



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

FRANCISCO LEANDRO COSTA LOUREIRO

**HERANÇA DA RESISTÊNCIA DOS ACESSOS PI 313970 E PI 414723 A *Podospaera*
xanthii EM MELOEIRO**

MOSSORÓ

2019

FRANCISCO LEANDRO COSTA LOUREIRO

HERANÇA DA RESISTÊNCIA DOS ACESSOS PI 313970 E PI 414723 A *Podospaera xanthii* EM MELOEIRO

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

Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético

Orientador: D.Sc. Glauber Henrique de Sousa Nunes

MOSSORÓ

2019

© Todos os direitos estão reservados a Universidade Federal Rural do Semi-Árido. O conteúdo desta obra é de inteira responsabilidade do (a) autor (a), sendo o mesmo, passível de sanções administrativas ou penais, caso sejam infringidas as leis que regulamentam a Propriedade Intelectual, respectivamente, Patentes: Lei nº 9.279/1996 e Direitos Autorais: Lei nº 9.610/1998. O conteúdo desta obra tomar-se-á de domínio público após a data de defesa e homologação da sua respectiva ata. A mesma poderá servir de base literária para novas pesquisas, desde que a obra e seu (a) respectivo (a) autor (a) sejam devidamente citados e mencionados os seus créditos bibliográficos.

L892h Loureiro, Francisco Leandro Costa.
Herança da resistência dos acessos PI 313970 e
PI 414723 a *Podospaera xanthii* em meloeiro /
Francisco Leandro Costa Loureiro. - 2019.
48 f. : il.

Orientador: Glauber Henrique de Sousa Nunes.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal
Rural do Semi-árido, Programa de Pós-graduação em
, 2019.

1. Controle genético. 2. Cucumis melo. 3.
epistasia. 4. monogenia. 5. oídio. I. Nunes,
Glauber Henrique de Sousa, orient. II. Título.

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

FRANCISCO LEANDRO COSTA LOUREIRO

HERANÇA DA RESISTÊNCIA DOS ACESSOS PI 313970 E PI 414723 A *Podospaera xanthii* EM MELOEIRO

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

Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético

Aprovada em: 20/02/2019.

BANCA EXAMINADORA

Glauber Henrique de Sousa Nunes

Glauber Henrique de Sousa Nunes, Prof. D.Sc. (UFERSA)
Presidente

Lidiane Kely de Lima Graciano

Lidiane Kely De Lima Graciano, Prof. D.Sc. (UFERSA)
Membro Examinador

Elaine Welk Lopes Pereira Nunes

Elaine Welk Lopes Pereira Nunes, D.Sc. (UFERSA)
Membro Examinador

*À Dona Maria de Lourdes da Rocha e meus
avós (In Memoriam).*

Pelos seus exemplos de vida!

*Aos meus pais, irmãos e à minha esposa pelo
apoio, incentivo e que sempre estiveram do meu
lado em todos os momentos, no mais difíceis
principalmente.*

AGRADECIMENTOS

Primeiramente à Deus, por seu amor incondicional e infinita misericórdia. Que semeou em mim um sonho, onde hoje realizo a colheita. Por me fazer acreditar que pela fé tudo é possível, me fazendo ser melhor a cada dia. Pelo presente que é todos os dias usufruir de suas bênçãos de saúde e proteção. Que seja feita a vossa vontade.

Aos meus pais Onofre e Neusa, meus irmãos André e Andréia e familiares que estiveram em orações e que nunca mediram esforços para que eu cumprisse cada etapa de minha vida. Família é toda minha base.

À minha amada esposa Talita Kelle, por toda compreensão, amor, carinho e paciência no convívio diário. Apesar da distância, lutamos sempre juntos em todos os momentos, bons e ruins. Foi difícil até chegar aqui.

À UFERSA pela oportunidade de ingressar em um dos melhores programas pós graduação em Fitotecnia do país.

Ao corpo docente e todos que fazem o Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, pelo apoio financeiro durante o mestrado.

Ao professor Glauber Nunes por sua orientação, ensinamentos e por me oferecer uma segunda chance quando mais precisei durante o curso.

Aos membros da banca examinadora pelas sugestões e contribuições para aprimorar a dissertação.

