente causal na Europa (GÓMEZ et al., 2014). Na província de Valência, no leste-central da Espanha, *F. solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1 foi relatado em campos de abóbora (*Cucurbita máxima*) (GARCÍA-JIMENEZ et al., 1997) e causando doenças em abobrinha em Almeria, também na Espanha (GÓMEZ et al., 2008). Avaliando a microflora do melão nos estados do Rio Grande do Norte e do Ceará, Brasil, Andrade et al. (2005) verificaram a presença de *F. solani* e que apenas 11% das infecções foram causadas pelo agente isoladamente e em 88,9% dos casos a infecção ocorria em associação com outros patógenos, os quais eram indicados como responsáveis por podridão radicular.

O fungo *F. solani* é um importante desencadeador de podridão de raízes, formado por um micélio branco-acinzentado, flocoso, variando de esparso a denso, com hifas septadas. Os

macroconídios e os microconídios são os esporos assexuados formados pelo fungo. Esta espécie produz estrutura de resistência conhecida como clamidósporos, que pode sobreviver no solo por anos. A forma sexual corresponde ao ascomiceto *Haematonectria haematococca*, que produz peritécios, no interior dos quais formam-se ascos (BEDENDO, 2011). A espécie possui duas raças classificadas em função do órgão da planta atacado. A raça 1 (FSC 1), teleomorfa *Nectria haematococca*, faz com que raiz, colo e frutos de cucurbitáceas apodreçam; e raça 2 (FSC2) apodrece o fruto. As duas raças não são facilmente distinguidas morfológicamente (MEHL, EPSTEIN, 2007).

O controle das doenças causadas por patógenos veiculados pelo solo é tarefa difícil, (MOREIRA; SIQUEIRA, 2006; MICHEREFF et al., 2005). Por não existir a alternativa do controle químico com fungicidas registrados para conter o inóculo de *F. solani* em meloeiro (AGROFIT, 2016), o método mais indicado é a resistência genética pela sua fácil adoção e por reduzir os danos ao ambiente e, por consequência, proporcionar maior segurança alimentar ao consumidor. Além disso, pode ser utilizada de forma complementar ao controle preventivo, reduzindo os custos de produção (BARBOSA et al., 2010).

Não obstante, inexitem cultivares resistentes ao referido fungo, sendo importante a busca por fontes de resistência no germoplasma da cultura imprescindível para o início de programas de melhoramento genético. São pouquíssimos os relatos sobre a reação de genótipos de meloeiro a *F. solani*. Um dos primeiros trabalhos foi realizado com dois isolados procedentes dos Estados Unidos inoculados em plântulas de 23 genótipos de meloeiro. Os autores não identificaram genótipos resistentes. Entre os genótipos avaliados, estavam as diferenciadoras de raças de *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* ‘Doublon’ e ‘MR-1’ (CHAMPACO et al., 1993). Em estudo realizado também nos Estados Unidos, constatou-se que a cultivar ‘Honey Dew’ foi suscetível (CHEHRI et al., 2011).

No Brasil, em um ensaio visando a estudar a reação de 20 acessos de meloeiro e dois híbridos comerciais, verificou-se a formação de três grupos de genótipos em função do tamanho das lesões no colo avaliada aos 14 dias após a inoculação. O primeiro grupo apresentou dez acessos (lesões de 0,8 cm a 1,49 cm), o segundo apresentou sete acessos e os dois híbridos comerciais (de 1,65 cm a 2,07 cm) e o terceiro apresentou três acessos (2,50 cm a 3,58 cm). Os autores concluíram que acessos do primeiro grupo constituem fontes promissoras de resistência a *F. solani*, podendo ser explorados no programa de melhoramento genético do meloeiro visando à resistência a esse patógeno (SANTOS et al., 2015).

Mesmo tendo seus centros de origem, domesticação primária e secundária em regiões distantes do Brasil, há variedades tradicionais adaptadas às diferentes condições

edafoclimáticas nacionais (DELWING et al., 2007). As referidas variedades têm sido coletadas na agricultura de subsistência de vários estados do Nordeste brasileiro. Porém, não há informações sobre a reação do germoplasma nacional a diversos patógenos, entre eles *F. solani*. Em razão disso, ações de pesquisa com esse intuito são necessárias, de modo que o melhorista deve constantemente procurar novas fontes no germoplasma disponível.

Diante dessas considerações, o presente trabalho objetivou avaliar a reação de acessos de meloeiro do germoplasma nacional a diferentes isolados de *F. solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Área experimental

O presente estudo foi desenvolvido em casa de vegetação, do Departamento de Ciências Vegetais (DCV) e em laboratório de Fitopatologia e Microbiologia na Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA), em Mossoró, no Rio Grande do Norte. As coordenadas geográficas da área são 5° 02' 02'' S e 37° 22' 33,6'' W. Segundo a Classificação de Köppen, o clima da região é tropical semiárido muito quente do tipo BSw^h, com precipitação anual entre 380 e 760 mm.

2.2 Germoplasma

Foram avaliados 21 acessos de melão da coleção de germoplasma da UFERSA, quinze acessos coletados em pequenas propriedades, feiras livres do Nordeste brasileiro (AC-01; AC-04; AC-06; AC-09; AC-11; AC-12; AC-22; AC-23; AC-35; AC-37; AC-39; AC-41; AC-42; AC-45 e AC-50) e os genótipos 'Charentais T', 'Doublon', PI 313970, 'MR-1', 'Charentais Fom 1' e 'Charentais Fom 2'.

2.3 Isolados e preparação do inóculo

Os isolados fitopatogênicos (FS 01 e FS 02) foram obtidos de raízes e colo de plantas de melão com sintomas de podridão, coletadas na horta didática da UFERSA. Foram retirados fragmentos do tecido vegetal afetado, incluindo colo, raiz principal e secundária. Os fragmentos foram submetidos ao procedimento padrão de isolamento. Com o auxílio de um bisturi, os fragmentos foram retirados das margens das lesões e transferidos para uma solução aquosa de álcool 70% por 30 segundos. Em seguida, para uma solução desinfestante de hipoclorito de sódio 1% durante um minuto. Com o auxílio de uma pinça flambada, os fragmentos foram lavados em água destilada e esterilizada e secos em papel filtro estéril. Os fragmentos foram distribuídos de forma equidistante no meio de cultura com BDA com antibiótico tetraciclina (0,05 g L⁻¹). As placas foram incubadas a 25° C durante sete dias, até o crescimento do fungo. A identificação do fungo foi realizada por meio das características morfológicas observadas em microscópio. Para manutenção e preservação, os isolados foram

repicados em tubos de criogenia com meio Batata-Dextrose- Ágar (BDA), pelo Método Castellani. Antes de iniciar o experimento, foi realizado o teste de patogenicidade em plantas de melão em casa de vegetação, pelo método do palito, sendo observados sintomas de podridão no colo da planta. Logo após a observação dos sintomas, realizou-se o isolamento e análise morfológica em microscópio para confirmação do fungo em estudo.

No preparo do inóculo, foram utilizados pontas de palito de dente de madeira (1,0 cm), inseridas verticalmente em discos de papel filtro com o mesmo diâmetro da placa de Petri. Depois de fixados dentro das placas, com a parte pontiaguda dos palitos voltadas para cima, estes foram esterilizados a 121° C em autoclave por 30 minutos (YORINORI, 1996). Posteriormente, verteu-se meio de cultivo em BDA com antibiótico tetraciclina (0,05 g L⁻¹) deixando expostos cerca de 2mm da extremidade dos palitos.

Foram depositados três discos de 0,5 mm de diâmetro com estruturas do fungo *F. solani*, f. sp. *cucurbitae* raça 1 distribuídos equidistantes em cada placa de Petri com meio BDA. As placas foram incubadas por cerca de oito dias, em estufa tipo B.O.D a 28° C ± 2, no escuro, para completa colonização dos palitos. A inoculação, no colo da planta, ocorreu 15 dias após a semeadura, com palitos colonizados pelo fungo. Os palitos sem o inóculo, também esterilizado em autoclave, foram utilizados como testemunha.

Os isolados foram preservados na coleção de culturas de fungos do laboratório de Microbiologia e Fitopatologia do setor de Fitossanidade da UFERSA.



Figura 1. Inóculo do isolado *F. solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1 colonizando palitos de dente. UFERSA, Mossoró-RN, 2014.



Figura 2. Inoculação pelo método do palito em plantas de melão. UFERSA, Mossoró-RN, 2014.

2.4 Condução do experimento e avaliações

Foram realizados dois experimentos em casa de vegetação nos anos de 2014 e 2015. As sementes dos acessos foram selecionadas, eliminando-se aquelas que apresentavam algum dano físico, como rachadura ou furos. Os materiais foram semeados diretamente, em vasos de poliestireno de 1,0 L de capacidade, contendo uma proporção de 3:1 de solo com substrato Plantmax® autoclavado a 121°C durante uma hora, foram semeadas duas sementes por vaso e sete dias após a semeadura realizou-se o desbaste. As plantas foram irrigadas diariamente de forma manual com regador, com uma lâmina de água média de 30 mL por vaso.