Ao colegas do Grupo de Estudos em Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal – GERMEV (Adriano Ferreira, Anânkia Marinho, Andreza Fontes, Carla Pereira, Cleilson Costa, Ana Cyntia, Antônia Eliziana, Érica Barreto, Karmita Thainá, Louize Nascimento e Roberta Rocha) pela convivência nestes dois anos.

Aos amigos (as) pela torcida a todo momento, de perto ou de longe. Compartilho com vocês com muita alegria.

“Que todo o meu ser louve ao Senhor, e que eu não esqueça nenhuma das suas bênçãos!”

Salmos 103:2

RESUMO

LOUREIRO, Francisco Leandro Costa. **Herança da resistência dos acessos PI 313970 e PI 414723 a *Podosphaera xanthii* em meloeiro**. 2019. 48f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN, 2019.

O oídio é uma das mais severas doenças que afetam a parte aérea do meloeiro causado por *Podosphaera xanthii*. Uma das alternativas mais utilizadas para o controle do referido patógeno é o uso de resistência genética. Nesse sentido, o conhecimento do controle genético da resistência é essencial para definição de estratégias de introgressão de alelos em programas de melhoramento com a finalidade de obtenção de cultivares resistentes. O objetivo deste trabalho foi estudar a herança da resistência dos acessos PI 313970 e PI 414723 às raças 5, Br06 e 3.5 de *Px* em meloeiro. Foram conduzidos dois ensaios, sendo cada um referente ao estudo de herança para cada acesso. Foram avaliadas as populações F1 e F2 geradas por dois cruzamentos (PI 313970 x ‘Goldex’) e (PI 414723 x ‘Goldex’) bem como os genitores. Em cada ensaio, a inoculação foi realizada aos 20 dias após o semeio. As avaliações ocorreram 10 dias após inoculação utilizando uma escala de notas de 1 a 4, sendo identificadas como resistentes àquelas plantas que receberam notas de 1 a 2 e suscetíveis ao receber notas 3 a 4. Para validar modelos genéticos envolvidos na resistência foi realizado teste Qui-quadrado (χ^2) utilizando as frequências fenotípicas de indivíduos resistentes e suscetíveis. A segregação nas gerações F2 revelou quatro modelos genéticos envolvidos na resistência dos acessos ao oídio. No acesso PI 313970 foi verificado um gene controlando resistência à raça 5, dois genes com epistasia recessiva e dominante à raça Br06 e dois genes com epistasia recessiva dupla à raça 3.5. No acesso PI 414723 foi constatada herança digênica com epistasia recessiva dupla responsável pela resistência às raças 5 e Br06 e um gene dominante envolvido na resistência à raça 3.5.

Palavras-chave: Controle genético, *Cucumis melo*, epistasia, monogenia, oídio.

ABSTRACT

LOUREIRO, Francisco Leandro Costa. **Inheritance of Resistance in melon PI 313970 e PI 414723 to *Podosphaera xanthii* races.** 2019. 48f. Thesis (MS in Crop Science) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN, 2019.

Powdery mildew is one of the most severe diseases affecting shoots of the melon caused by *Podosphaera xanthii*. One of the most widely used alternatives for control pathogen is the use of genetic resistance. Thus, studies to genetic control of the resistance are essential for introgression of resistance alleles in breeding programs to obtain resistant cultivars. The objective of the present work was to investigate the inheritance of resistance of access melon PI 313970 e PI 414723 to *Podosphaera xanthii* races 5, Br06 and 3.5. Two experiments were conducted each one referring to the study of inheritance for each access. The F1 and F2 populations generated by two crosses (PI 313970 x ‘Goldex’) and (PI 414723 x ‘Goldex’) were evaluated as well as the parents. The inoculation was performed at 20 days after sowing. Evaluations occurred 10 days after inoculation in each trial using a scale of 1 to 4 grades, being resistant those plants scored 1 and 2 and susceptible those scored 3 and 4. To validate genetic models involved in resistance, a Chi-square test (χ^2) was performed using the phenotypic frequencies of resistant and susceptible individuals. Segregation in the F2 generations revealed four genetic models involved in the resistance of the accessions to powdery mildew. In PI accession 313970 a gene was verified controlling resistance to race 5, two genes with recessive and dominant epistasis responsible for resistance to BR06 and dual recessive epistasis responsible for resistance to race 3.5. In PI accession 414723 digenic inheritance was found with dual recessive epistasis responsible for resistance to races 5 and BR06 and a dominant gene causing resistance to race 3.5.