Os materiais genéticos foram avaliados aos 30 dias após a inoculação quanto aos níveis de severidade da fusariose, com o auxílio de uma escala de notas de 0 a 4 (NORONHA et al., 1995) modificada, onde 0: ausência de sintomas; 1: caule com pequenas lesões; 2: caule com lesões sem constrição; 3: caule totalmente constricto; 4: plantas mortas. Avaliou-se a severidade média da doença agrupando os acessos nas seguintes classes de resistência: 0: similar a imune (SI); 0,1-1,0: altamente resistente (AR); 1,1-2,0: moderadamente resistente (MR); 2,1-3,0: suscetível (SU) e 3,1-4,0: altamente suscetível (AS).

2.5 Delineamento experimental e análises estatísticas

Os experimentos foram conduzidos em delineamento inteiramente casualizado com doze repetições por experimento, sendo cada unidade experimental constituída por um vaso contendo uma planta. Os resultados de severidade foram avaliados pelo teste não paramétrico de Kruskal-Wallis com nível nominal de significância de 5% de probabilidade ($\alpha= 0,05$). As análises foram processadas no *Software R* (R CORE TEAM, 2015).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram observadas diferenças entre os acessos para reação aos dois isolados inoculados (Tabela 1), indicando heterogeneidade genética. No primeiro caso, verificou-se que os acessos foram discriminados em quatro grupos de reação. Não houve acesso com reação semelhante à imunidade (sem sintomas). Treze acessos, correspondente a 61,90%, foram altamente suscetíveis e dois acessos (9,52%) foram suscetíveis. Os acessos brasileiros AC-42, AC-45 e AC-50, bem como ‘Doublon’, foram moderadamente resistentes, ao passo que os acessos AC-01 e AC-09 foram altamente resistentes (Tabela 1).

Para o isolado 2, constatou-se menor discriminação entre os acessos nos grupos de reação. A maioria dos acessos (71,43%) foram moderadamente resistentes, dentre estes os acessos AC-01, AC-42, AC-45 e ‘Doublon’. Os acessos AC-09, AC-23, AC-41 e AC-50 foram altamente resistentes. Somente o acesso AC-06 e a cultivar ‘Charenthais Fom 1’ foram altamente suscetíveis.

Apenas o acesso AC-09 foi altamente resistente aos dois isolados, sendo, portanto, o mais promissor para futuros programas de melhoramento genético. Além deste, merecem destaque os acessos AC-01 e AC-50, moderadamente resistente e altamente resistente, além dos acessos AC-42, AC-45 e ‘Doublon’, moderadamente resistentes a ambos os isolados.

Os acessos ‘Charenthais Fom 1’, ‘Charenthais Fom 2’; ‘Charenthais T’, ‘Doublon’ e ‘MR-1’ são diferenciadores para a identificação de raças do *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis*. A cultivar ‘Charenthais T’ é suscetível a todas as raças. ‘Charenthais Fom 1’ e ‘Doublon’ são resistentes à raça 1 e ‘Charenthais Fom 2’ é resistente à raça 2. A linha ‘MR-1’ é resistente às raças 0, 1 e 2, mas suscetível à raça 1.2. Essas cultivares foram deliberadamente incluídas no presente estudo por não existirem informações da reação das mesmas em relação ao fungo *F. solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1 em condições do semiárido brasileiro. Todas as diferenciadoras, com exceção de ‘Doublon’, foram altamente suscetíveis ao isolado 1. Por outro lado, todas foram moderadamente resistentes ao isolado 2, com exceção de ‘Charenthais Fom 1’, que foi altamente suscetível (Tabela 1). Em trabalho realizado nos Estados Unidos, Champaco et al. (1993) observaram que ‘Doublon’ e ‘MR-1’ foram altamente suscetíveis ao fungo em estudo.

Tabela 1. Ordem (*Rank*), média e reação de acessos de meloeiro a isolados de *F. solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1.

Acesso	Isolado 1			Isolado 2		
	Rank	Média	Reação	Rank	Média	Reação
AC 01	27,1	1,0	AR	182,0	1,5	MR
AC 04	87,1	3,9	AS	197,6	1,7	MR
AC 06	85,4	3,9	AS	225,5	2,0	AS
AC 09	15,3	0,3	AR	105,5	0,8	AR
AC 11	70	3,2	AS	161,1	1,3	MR
AC 12	58,8	2,8	SU	159,1	1,3	MR
AC 22	77,3	3,8	AS	124,8	1,1	MR
AC 23	67,3	3,3	AS	113,4	0,9	AR
AC 35	77,3	3,8	AS	125,8	1,0	MR
AC 37	61,2	2,9	SU	213,3	1,8	MR
AC 39	71,3	3,4	AS	129,2	1,0	MR
AC 41	85,4	3,9	AS	97,7	0,8	AR
AC 42	41,7	1,9	MR	138,6	1,2	MR
AC 45	38,8	1,9	MR	155,8	1,3	MR
AC 50	29,6	1,3	MR	111,4	0,9	AR
CH Fom 1	93,5	3,9	AS	244,0	2,1	AS
CH Fom 2	69,6	3,3	AS	230,4	1,9	MR
CH T	69,6	3,3	AS	225,9	1,9	MR
‘Doublon’	37,7	1,8	MR	219,2	1,9	MR
‘MR-1’	81,8	3,8	AS	215,8	1,9	MR

PI 313970	87,9	3,9	AS	162,4	1,3	MR
Média		2,9			1,4	
χ^2		55,44**			87,30**	

** : Significativo a ($p < 0,05$) pelo teste de Kruskal-Wallis. CH Fom 1: ‘Charenthais Fom 1’; CH Fom 2: ‘Charenthais Fom 2’; CHT: ‘Charenthais T’.

São raros os esforços para se identificar genótipos de meloeiro ao fungo *F. solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1. Galon (2013) avaliou a reação de 33 genótipos de cucurbitáceas em Jaboticabal, São Paulo, com dois isolados, sendo um isolado local e o outro proveniente de Mossoró–RN. Os dois isolados foram ineficientes em induzir sintomas de podridão de raiz e de colo, nas condições edafoclimáticas ocorridas durante a execução dos ensaios.

No Submédio Vale do São Francisco, em Pernambuco, foi avaliada a reação de acessos do Banco de Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas da Embrapa Semiárido à podridão do colo (*F. solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1). Dos 20 acessos de meloeiro testados, todos apresentaram lesões causadas pelo fungo e diferenças no grau de resistência, destacando-se o primeiro grupo, com dez acessos que apresentaram as menores lesões causadas pelo fungo, variando de 0,8 cm a 1,46 cm (SANTOS et al., 2015).

Os acessos promissores AC-01, AC-09, AC-42, AC-45 e AC-50 pertencem ao grupo botânico *momordica*. Melões dessa variedade botânica, originários da Índia, têm como principais características frutos com textura farinácea, com baixo teor de sacarose e que se rompem quando maduros (DHILLON et al., 2007). Esses frutos são cultivados em pequenas propriedades do Nordeste e são utilizados para a produção de suco e para consumo com açúcar após as refeições (DANTAS et al., 2015). Além disso, também são cultivados no sul do país (NEITZKE et al., 2009). Muitos acessos de origem indiana têm sido utilizados como fontes de resistências aos principais patógenos fúngicos do meloeiro, como *Podosphaera xanthii*, *Pseudoperonospora cubensis*, *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis*, além de pragas e agentes de viroses (DHILLON et al., 2012).

A caracterização dos acessos promissores e cultivar ‘Doublon’ identificados no presente trabalho está apresentada na Tabela 2. Os acessos possuem frutos maiores (> 2,0 kg), aromáticos, expressão sexual andromonoica, baixo teor de sólidos solúveis, reduzida firmeza de polpa e mais prolíficos do que as cultivares do Agropolo Mossoró-Assu. A cultivar ‘Doublon’ é de origem francesa e pertence ao grupo botânico *cantaloupensis*. É um fruto do

tipo Charenthais, tendo como principais características a polpa de cor salmão, com elevado teor de sólidos solúveis (> 12°Brix), baixa conservação pós-colheita e aromático.

Tabela 2. Caracterização morfológica de acessos de melão resistentes ou moderadamente resistentes a *F. solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1. Mossoró-RN, UFERSA, 2015.

Acesso	GB	CC	CP	NF	MF	IF	EP	FP	SS
AC-01	2	Cr	Br	2,7	2,5	2,1	4,8	13,1	4,1
AC-09	2	Cr	Br	3,3	2,9	2,2	4,1	12,6	5,5
AC-42	2	Cr	Br	3,6	2,4	2,4	3,7	13,2	4,8
AC-45	2	Cr	Br	4,1	2,2	2,1	4,5	12,6	4,4
AC-50	2	Cr	Bv	2,9	3,1	2,7	5,5	16,1	4,2
'Doublon'	1	Am	Sa	1,2	1,2	1,1	4,1	24,6	12,3

1: *cantaloupensis*; 2: *momordica*. Am: amarelo; Br: branco; Cr: creme; As: salmão. GB: grupo botânico; CC: cor da casca; CP: cor da polpa; NF: número de frutos por planta; MF: massa média do fruto, em kg; IF: índice de formato; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: sólidos solúveis totais, em %.

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os acessos AC-01, AC-09, AC-42, AC-45 e AC-50 e a cultivar 'Doublon' são os materiais mais promissores como porta-enxertos e/ou para programas de melhoramento genético visando à resistência a *F. solani* f. sp. *cucurbitae* raça 1.

REFERÊNCIAS

AGROFIT. Ministério da Agricultura. **Sistema de Agrotóxicos Fitossanitários**. Disponível em: <http://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit_cons/principal_agrofit_cons/>. Acesso em: 22 jan. 2016.

ANDRADE, D. E. G. T.; MICHEREFF, S. J.; BIONDI, C. M.; NASCIMENTO, C. W. A.; SALES JÚNIOR, R. Frequência de fungos associados ao colapso do meloeiro e relação com características físicas, químicas e microbiológicas dos solos. **Summa Phytopathologica**, v. 31, p. 327-333, 2005.

BARBOSA, M. A. G.; TERAPO, D.; BATISTA, D. C. Doenças. In: COSTA, N. D. (org.). Sistema de produção de melão. Petrolina: **Embrapa Semiárido**, 2010. (Embrapa Semiárido. Sistemas de Produção, 5). Disponível em: <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Melao/SistemaProducaoMelao/doencas.html>>. Acesso em: 22 jan. 2016.

BEDENDO, I. P. Podridão de raiz e colo. In: AMORIN, L.; REZENDE, J. A. M.; BERGAMIN FILHO, A. (org.). **Manual de Fitopatologia: princípios e conceitos**. Piracicaba: Agronômica Ceres, 2011. p. 443-449.

CHAMPACO, E. R.; MARTYN, R. D.; MILLER, M. E. Comparison of *Fusarium solani* and *Fusarium oxysporum* as causal agents of fruit rot and root rot of muskmelon. **HortScience**, v. 28, p. 1174-1177, 1993.

CHEHRI K.; SALLEH, B., YLI-MATTILA, T.; REDDY, K.R.N.; ABBAS, S. Molecular characterization of pathogenic *Fusarium* species in cucurbit plants from Kermanshah province, Iran. **Saudi Journal of Biological Sciences**, v. 18, p. 341-351, 2011

DANTAS, A. C. A.; ARAUJO, I. S.; ESTERAS, C.; NUNES, G. H. S. PICÓ, M. B. Diversity of Melon Accessions from Northeastern Brazil and Their Relationships with Germplasms of Diverse Origins. **Journal American. Society Horticulture Science**, v. 10, n. 6, p. 505-517, 2015.

DHILLON, N. P. S.; RANJANA, R.; SINGH, K.; EDUARDO, I.; MONFORTE, A. J.; PITRAT, M.; DHILON, N. L.; SINGH, P. P. Diversity among landraces of Indian Snapmelon (*Cucumis melo* var. *momordica*). **Genetics Resources Crop Evolution**, Holanda, v. 54, n. 6, p. 1267-1283, 2007.

DHILLON N. P. S.; MONFORTE, A. J.; PITRAT, M. Melon landraces of India: contributions and importance. **Plant Breeding Reviews**, v. 35, p. 85-150, 2012.

DELWING, A. B.; FRANKE, L. B.; BARROS, I. B. I. Qualidade de sementes de acessos de melão crioulo (*Cucumis melo* L.). **Revista Brasileira de Sementes**, Brasília, v. 29, n. 2, p. 187-194, 2007.

FIERN. Federação das Indústrias do estado do Rio Grande do Norte. 2016, 28 de janeiro. **Exportações acumuladas 2014 e 2015**. Disponível em: <http://www.fiern.org.br/images/pdf/espaco_empresarial/cin/exportacoes_do_rn_-_dezembro_e_acumulado_2015.pdf>. Acesso em: 12 fev. 2016.

GALON, L. A. **Enxertia e podridão de raízes e colo em cucurbitáceas**. 55f. (Dissertação Mestrado) UNESP, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária, 2013.

GARCÍA-JIMÉNEZ, J.; ARMENGOL, J.; MOYA, M. J.; SALES R, JR. 1997. First report of *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* race 1 in Spain. **Plant Disease**, v. 81, p. 12-16, 1997.

GÓMEZ, J.; GUERRA-SANZ, J. M.; SÁNCHEZ-GUERRERO, M. C.; SERRANO, Y.; MELERO- VARA, J. M. Crown rot of zucchini squash caused by *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* in Almería Province, Spain. **Plant Disease**, v. 92, p. 1137, 2008.

GÓMEZ, J.; SERRANO, Y.; PÉREZ, A.; PORCEL, E.; GÓMEZ, R.; AGUILAR, M. I. *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae*, affecting melon in Almería Province, Spain. **Australasian Plant Disease**, Notes 9, p. 136, 2014.

MARINHO, R. E. M.; SALES JUNIOR, R.; MARACAÇA, P. B.; SILVA, G. F.; COSTA, F. M.; SILVA, E. C. Identificação da micoflora associada a raízes de meloeiro nos estados do Rio Grande do Norte e Ceará. **Caatinga**, Mossoró, v. 15, n. 1, p. 25-28, 2002.

MEHL, H. L.; EPSTEIN, L. Identification of *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* race 1 and race 2 with PCR and production of disease-free pumpkin seeds. **Plant Disease**, v. 91, p. 1288-1292, 2007.

MICHEREFF, S. J.; DOMINGOS, E. G. T.; ANDRADE, M. M. **Ecologia e manejo de patógenos radiculares em solos tropicais**. Recife, PE: UFRPE, 2005.

MOREIRA, F. M. S.; SIQUEIRA, J. O. **Microbiologia e bioquímica do solo**. Lavras, MG: UFLA, 2006.

NEITZKE, R. S.; BARBIERI, R. L.; HEIDEN, G.; BÜTTOW, M. V.; OLIVEIRA, C. S.; CORRÊA, L. B.; SCHWENGBER, J. E.; CARVALHO, F. I. F. Caracterização morfológica e dissimilaridade genética entre variedades crioulas de melão. **Horticultura Brasileira**, v. 27, n. 3, p. 534-538, 2009.

NORONHA, M. A.; MICHEREFF, S. J.; MARIANO, R. L. Efeito do tratamento de sementes de caupi com *Bacillus subtilis* no controle de *Rhizoctonia solani*. **Fitopatologia Brasileira**, v. 20, p. 174-178, 1995.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Disponível em: <<http://www.R-project.org>. 2015>.

SALES JUNIOR, R.; OLIVEIRA, O. F.; MEDEIROS, E. V.; GUIMARÃES, I. M.; CORREIA, K. C.; MICHEREFF, S. J. Ervas daninhas como hospedeiras alternativas de patógenos causadores do colapso do meloeiro. **Ciência Agrônômica**, v. 43, n. 1, p. 195-198, 2012.

SANTOS, J. D. S.; ANTÔNIO, R. P.; NETO, J. L. S.; RIBEIRO JÚNIOR, P. M.; DIAS, R. C. S. Reação de acessos de meloeiro a *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae*. In: **X Jornada de Iniciação Científica da Embrapa Semiárido**. Resumo. Petrolina, PE: SOB (CD-ROM), 2015.

YORINORI, J. T. Cancro da haste: epidemiologia e controle. Londrina. **EMBRAPA-CNPSO**, (Embrapa Soja. Circular Técnica, 14). 1996.

CAPÍTULO 3

AVALIAÇÃO DE ACESSOS E HERANÇA DA RESISTÊNCIA A *Monosporascus* *cannonballus* EM MELOEIRO

RESUMO

O fungo *Monosporascus cannonballus* é um ascomiceto habitante do solo, economicamente importante na cultura do melão em diversas partes do mundo, causando a doença conhecida como “declínio de ramas do meloeiro”. O melhoramento genético para resistência é uma das principais alternativas para controlar esse patógeno. Os objetivos deste trabalho foram avaliar a reação de acessos e a herança da resistência a *M. cannonballus* em meloeiro. No primeiro experimento, foram avaliados 16 acessos e a linhagem OF-02 em um delineamento inteiramente casualizado. Utilizou-se o isolado MC-16 para infestação de mistura em volume de 1:1:1 de terra, turfa e areia, previamente esterilizada com a adição de uma concentração 20 u.f.c./g de solo. A avaliação foi realizada aos 45 dias, utilizando uma escala de notas (1 a 5). No segundo experimento, investigou-se a herança da resistência do acesso AC-33 (resistente) cruzado com a linhagem OF-02 (suscetível). Observou-se a existência de variabilidade no germoplasma investigado para reação ao fungo. O acesso AC-33 é altamente resistente a *M. cannonballus* e sua resistência é controlada por um gene maior de efeito aditivo e dominante e poligenes de efeitos aditivos.