Keywords: Genetic control, *Cucumis melo*, epistasis, monogeny, powdery mildew.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	–	Frutos de PI 313970.....	24
Figura 2	–	Frutos de PI 414723.....	25
Figura 3	–	Genitor recorrente da cultivar ‘Goldex’	26
Figura 4	–	Folhas dos genitores ‘Goldex’ (A) e PI 313970 (B) inoculadas com as raças 5 (a), Br06 (b) e 3.5 (c) de <i>P. xanthii</i> . Mossoró, UFERSA, 2019.....	30
Figura 5	–	Folhas dos genitores ‘Goldex’ (A) e PI 414723 (B) inoculadas com as raças 5 (a), Br06 (b) e 3.5 (c) de <i>P. xanthii</i> . Mossoró, UFERSA, 2019.....	32

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	–	Nova classificação botânica para o meloeiro (PITRAT, 2016)	16
Tabela 2	–	Frequência absoluta, Razão esperada e teste Qui-quadrado em populações procedentes do cruzamento entre ‘Goldex’ (P1) x PI 313970 (P2) inoculadas com as raças 5, Br06 e 3.5 de <i>P. xanthii</i> . Mossoró, UFERSA, 2019.....	31
Tabela 3	–	Frequência absoluta, Razão esperada e teste Qui-quadrado em populações procedentes do cruzamento entre ‘Goldex’ (P1) x PI 414723 (P2) inoculadas com as raças 5, Br06 e 3.5 de <i>P. xanthii</i> . Mossoró, UFERSA, 2019.....	33

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	REFERENCIAL TEÓRICO	14
2.1	Importância socioeconômica do meloeiro no Brasil.....	14
2.2	Diversidade genética no meloeiro.....	14
2.3	Oídio em meloeiro.....	17
2.4	Mecanismos de resistência.....	20
2.5	Estudos de Herança e o Melhoramento Genético visando resistência à <i>P. xanthii</i> ...	21
2.6	PI 313970.....	23
2.7	PI 414723.....	24
3	MATERIAL E MÉTODOS	26
3.1	Local.....	26
3.2	Germoplasma.....	26
3.3	Obtenção e Descrição dos isolados de oídio.....	27
3.4	Manutenção dos isolados de <i>P. xanthii</i>	27
3.5	Estudos de Herança.....	28
3.6	Análises estatísticas.....	28
4	RESULTADOS	30
4.1	Herança da resistência do acesso PI 313970.....	30
4.2	Herança da resistência do acesso PI 414723.....	32
5	DISCUSSÃO	34
6	CONCLUSÕES	37
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	38
	APÊNDICE A – TABELA REAÇÃO DOS ISOLADOS EM CULTIVARES DIFERENCIADORAS DE RAÇAS DE <i>Podospaera xanthii</i>	46
	APÊNDICE B – MODELOS GENÉTICOS DE HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO PI 313970 A RAÇAS DE <i>Podospaera xanthii</i>	47
	APÊNDICE C – MODELOS GENÉTICOS DE HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO PI 414723 A RAÇAS DE <i>Podospaera xanthii</i>	48

1 INTRODUÇÃO

O oídio é um dos principais problemas fitossanitários que têm causado prejuízos em áreas de cultivo do meloeiro em todo o mundo. Trata-se de uma enfermidade de natureza fúngica causada, principalmente, pela espécie *Podosphaera xanthii* (*Px*).

Os sinais do fungo são vistos como um crescimento de um pó branco pulverulento composto por micélio, conídios e conidióforos da sua fase imperfeita, ocorrendo na face superior e inferior do limbo das folhas, tomando toda a superfície. Com o progresso da doença, pode ocorrer desfolhamento, redução no número e tamanho dos frutos, bem como na produção de fotoassimilados. Conseqüentemente, reduz a produtividade e a qualidade dos frutos em razão da maior incidência direta de radiação solar e menor acúmulo de sólidos solúveis (PÉREZ-GARCIA et al., 2009).