Palavras-chaves: *Cucumis melo*, declínio de ramas, controle genético, poligenes.

ABSTRACT

The fungus *M. cannonballus* is an inhabitant of soil economically important in the melon crop around in world, causing the disease “vine decline of melon”. The breeding for resistance is one of the main alternatives to control this pathogen. The objectives of this work were to evaluate the reaction of accessions and inheritance of resistance to *M. cannonballus*. In the first experiment, sixteen accessions and line OF-02 were evaluated in a completely randomized design. We used the isolated MC-16 to infestation of a mixture (1:1:1) with soil, peat, and sand previously sterilized with the addition of a concentration of 20 u.f.c./g soil. The evaluation was performed at 45 days using a rating scale (1-5). In the second experiment, we investigated the inheritance of resistance of accession AC-33 crossed with line OF-02 (susceptible). We observed variability in the germplasm investigated for reaction to the fungus. The AC-33 is highly resistant to access *M. cannonballus* and its resistance is controlled by a major gene with additive and dominant effects and polygenes with additive effects.

Key words: *Cucumis melo*, vine decline, genetic control, polygenes.

1 INTRODUÇÃO

O meloeiro (*C. melo* L.) é a espécie mais cultivada da família das *Cucurbitaceae*. No Brasil, os principais estados produtores são o Ceará e o Rio Grande do Norte. Os principais polos produtores encontram-se no Ceará, no agropolo do Baixo Jaguaribe (CE); e Rio Grande do Norte, no agropolo Mossoró/Assú (RN). Em conjunto, esses estados respondem por mais de 90% da produção e exportação do melão brasileiro (ALICEWEB/MDIC, 2015).

O cultivo do meloeiro no semiárido brasileiro ocorre praticamente o ano inteiro, com plantios sucessivos na mesma área. Em razão disso, muitos problemas fitossanitários relacionados a patógenos habitantes do solo têm se intensificado nos últimos anos, acarretando redução na produção e qualidade dos frutos. Dentre estes problemas, destaca-se o “colapso das ramas”. Muitos patógenos habitantes do solo, atuando de forma isolada ou conjunta, estão associados a essa doença, dentre estes encontra-se o fungo ascomiceto *Monosporascus cannonballus*, o qual tem sido isolado de raízes de meloeiro em diversas partes do mundo (ANDRADE et al., 2005; SALES JÚNIOR et al., 2012).

O uso de cultivares resistentes constitui alternativa de controle do referido patógeno, tendo como principais vantagens a segurança ao meio ambiente e ao homem, a fácil adoção e complementação com outros métodos de controle. Nesse contexto, uma das primeiras ações é a busca por fontes de resistência no germoplasma disponível. No caso do meloeiro, por ser a espécie mais polimórfica do gênero *Cucumis* (LUAN et al., 2010), há grande germoplasma disponível, tornando possível a identificação de materiais resistentes. Alguns acessos foram considerados tolerantes, como o Pat 81 (FITA et al., 2009) e duas cultivares iranianas (SALARI et al., 2011).

Não obstante, é importante que novas fontes de resistência sejam identificadas, principalmente de germoplasma adaptado às condições brasileiras. O Brasil possui variedades tradicionais adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas nacionais. As variedades tradicionais de melão, introduzidas desde o século XVI pela imigração, ainda existem devido aos trabalhos de seleção realizados por vários ciclos por pequenos agricultores. As referidas variedades têm sido coletadas na agricultura de subsistência de vários estados do Nordeste brasileiro, bem como em outros estados (DELWING et al., 2007). Não há informações sobre

a reação de germoplasma nacional a *M. cannonballus*, sendo importante pesquisas que identifiquem novas fontes de resistência ao referido patógeno.

Por outro lado, uma vez identificadas fontes de resistência, é preciso entender o controle genético da resistência nelas. O controle genético depende da fonte de resistência, bem como do *background* do genitor suscetível utilizado no estudo. Em razão disso, o conhecimento da herança é importante porque norteia o melhorista no processo de transferência do (s) alelo (s) para genótipos comerciais. Existem poucos relatos sobre a herança da resistência a *M. cannonballus* no mundo. Em razão dos genitores envolvidos, condições ambientais e diferentes metodologias empregadas, os resultados são discrepantes. A herança da resistência nos genitores P6a e BSK ('Black Skin') se deve à ação gênica aditiva no controle genético (COHEN et al., 1996). A resistência do acesso Pat 81 é sugerida como monogênica com penetrância incompleta (IGLESIAS et al., 2000). Em ambos os estudos, não foi estimado o número de genes que controlavam a resistência. Dias et al. (2004) estudaram a herança da lesão no caule e nas raízes a partir do cruzamento entre 'Pioñet' (suscetível) e Pat 81 (tolerante). Na herança de ambos os caracteres, estiveram envolvidos efeitos aditivos e de dominância com ausência de epistasia. Para lesões do patógeno no caule, foi estimado aproximadamente um gene (0,94) envolvido no controle genético, ao passo que para lesões nas raízes a estimativa foi superior (2,01 genes), indicando que o melhoramento genético para a resistência/tolerância pode ser obtido por retrocruzamentos.

O presente trabalho foi executado com os objetivos de avaliar a reação de acessos e estudar a herança da resistência a *M. cannonballus* em meloeiro.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Área experimental

O presente estudo foi desenvolvido em casa de vegetação, do Departamento de Ciências Vegetais (DCV), e em laboratório de Fitopatologia e Microbiologia, na Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA), em Mossoró, no Rio Grande do Norte. As coordenadas geográficas da área são 5° 02' 02'' S e 37° 22' 33,6'' W. Segundo a Classificação de Köppen, o clima da região é tropical semiárido muito quente, do tipo BSw^h, com precipitação anual entre 380 e 760 mm.

2.2 Germoplasma

Foram avaliados 16 acessos de melão da coleção de germoplasma da UFERSA: quinze acessos coletados em pequenas propriedades, feiras livres do Nordeste brasileiro (AC-01; AC-04; AC-06; AC-09; AC-11; AC-12; AC-22; AC-23; AC-33; AC-37; AC-39; AC-41; AC-42; AC-45 e AC-50) e a linhagem OF-02.

No estudo de herança, foram utilizados como genitores o acesso AC-33 (resistente) e a linhagem OF-02 (suscetível). O acesso AC-33 pertence ao grupo botânico *momordica*, possui frutos alongados, com massa média de 2,7 kg e sólidos solúveis baixo (< 6°Brix). A linhagem OF-02 pertence ao grupo botânico *inodorus* e tipo Orange Flesh (Honey Dew). Seu fruto tem massa média de 1,6 kg, forma redonda, mesocarpo de coloração salmão e elevado teor de sólidos solúveis (> 12°Brix).

2.3 Isolado e preparação do inóculo

Foi utilizado o isolado (MC-16) coletado em raízes da cultivar 'Goldex' em Mossoró-RN, depositado na Coleção de Fungos do Laboratório de Fitopatologia e Microbiologia da Universidade Federal Rural do Semiárido. O referido isolado mostrou-se patogênico ao

meloeiro em ensaios anteriores. O inóculo foi produzido em substrato artificial de areia-flocos de aveia na proporção 1.000:91,5 (v/p), segundo metodologia desenvolvida por Armengol et al. (1998). Para a inoculação, foram preparados recipientes de 16 cm de diâmetro com uma mistura em volume de 1:1:1 de terra, turfa e areia, previamente esterilizada em autoclave a 120 °C durante uma hora. Nesses recipientes, foi adicionada uma concentração 20 u.f.c./g de solo (BRUTON et al, 1995).

2.4 Condução do experimento e avaliações

Para os dois ensaios, as sementes foram desinfetadas superficialmente com hipoclorito sódico (1,5% de cloro ativo, durante 1 min) e semeadas em bandejas de poliestireno com substrato comercial (Plantmax[®]). As plântulas foram transplantadas quinze dias após a germinação para vasos de plásticos de 2,5 L com uma mistura em volume de 1:1 de substrato comercial (Plantmax[®]) e solo previamente esterilizado em autoclave a 120 °C durante 1 h.

As avaliações foram feitas aos 45 dias, utilizando uma escala de notas de 1: nenhuma necrose aparente, raízes saudáveis; 2: ligeira necrose das raízes finas, poucas lesões bronzeadas; 3: ligeira necrose de todas as raízes, lesões moderadas; 4: necrose grave em todas as raízes, poucas raízes finas, extensas lesões bronzeadas e 5: apenas a presença da raiz principal, necrótica e completamente marrom, desenvolvida por Crosby (2001), para *screening* de genótipos de meloeiro a *M. cannonballus*. Avaliou-se a severidade média da doença agrupando os acessos nas seguintes classes de resistência: 1: similar a imune (SI); 1,1-2,0: altamente resistente (AR); 2,1-3,0: moderadamente resistente (MR); 3,1-4,0: suscetível (SU) e 5,1-5,0: altamente suscetível (AS).

2.5 Delineamento experimental e análises estatísticas

Os ensaios de avaliação de cultivares e estudo de herança foram conduzidos em delineamento inteiramente casualizado. No primeiro ensaio, a parcela consistiu de um vaso com uma planta, sendo usadas oito repetições por tratamento. No segundo ensaio, a parcela foi formada em função das populações utilizadas. Assim, a parcela dos genitores e da F₁ foi

constituída por cinco vasos com uma planta, para F₂, 40 vasos e para os retrocruzamentos, 20 vasos.

Para o ensaio de avaliação da reação dos acessos, foi utilizado o teste não paramétrico de Kruskal-Wallis, com nível nominal de significância de 5% de probabilidade ($\alpha = 0,05$). As análises foram processadas no *Software R* (R CORE TEAM, 2015).

Para o estudo de herança, foram utilizadas duas abordagens estatísticas, quais sejam:

a) Estudo de gerações: foram utilizadas as notas da severidade de sintomas apresentados pelas plantas para obtenção das variâncias das populações P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁₁ e RC₁₂. Com essas variâncias, foram obtidas as variâncias genéticas ($\hat{\sigma}_G^2$), ambiental ($\hat{\sigma}_E^2$), fenotípica ($\hat{\sigma}_{F_2}^2$), aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) e de dominância ($\hat{\sigma}_D^2$), bem como as herdabilidades no sentido amplo (\hat{h}_g^2) e restrito (\hat{h}_a^2). As expressões das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos (MATHER; JINKS, 1984) estão a seguir:

$$\hat{\sigma}_E^2 = [\hat{\sigma}_{P_1}^2 * \hat{\sigma}_{P_2}^2 * \hat{\sigma}_{F_1}^2]^{1/3}$$

$$\hat{\sigma}_{F_2}^2 = \hat{\sigma}_G^2 + \hat{\sigma}_E^2$$

$$\hat{\sigma}_G^2 = \hat{\sigma}_{F_2}^2 - \hat{\sigma}_E^2$$

$$\hat{\sigma}_G^2 = \hat{\sigma}_A^2 + \hat{\sigma}_D^2$$

$$\hat{\sigma}_A^2 = 2\hat{\sigma}_{F_2}^2 - [\hat{\sigma}_{RC11}^2 - \hat{\sigma}_{RC12}^2]$$

$$\hat{\sigma}_D^2 = \hat{\sigma}_G^2 - \hat{\sigma}_A^2$$

$$\hat{h}_g^2 = \hat{\sigma}_G^2 / \hat{\sigma}_{F_2}^2$$

$$\hat{h}_a^2 = \hat{\sigma}_A^2 / \hat{\sigma}_{F_2}^2$$

Em que:

$\hat{\sigma}_{P_1}^2$: estimativa da variância entre plantas dentro de P₁;

$\hat{\sigma}_{P_2}^2$: estimativa da variância entre plantas dentro de P₂;

$\hat{\sigma}_{F_1}^2$: estimativa da variância entre plantas dentro de F₁;

$\hat{\sigma}_{F_2}^2$: estimativa da variância entre plantas dentro de F_2 ;

$\hat{\sigma}_{RC_{11}}^2$: estimativa da variância entre plantas dentro de RC_{11} ;

$\hat{\sigma}_{RC_{12}}^2$: estimativa da variância entre plantas dentro de RC_{12} ;

\hat{h}_g^2 : herdabilidade no sentido amplo;

\hat{h}_a^2 : herdabilidade no sentido restrito.

Os efeitos aditivos [a] e não aditivos [d] do(s) gene(s) que controla(m) a característica foram estimados a partir das médias das gerações, pelo método dos quadrados mínimos ponderados (MATHER; JINKS, 1984).

$$\begin{array}{ll} \overline{P_1} = m - [a] & \overline{RC_{12}} = m - 0,5.[a] + 0,5.[d] \\ \overline{P_2} = m + [a] & \overline{RC_{11}} = m + 0,5.[a] + 0,5.[d] \\ \overline{F_1} = m + [d] & GMD = [d]/[a] \\ \overline{F_2} = m + 0,5.[d] & \eta = \frac{R^2(1 + 0,5GMD^2)}{8\hat{\sigma}_G^2} \end{array}$$

Em que:

R^2 : amplitude total da geração F_2 ;

$\overline{P_1}$, $\overline{P_2}$, $\overline{F_1}$, $\overline{F_2}$, $\overline{RC_{11}}$ e $\overline{RC_{12}}$ são as médias estimadas das gerações P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_{11} e RC_{12} , respectivamente:

m: média dos genitores P_1 e P_2 ;

[a]: efeito gênico aditivo;

[d]: efeito gênico de dominância;

GMD: grau médio de dominância;

η : número de genes.

Foi utilizado o programa GENES (CRUZ, 2013) para o processamento de todas as análises estatísticas.

b) Testes de modelos genéticos utilizando a verossimilhança

Foram utilizadas as seguintes equações para cada população envolvida no estudo da herança:

$$P_1 : f_1(y_{i1}) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} \exp\left\{-\frac{(y_{i1} - \mu + [a] + A)^2}{2\sigma^2}\right\},$$

$$P_2 : f_2(y_{i2}) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} \exp\left\{-\frac{(y_{i2} - \mu - [a] - A)^2}{2\sigma^2}\right\},$$

$$F_1 : f_3(y_{i3}) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} \exp\left\{-\frac{(y_{i3} - \mu - [a] - D)^2}{2\sigma^2}\right\},$$

$$RC_{11} : f_4(y_{i4}) = \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}}} \exp\left\{-\frac{(y_{i4} - \mu - \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + A)^2}{2(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD})}\right\} +$$

$$\frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}}} \exp\left\{-\frac{(y_{i4} - \mu + \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + D)^2}{2(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD})}\right\}$$

$$RC_{12} : f_5(y_{i5}) = \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D + S_{AD}}} \exp\left\{-\frac{(y_{i5} - \mu - \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + A)^2}{2(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD})}\right\} +$$

$$+ \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}}} \exp\left\{-\frac{(y_{i5} - \mu + \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + D)^2}{2(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD})}\right\}$$

$$\begin{aligned}
F_2 : f_6(y_{i6}) = & \frac{1}{4} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + V_A + V_D}} \exp \left\{ -\frac{(y_{i6} - \mu - \frac{[d]}{2} + A)^2}{2(\sigma^2 + V_A + V_D)} \right\} \\
& + \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + V_A + V_D}} \exp \left\{ -\frac{(y_{i6} - \mu - \frac{[d]}{2} - D)^2}{2(\sigma^2 + V_A + V_D)} \right\} \\
& + \frac{1}{4} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + V_A + V_D}} \exp \left\{ -\frac{(y_{i6} - \mu - \frac{[d]}{2} - A)^2}{2(\sigma^2 + V_A + V_D)} \right\}
\end{aligned}$$

Em que:

μ : constante de referência;

A: efeito aditivo de gene de efeito maior;

D: efeito de dominância do gene de efeito maior;

[a]: componente poligênico aditivo;

[d]: componente poligênico de dominância;

V_A : variância aditiva;

V_D : variância atribuída aos desvios de dominância dos efeitos poligênicos;

S_{AD} : componente da variação relativa aos produtos dos efeitos poligênicos aditivos pelos efeitos poligênicos de dominância;

σ^2 : variância ambiental.

As funções de densidade para RC_1 e RC_2 são constituídas pela mistura de duas densidades normais e F_2 por uma mistura de três distribuições normais, de modo que em cada componente da mistura os componentes de média e de variância dos poligenes não mudam, mudando apenas os efeitos do gene de efeito maior.

Na construção do modelo genético, considerou-se como o modelo mais geral aquele que apresenta a existência de gene de efeito maior mais poligenes com efeitos aditivos e de

dominância e variâncias ambientais iguais em todas as gerações (Tabela 1). Admitiram-se ainda genes independentes (tanto poligenes como de efeito maior).

A partir das funções de verossimilhança para cada modelo, foi possível compor testes de interesse, considerando diferentes hipóteses. Os testes de verossimilhança foram realizados por meio da estatística LR. De maneira geral, a estatística LR é dada por:

$$LR = -2 \ln \frac{L(M_i)}{L(M_j)}$$

$L(M_i)$ e $L(M_j)$ são as funções de verossimilhança dos modelos i e j; em que o modelo i deve estar hierarquizado ao modelo j.

Os testes foram realizados utilizando o *software* estatístico Monogen v.0.1, desenvolvido por Silva (2003).

Tabela 1. Modelos de herança utilizados pelo programa Monogen.