O método de controle químico é o empregado através da aplicação de fungicidas à base de enxofre. Entretanto, o uso intensivo destas moléculas representa uma parcela considerável nos custos de produção. Além disso, o controle não é totalmente eficaz uma vez que, há casos onde o fungo possui sensibilidade reduzida em relação aos produtos químicos. Desse modo, o uso de cultivares resistentes é uma alternativa viável e tem sido utilizado com sucesso no controle de *Px*. Dentre as vantagens incluem-se: controle homogêneo no campo, a associação com outros métodos de controle e redução de impactos ambientais (McGRANTH, 2001; NUNES et al., 2015).

A primeira etapa para obtenção de uma cultivar resistente é a identificação de fontes de resistência no germoplasma. A espécie *Cucumis melo* L. é polimórfica para muitas características e devido a isso várias fontes de resistência a *Px* foram identificadas, especialmente àquelas de origem indiana (DHILLON et al., 2012). Os acessos PI 313970 e PI 414723 são fontes de resistência promissoras em virtude da resistência a maioria das raças encontradas no mundo (McCREIGHT et al., 2012).

Após a identificação da fonte de resistência é necessário conhecer a herança da resistência. O conhecimento do número do genes envolvidos bem como a sua maneira de interagir, permitem determinar o critério e a intensidade da seleção, método de condução de população segregante e métodos de melhoramento de maneira a obter uma linhagem que contenha o *background* genético do genitor suscetível utilizado, mas com os genes de resistência do genitor doador. Assim, estes estudos norteiam os melhoristas no processo de introgressão de alelos de interesse das fontes para os genitores comerciais (MACIEL & SILVA, 2008).

Embora haja relatos de estudos de herança em diversas regiões do mundo, sempre que uma nova fonte de resistência ou raça do fungo é identificada são essenciais novos estudos para obtenção de informações que orientem os programas de melhoramento visando a melhor estratégia para introgressão dos alelos de resistência (COHEN et al., 2004).

Assim, objetivou-se com este trabalho, estudar os modelos genéticos envolvidos na resistência dos acessos PI 313970 e PI 414723 à raças de *P. xanthii* em meloeiro no semiárido brasileiro.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância socioeconômica do meloeiro no Brasil

O melão (*Cucumis melo* L.) é uma das principais frutas frescas exportadas do Brasil. Em 2017, o país exportou 878.400 t de frutas frescas, 26,59% das quais eram melões (233.652 t) (MDIC, 2018). Dentre os principais importadores estão a Comunidade Europeia, os EUA, a Ásia e o Chile. A produção nacional foi estimada em mais de 596.000 t em 2016 numa área aproximada de 23.000 ha. Todas as regiões brasileiras produzem melão, entretanto, mais de 90% da produção está concentrada no Nordeste. Os estados do Rio Grande do Norte e Ceará são os líderes nacionais tanto em produção quanto exportação. Além disso, a cultura do meloeiro possui grande relevância econômica e social empregando mão-de-obra direta, mantendo famílias no campo, além dos empregos indiretos relacionados com a logística na cadeia produtiva (OLIVEIRA et al., 2017; IBGE, 2016).

Todos estes índices são impulsionados pelas condições climáticas favoráveis para o desenvolvimento da planta e para obtenção de frutos de qualidade superior. Temperaturas elevadas associadas às baixas taxas de umidade relativa do ar e alta luminosidade são os fatores ambientais que mais influenciam na produtividade e frutos com elevado teor de açúcares, melhor aroma, sabor e consistência, características de qualidade requeridos pelo comércio exterior (SILVA et al., 2016).

2.2 Diversidade genética no meloeiro

O meloeiro (*Cucumis melo* L., $2n=2x=24$) é uma hortaliça que pertence à família cucurbitaceae. Existem diferentes hipóteses sobre sua origem. Alguns autores tratam o melão como originário do continente africano em razão do seu número de cromossomos, pois, as demais espécies de cucurbitáceas da África do gênero *Cucumis* possuem o mesmo número básico de cromossomos ($x=12$) (KERJE; GRUM, 2000). Possivelmente, a cultura tenha sido originada a partir da espécie *Cucumis callosus* (Rottle) Cogn. et Harms. Informações de sequências de DNA mitocondrial e nuclear de acessos africanos, asiáticos e australianos indicam a Ásia como local de origem do meloeiro, tendo como precursor *C. callosus* (SEBASTIAN et al., 2010; JOHN et al., 2012).