Modelo	Parâmetros
1- gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos e de dominância	$\mu, A, D, [a], [d], V_A, V_D, S_{AD}, \sigma^2$
2 - gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos	$\mu, A, D, [a], V_A, \sigma^2$
3 - gene maior com efeito aditivo + poligenes com efeitos aditivos e de dominância	$\mu, A, [a], [d], V_A, V_D, S_{AD}, \sigma^2$
4 - gene maior com efeito aditivo + poligenes com efeito aditivo	$\mu, A, [a], V_A, \sigma^2$
5 - poligenes com efeitos aditivos e de dominância	$\mu, [a], [d], V_A, V_D, S_{AD}, \sigma^2$
6 - poligenes com efeito aditivo	$\mu, [a], V_A, \sigma^2$
7 - gene maior com efeitos aditivo e de dominância	μ, A, D, σ^2
8 - gene maior com efeito aditivo	μ, A, σ^2
9 - apenas efeito do ambiente	μ, σ^2

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Avaliação da reação dos acessos a *M. cannonballus*

Observou-se efeito significativo de acessos pelo teste não paramétrico de Kruskal-Wallis ($\chi^2 = 89,35$; $p < 0,01$) (Tabela 3), resultado que evidencia a existência de variabilidade no germoplasma investigado para a reação ao fungo *M. cannonballus*.

Tabela 2. Média e reação de acessos de meloeiro ao isolado de *M. cannonballus*.

Acesso	Média	Reação
AC 01	2,3	Moderadamente resistente
AC 04	3,7	Suscetível
AC 06	3,9	Suscetível
AC 09	4,2	Altamente suscetível
AC 11	3,3	Suscetível
AC 12	3,8	Suscetível
AC 22	4,8	Altamente suscetível
AC 23	3,3	Suscetível
AC 33	1,3	Altamente resistente
AC 37	3,9	Suscetível
AC 39	3,4	Suscetível
AC 41	2,9	Moderadamente resistente
AC 42	2,9	Moderadamente resistente
AC 45	3,9	Suscetível
AC 50	3,1	Suscetível
OF-02	4,3	Altamente suscetível

** : Significativo a ($p < 0,05$) pelo teste de Kruskal-Wallis ($\chi^2 = 25,12$)

Os acessos AC-09, AC-22 e a linhagem OF-02 foram altamente suscetíveis, ao passo que a maioria dos acessos foi suscetível (56,25%). Conforme a escala de notas, a nota 3 indica necroses leves em todas as raízes e lesões bronzeadas, ao passo que a nota 4 indica necrose severa de todas as raízes e lesões bronzeadas extensivas e poucas raízes finas.

Os acessos AC-01, AC-41 e AC-42 foram moderadamente resistentes. Somente o acesso AC-33 foi altamente resistente (Tabela 3). O referido acesso pertence ao grupo botânico *momordica*, tradicionalmente cultivado em vários estados da Índia. Frutos dessa

desse grupo botânico são ovais ou elípticos com casca lisa, laranja ou creme, polpa branca, amarela ou creme, farinácea ou não e com baixo valor de sólidos solúveis (DHILLON et al., 2007; FERGANY et al., 2011). Frutos do grupo *momordica* são cultivados em pequenas propriedades do nordeste (DANTAS et al., 2015) e sul do país (NEITZKE et al., 2009) para consumo após as refeições ou produção de sucos ou bolos. Não se sabe como frutos do grupo *momordica* foram introduzidos no Brasil. As hipóteses levantadas advogam os escravos ou europeus como os prováveis agentes da chegada desse tipo de fruto ao país.

Alguns esforços têm sido feitos para identificar fontes de resistência a *M. cannonballus*. Mertely; Martyn (1993) identificaram as cultivares Improved, Cruiser, Durango, PI 12411, Laredo, Hale's Best Jumbo, Honeydew Green Flesh mais a F1 do cruzamento PI 12411 x Tam Dew foram tolerantes a *M. cannonballus*. Em Israel, Cohen et al. (1996) identificaram como tolerantes as linhagens P6a (desenvolvida a partir de germoplasma proveniente do Sudoeste asiático) e F35a (linhagem do tipo Galia). As cultivares 'Deltex' (tipo Ananas) e 'Doublon' (tipo Charenthais) foram observadas como resistentes (WOLFF; MILLER, 1998). Todavia, a cultivar 'Deltex' mostrou-se suscetível nas condições de Israel (COHEN et al., 2000). Crosby et al. (2001), avaliando 74 de acessos pertencentes à subespécie *agrestis*, identificaram três acessos (20608, 20747 and 20826) com elevado nível de resistência. Na Espanha, identificou-se o acesso Pat 81, também pertencente à subespécie *agrestis*, com alto nível de tolerância (ESTEVA; NUEZ, 1994; IGLESIAS; NUEZ, 1998, IGLESIAS et al. 1999, 2000a, b). Mais recentemente, avaliando cultivares iranianas, Salari et al. (2012, 2013) identificaram as cultivares 'Sfidak khatdar', 'Sfidak bekhat', 'Nabijani', 'Ghandak', 'Mollamosai', 'Chappat', 'Shadgan' e 'Hajmashallahi' como moderadamente resistentes a *M. cannonballus*.

É notório na literatura que muitos acessos de origem indiana têm sido utilizados em programas de melhoramento genético como fontes de resistências aos principais patógenos fúngicos do meloeiro, como *Podosphaera xanthii*, *Pseudoperonospora cubensis*, *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis*, além pragas e agentes de viroses (DHILLON et al., 2007; DHILLON et al., 2012). Porém, no caso de fontes de resistência a *M. cannonballus*, não há registro de acesso indianos resistentes. Com efeito, neste trabalho tem-se a notificação do primeiro acesso *momordica* e, além disso, cultivado nas condições do semiárido brasileiro, com resistência a *M. cannonballus*. O acesso AC-33 pode ser uma fonte promissora para programas de melhoramento. Além disso, uma alternativa cada vez mais estudada é de como porta-enxerto. O meloeiro pode ser enxertado sobre porta-enxertos pertencentes a outras cucurbitáceas e ao próprio melão (KING et al., 2010). Resultados promissores foram

observados com o uso de porta-enxertos contra *M. cannonballus* (EDELSTEIN et al., 1999). O acesso Pat 81 foi utilizado como porta-enxerto com excelentes resultados. Plantas enxertadas sobre o referido acesso tiveram poucos sintomas e boa qualidade de frutos quando comparadas a plantas enxertadas sobre porta-enxertos do gênero *Cucurbita*. Além disso, não se observou incompatibilidade ao se utilizar o acesso Pat 81 como porta-enxerto (FITA et al., 2007).

3.2 Herança da resistência do acesso AC-33 a *M. cannonballus*

A nota do genitor OF-02 foi duas vezes superior àquela observada para o genitor AC-33, evidenciando o contraste entre o genitor suscetível (OF-02) e resistente (AC-33) (Tabela 4). Esses resultados confirmam a reação desses genitores no ensaio de avaliação realizado anteriormente (Tabela 3).

A média da geração F_1 foi próxima da média do genitor resistente, ao passo que a média da geração F_2 aproximou-se da média dos dois genitores. Com relação aos dois retrocruzamentos, a média do retrocruzamentos com o genitor suscetível foi superior à média do retrocruzamentos com o genitor resistente, como esperado (Tabela 4).

Os três parâmetros ([m], [a] e [d]) que compõem os componentes de média do modelo aditivo-dominante foram significativos ($p < 0,05$), indicando a presença de efeito aditivos e de dominância no controle genético do caráter (Tabela 3). O parâmetro [a] é a medida dos efeitos de todos os genes que controlam o caráter, ao passo que [d] é a medida dos desvios de dominâncias de todos os genes que controlam o caráter. O valor negativo de [d] é explicado pelo fato de a dominância ocorrer em direção à manifestação fenotípica de menor grandeza do caráter, ou seja, a ocorrência de menor nota.

O grau médio de dominância, obtido a partir dos componentes de variância, foi próximo à unidade (1,0), indicando a presença de dominância completa. A presença de dominância é um complicador para o trabalho do melhorista, pois muitos genótipos podem ser selecionados erroneamente. Por outro lado, quando a dominância está envolvida na herança de um caráter, a heterose pode ser explorada. No caso do meloeiro, espécie de predominância alógama, a maioria das cultivares de melão no mundo são híbridos simples (GUSMINI; WHENER, 2008).

Tabela 3. Notas médias das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁₁ e RC₁₂, componentes de média e grau médio de dominância (GMD) em estudo de herança da resistência do acesso AC-33 a *M. cannonballus*.

Gerações	Média
(P ₁) OF-02	3,93
(P ₂) (AC-33)	1,46
F ₁	1,73
F ₂	2,69
RC ₁₁	2,93
RC ₁₂	1,98
m ¹	2,81*
[a] ²	1,08*
[d] ³	-0,76*
GMD ⁴	0,96
η ⁵	3,40

¹m: média dos homozigotos; ²[a]: efeito aditivo dos genes; ³[d]: efeito do desvio de dominância; ⁴GMD: grau médio de dominância; ⁵η: número de genes. *: Significativo pelo teste t de Student (p<0,05).

Com relação aos componentes de variância, as estimativas estão de acordo com o esperado: maiores variâncias das populações segregantes (F₂ e os retrocruzamentos), sendo a variância da geração F₂ superior às demais (Tabela 5).

A variância aditiva foi superior à variância de dominância, ao passo que a herdabilidade no sentido restrito foi, como esperado, inferior à herdabilidade no sentido amplo, de vez que a herdabilidade no sentido restrito contém apenas a contribuição da variância genética aditiva (Tabela 5). A estimativa de herdabilidade no sentido restrito foi mediana. A variância aditiva é um dos fatores determinantes da covariância entre parentes, sendo sua grandeza um indicativo do relacionamento entre a unidade de seleção e a unidade melhorada. A variância aditiva é toda passada para a geração filial e está diretamente relacionada ao ganho de seleção. Quanto maior a estimativa da variância aditiva, maior a herdabilidade no sentido restrito. Herdabilidade elevada indica maior confiança de que os valores fenotípicos representem os valores genéticos (FALCONER; McKAY, 1996). Em outras palavras, sofre menor efeito ambiental.

Tabela 4. Variâncias das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁₁ e RC₁₂, estimativas dos componentes de variância do modelo aditivo-dominante e herdabilidade no sentido amplo em estudo de herança da resistência do acesso AC-33 a *M. cannonballus*.

Gerações	Variâncias
(P ₁) OF-02	0,50
(P ₂) (AC-33)	0,27
F ₁	0,35
F ₂	1,69
RC ₁₁	1,23
RC ₁₂	0,19
$\hat{\sigma}_E^2$	0,37
$\hat{\sigma}_G^2$	0,86
$\hat{\sigma}_A^2$	0,59
$\hat{\sigma}_D^2$	0,27
\hat{h}_r^2	47,66
\hat{h}_a^2	69,66

$\hat{\sigma}_E^2$: variância ambiental; $\hat{\sigma}_G^2$: variância genética; $\hat{\sigma}_A^2$: variância aditiva; $\hat{\sigma}_D^2$: variância de dominância; \hat{h}_r^2 : herdabilidade no sentido restrito; \hat{h}_a^2 : herdabilidade no sentido amplo.

A herdabilidade no sentido amplo está relacionada à variância genotípica, que depende tanto da variância aditiva como da variância de dominância. Considerando que a variância de dominância só é explorada em espécies em que a reprodução assexuada é possível, seu valor elevado no presente trabalho não tem tanto valor prático, de vez que o meloeiro se reproduz de forma sexuada. Dias et al (2004), estudando a herança da resistência a *M. cannonballus*, observaram estimativas no sentido amplo próximas das observadas neste trabalho. Convém ressaltar que as comparações, embora necessárias, devem ser feitas com cautela porque a herdabilidade é uma propriedade da população e das condições ambientais nas quais foram estimadas.

Para complementar o estudo de herança clássico realizado pelos componentes de média e variâncias, realizou-se estudo com modelos que consideram efeito de um gene maior e poligenes (Tabela 6). No presente estudo, utilizou-se o modelo 2, composto por gene maior com efeito aditivo e de dominância (μ, A, D) e poligenes com efeito aditivo ($[a], V_A, \sigma^2$) para verificar a presença dos efeitos de gene maior e poligenes na herança do caráter reação do meloeiro a *M. cannonballus*.

A significância do teste entre os modelos 2 e 6 indica a presença de gene maior com efeitos aditivo e dominância. Por outro lado, a significância do teste entre os modelos 2 e 7 indica a presença de poligenes de efeito aditivo (Tabelas 6). Os resultados confirmam em parte aqueles verificados no estudo de gerações por componentes de média e componentes de variância. Além disso, informa que um gene maior está presente na herança da característica.

Tabela 5. Testes de hipóteses de modelos genéticos hierárquicos em estudo de herança da resistência do acesso AC-33 a *M. cannonballus*.

Teste entre modelos	Graus de liberdade	χ^2_c	Probabilidade
1 vs. 2	3	1,09	0,979
1 vs. 3	1	2,13	0,677
1 vs. 4	4	1,45	0,483
1 vs. 5	5	2,13	0,309
1 vs. 6	5	2,35	0,870
1 vs. 7	5	6,05	0,237
1 vs. 8	6	7,15	0,307
1 vs. 9	7	21,99	0,002
2 vs. 4	1	8,34	0,021
2 vs. 6	2	9,67	0,013
2 vs. 7	2	12,11	0,003
2 vs. 8	2	12,89	0,005
2 vs. 9	4	30,08	0,000
3 vs. 5	4	7,40	0,021
3 vs. 6	4	8,45	0,031
3 vs. 8	5	16,08	0,010
3 vs. 9	6	22,27	0,000
4 vs. 6	1	4,51	0,034
4 vs. 8	2	9,81	0,005
4 vs. 9	3	27,62	0,000
5 vs. 6	3	2,56	0,413
5 vs. 9	5	35,37	0,000
6 vs. 9	2	20,31	0,000
7 vs. 8	1	3,87	0,080
7 vs. 9	2	18,23	0,000
8 vs. 9	1	1,18	0,534

* Valor negativo, talvez devido a problemas de convergência.

Outro aspecto concordante entre as duas metodologias está na presença de mais de um gene na herança do caráter. Embora as estimativas de 3,40 *loci* indiquem controle oligogênico, deve ser mencionado que tais estimativas, em razão das pressuposições assumidas para o seu cálculo, são subestimadas, o que evidencia que mais *loci* devem estar envolvidos no controle do caráter estudado no presente trabalho.

O modelo aditivo superparametrizado (Modelo 1) com todos os efeitos, ou seja, efeito de gene maior com aditividade e dominância, efeito de poligenes com aditividade e dominância não diferiu dos demais modelos com exceção do modelo 9, que compõe apenas efeito ambiental (Tabela 6). Assim sendo, o modelo 2, com efeito de gene maior com aditividade e dominância e poligenes com aditividade, foi adotado como o principal modelo para se verificar a presença de efeito de gene maior e poligenes no controle genético do caráter. Os testes significativos entre os modelos 2 e 6 indicaram a presença de poligenes com efeitos aditivos, ao passo que o teste dos modelos 2 e 7 evidenciou efeito de gene maior com aditividade e dominância.

No que diz respeito à herança da resistência a *M. cannonballus*, são poucos os relatos na literatura. Os resultados são discrepantes em função do germoplasma disponível, caracteres estudados, metodologia utilizada e condições ambientais. Estudando a herança da resistência nos genitores P6a e BSK ('Black Skin'), Cohen et al. (1996) verificaram a presença de ação genica aditiva no controle genético. Iglesias et al. (2000) estudaram a herança da resistência do acesso Pat 81 nos cruzamentos com os genitores suscetíveis 'VC-185' (Amarelo) e 'VC-186' (Pele de Sapo) e sugeriram um controle genético monogênico com penetrância incompleta da resistência. Em ambos os estudos, não foi estimado o número de genes que controlavam a resistência. Dias et al. (2004) estudaram a herança da lesão no caule e nas raízes a partir do cruzamento entre 'Pioñet' (susceptível) e Pat 81 (tolerante). Para lesões do patógeno no caule, foi estimado aproximadamente um gene (0,94) envolvido no controle genético, ao passo que para lesões nas raízes a estimativa foi superior (2,01 genes), indicando que o melhoramento genético para a resistência/tolerância pode ser obtido por retrocruzamentos. Na herança de ambos os caracteres, estiveram envolvidos efeitos aditivos e de dominância com ausência de epistasia.

Um aspecto que merece destaque em programas de melhoramento é o fato de que a tolerância em meloeiro a *M. cannonballus* está estritamente relacionada ao sistema radicular. Crosby et al. (2000), avaliando caracteres do sistema radicular em duas cultivares tolerantes ('Doublon' e 'Deltex') e duas cultivares suscetíveis ('Magnum 45' and 'Caravelle'), constataram maiores médias para o comprimento total da raiz, o diâmetro médio da raiz, o

número de ramificações da raiz, o número de raízes finas (0,0-0,5 mm) e o número de raízes pequenas (0,5-1,0 mm) na cultivar ‘Deltex’ em relação aos cultivares suscetíveis; e maior na cultivar ‘Doublon’ em relação à cultivar ‘Caravelle’. A tolerância do acesso Pat 81 é explicada pelo elevado vigor e ramificação pronunciada do seu sistema radicular. Este acesso tem elevada massa radicular, mesmo se infectado, quando comparado a cultivar suscetível Pioñet (DIAS et al., 2002).

Assim sendo, a associação entre a resistência/tolerância ao fungo e vigor do sistema radicular indica que os pesquisadores devem enfocar os caracteres que compõem o sistema radicular do genótipo com o intuito fortalecer e melhorar a sua arquitetura. Para isso, é fundamental conhecer a herança das características que compõem o sistema radicular. No presente trabalho, não foi estudado o sistema radicular do acesso AC-33. Em virtude da ausência dessa informação, trabalhos subsequentes devem abordar os caracteres do sistema radicular com o intuito de buscar alguma associação com a resistência apresentada pelo referido acesso.

Do ponto de vista prático, a presença de um gene de efeito maior na herança é uma favorável e permite que parte da resistência possa ser transferida por processos simples, como retrocruzamentos. A presença de poligenes modificadores é desfavorável, pois quando a herança é poligênica geralmente é muito influenciada pelo ambiente, resultando em herdabilidade reduzida ou mediana, como ocorreu no presente trabalho. O genitor AC-33 é uma fonte de resistência promissora em programas de melhoramento clássico, porém sua grande desvantagem é a baixa qualidade de frutos em razão do reduzido teor de sólidos solúveis. No entanto, é possível a introgressão de alelos de resistência e obtenção de linhagens resistentes e com frutos de elevada qualidade. Na Espanha, tem sido executado um programa visando à obtenção de linhagens Pele de sapo tolerantes a *M. cannonballus* e com frutos de excelente qualidade (> 12 °Brix). Para isso, foram realizados três retrocruzamentos e posteriores autofecundações a partir do cruzamento entre Pat 81 e a cultivar ‘Pioñet’ (Pele de Sapo). Até o momento, foram selecionadas várias linhagens com *background* tipo Pele de Sapo, com maior destaque quanto à tolerância e à qualidade do fruto para os genótipos 32349.8F1, 32349.8F2 e 04271338 (FITA et al, 2009).

4 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O acesso AC-33 é altamente resistente a *M. cannonballus* e sua resistência é controlada por um gene de efeito maior aditivo e dominante e poligenes de efeitos aditivos.

REFERÊNCIAS

ALICEWEB/MDIC - Sistema de Análise das Informações de Comércio Exterior/Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio Exterior. Disponível em: <<http://aliceweb.mdic.gov.br//index/home>>. Acesso em: 17 fev. 2016.

ANDRADE, D. E. G. T.; MICHEREFF, S. J.; BIONDI, C. M.; NASCIMENTO, C. W. A.; SALES JÚNIOR, R. Frequência de fungos associados ao colapso do meloeiro e relação com características físicas, químicas e microbiológicas dos solos. **Summa Phytopathologica**, v. 31, p. 327-333, 2005.

BRUTON, B. D.; DAVIS, R. M.; GORDON, T. R. Occurrence of *Acremonium* sp. and *Monosporascus cannonballus* in the major cantaloupe and watermelon growing areas of California. **Plant Disease**, v. 79, p. 754, 1995. (Note).

COHEN, R., ELKIND, Y., BURGER, Y., OFFENBACH, R., NERSON, H. 1996. Variation in the response of melon genotypes to sudden wilt. **Euphytica**, v. 87, n.1, p. 91-95, 1996.

COHEN, R.; PIVONIA, S.; BURGER, Y.; EDELSTEIN, M.; GAMLIEL, A.; KATAN, J. Toward integrated management of *Monosporascus* wilt of melons in Israel. **Plant Disease**, St. Paul, v. 84, n. 4, p. 496-505, 2000.

CROSBY, K. M. Screening *Cucumis melo* L. *agrestis* germplasm for resistance to *Monosporascus cannonballus*. **Subtropical Plant Science**, v. 53, n. 1, p. 24-26, 2001.

CRUZ, C. D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. Agronomy, v. 35, p. 271-276, 2013.

DANTAS, A. C. A.; ARAUJO, I. S.; ESTERAS, C.; NUNES, G. H. S. PICÓ, M. B. Diversity of Melon Accessions from Northeastern Brazil and Their Relationships with Germplasms of Diverse Origins. **Journal American. Society Horticulture Science**, v. 10, n. 6, p. 505-517, 2015.

DELWING, A. B.; FRANKE, L. B.; BARROS, I. B. I. Qualidade de sementes de acessos de melão crioulo (*Cucumis melo* L.). **Revista Brasileira de Sementes**, Brasília, v. 29, n. 2, p. 187-194, 2007.

DHILLON, N. P. S.; RANJANA, R.; SINGH, K.; EDUARDO, I.; MONFORTE, A. J.; PITRAT, M.; DHILON, N. L.; SINGH, P. P. Diversity among landraces of Indian Snapmelon

(*Cucumis melo* var. *momordica*). **Genetics Resources Crop Evolution**, Holanda, v. 54, n. 6, p. 1267-1283, 2007.

DIAS, R.C.S., PICÓ, B.; HERRAIZ, J.; ESPINÓS, A. NUEZ, F. Modifying root structure of cultivated muskmelon to improve vine decline resistance. **HortScience**, v. 37, p.1092-1097, 2002.

DIAS, R. C. S.; PICÓ, B.; ESPINOS, A.; NUEZ, F. Resistance to melon vine decline derived from *Cucumis melo* ssp. *agrestis*: genetic analysis of root structure and root response. **Plant Breeding**, v. 123, p. 66-72, 2014.

EDELSTEIN, M., COHEN, R., BURGER, Y., SHRIBER, S., PIVONIA, S., SHTIENBERG, D. Integrated management of sudden wilt in melons, caused by *Monosporascus cannonballus*, using grafting and reduced rates of methyl bromide. **Plant Disease**, v. 83, p. 1142-1145, 1999

ESTEVA, J., NUEZ, F. Field resistance to melon dieback in *Cucumis melo* L. **Cucurbit Genetic Cooperative**, v.17, p. 76-77, 1994.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics. 4.nd. Malaysia: Longman Edit., 1996.

FERGANY M; KAUR B;; MONFORTE AJ; PITRAT M RYS C; LECOQ H;; DHILLON NPS DHALIWAL SS. Variation in melon (*Cucumis melo*) landraces adapted to the humid tropics of Southern India. **Genetics Resources Crop Evolution**, v. 58, p. 225-243, 2011.

FITA, A., PICÓ, B.; ROIG, C.; NUEZ, F. Performance of *Cucumis melo* ssp *agrestis* as a rootstock for melon. **Journal Horticulture Science Biotechnology**. v..82, p. 184-190, 2007.

FITA, A.; PICÓ, B.; DIAS, R. C. S.; NUEZ, F. ‘Piel de Sapo’ Breeding Lines Tolerant to Melon Vine Decline. **Hortscience**, v. 44, n. 5, p. 1458–1460. 2009.

GUSMINI, G.; WEHNER, T. C. Fifty-five Years of Yield Improvement for Cucumber, Melon, and Watermelon in the United States. **HortTechnology**, v. 18, n. 1, p. 9-12, 2008.

IGLESIAS, A., NUEZ, F. Caracterización de diversas entradas de melón frente al colapso o muerte súbita. **Actas de Horticultura**, v. 22, p. 139-147, 1998.

IGLESIAS, A., PICÓ, B.; NUEZ, F. Resistance to melon dieback in *Cucumis melo* ssp. *agrestis* Pat 81. **Phytopathology** 89, S35, 1999.

IGLESIAS, A., PICÓ, B.; NUEZ, F. A temporal genetic analysis of disease resistance genes: resistance to melon vine decline derived from *Cucumis melo* var. *agrestis*. **Plant Breeding**, v. 118, p. 1-6, 2000.

KING, S.R., DAVIS, A.R.; ZHANG, X.; CROSBY, K. 2010. Genetics, breeding and selection of rootstocks for Solanaceae and Cucurbitaceae. **Scientia Horticulturae**, v. 127, p.106–111, 2010.

LUAN, F.; SHENG, Y.; WANG, Y.; STAUB, J. E. Performance of melon hybrids derived from parents of diverse geographic Origins. **Euphytica**, v. 173, n. 1, p. 1-16, 2010.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Biometrical Genetics**. 3o Ed. London: Chapman and Hall, 1984.

MERTELY, J.C., MARTYN, R.D., MILLER, M.E., BRUTON, B.D. 1993. An expanded host range for the muskmelon pathogen *Monosporascus cannonballus*. **Plant Disease**, v. 77, p. 667-673, 1993.

NEITZKE, R. S.; BARBIERI, R. L.; HEIDEN, G.; BÜTTOW, M. V.; OLIVEIRA, C. S.; CORRÊA, L. B.; SCHWENGBER, J. E.; CARVALHO, F. I. F. Caracterização morfológica e dissimilaridade genética entre variedades crioulas de melão. **Horticultura Brasileira**, v. 27, n. 3, p. 534-538, 2009.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. URL <http://www.R-project.org>. 2013.

SALARI, M.; PANJEHKEH, N.; NASIRPOOR, Z.; ABKHOO, J. Reaction of melon (*Cucumis melo* L.) cultivars to soil-borne plant pathogenic fungi in Iran. **African Journal of Biotechnology**, v. 11, n. 87, p. 15324-15329, 2011.

SALES JUNIOR, R.; OLIVEIRA, O. F.; MEDEIROS, E. V.; GUIMARÃES, I. M.; CORREIA, K. C.; MICHEREFF, S. J. Ervas daninhas como hospedeiras alternativas de patógenos causadores do colapso do meloeiro. **Ciência Agrônômica**, v. 43, n. 1, p. 195-198, 2012.

SILVA, W. P. **Estimadores de máxima verossimilhança em misturas de densidades normais: uma aplicação em genética**. 60f. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agropecuária) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2003.

WOLFF, D.W., MILLER, M.E. Tolerance to *Monosporascus* root rot and vine decline in melon (*Cucumis melo* L.) germplasm. **HortScience**, v. 33, p. 287-290, 1998.