A família das cucurbitáceas inclui várias outras espécies com importância agrônômica como melancia, abóbora e pepino. Entretanto, *C. melo* é a espécie com a maior diversidade em

relação às formas e tamanhos de frutos (PITRAT, 2008). No Brasil, é a cucurbitácea com maior volume exportado em 2017, atendendo os mercados europeu, Estados Unidos, Ásia e Chile (NUNES et al., 2011; OLIVEIRA et al., 2017).

Do ponto de vista botânico, o melão é uma planta herbácea anual com sistema radicular superficial. Pode ser andromonoica, quando apresenta flores hermafroditas e masculinas, ou monoica, quando contém apenas flores masculinas e femininas na planta. O caule é rasteiro e prostrado com gemas situadas em nós de onde se desenvolvem folhas, gavinhas ou ramificações (LORENZI et al., 2006). Os frutos apresentam formas variáveis (redondo, oval ou alongado), casca lisa, enrugada ou rendilhada. A polpa também varia conforme o tipo podendo ter coloração branca, laranja, amarelada, esverdeada e salmão. Possui concentração considerável de vitaminas A, C e E, além de minerais essenciais à nutrição humana (MOREIRA et al., 2009).

O meloeiro possui uma vasta diversidade genética devido à grande variação em características morfológicas. Atualmente, é senso comum de que os melões conhecidos são classificados pela espécie *C. melo*. Entretanto, tal conceito não era unanimidade entre os botânicos. Diversas taxonomias para grupos botânicos de melão foram descritas na literatura (GREBENSCIKOV, 1986; PYZHENKOV & MALININA, 1994; ROBINSON & DECKER-WALTERS, 1997). A primeira foi realizada por Charles Naudin (NAUDIN, 1859) utilizando 2.000 acessos dividindo a espécie *C. melo* em variedades. Posteriormente, foram definidas duas subespécies em virtude da pilosidade do ovário. De acordo com este critério, genótipos que possuíam pelos longos eram classificados na subespécie *agrestis*, enquanto àqueles com pelos curtos representam a subespécie *melo* (JEFREY, 1980).

Seis grupos botânicos foram formados a partir da subdivisão das duas subespécies. Este é um avanço na classificação proposto por Munger e Robinson (1991) com adaptações realizadas posteriormente por Robinson e Decker-Walters (1997), baseando-se no tipo sexual e em características do fruto. Os grupos são: *cantalouppensis*, *inodorus*, *flexuosus* e *dudaim* relativos à subsp. *melo* e; e os grupos *momordica* e *conomon*, pertencentes à subespécie *agrestis*. Pitrat (2008) subdividiu os seis grupos formando 15 variedades botânicas: *cantalouppensis*, *reticulatus*, *adana*, *chandalak*, *ameri*, *inodorus*, *flexuosus*, *chate* e *dudaim* relacionados à subespécie *melo* e; *momordica*, *acidulus*, *chinensis*, *makuwa*, *tibish* e *agrestis* incluídas na subespécie *agrestis*.

A classificação no nível de subespécie tendo como critério a pilosidade nem sempre é relevante uma vez que, ambos os tipos são encontrados em vários grupos como *agrestis*, *kachri* e *flexuosus* em uma nova classificação proposta por Pitrat (2016) (Tabela 1) que contempla 19 grupos.

Esta classificação inclui alguns tipos comercializados no Brasil como *Amarillo* (amarelo) e *Piel de Sapo* (Pele de Sapo), onde antes pertenciam ao grupo *inodorus*, agora se encontram no grupo *Ibericus*. O melão Honeydew continua pertencendo ao grupo *inodorus*. O melão cantaloupe, um dos tipos mais apreciados pelo consumidor brasileiro, inclui em seu grupo (*cantaloupensis*) seis subgrupos, dentre eles o *charentais*, anteriormente identificado como tipo comercial. Estes tipos de melões são considerados aromáticos, possuem elevados teores de sólidos solúveis e limitado período de conservação pós-colheita (NUNES et al., 2006). Outro tipo bastante apreciado pelo consumidor brasileiro é o Gália. Este, tem origem israelense e é fruto do cruzamento entre um genitor Honeydew (*Inodorus*) e outro Ogen (*Cantaloupensis*) (KARCHI, 2000).

Apesar de não ser o centro de origem ou de domesticação, o Brasil possui variedades tradicionais de meloeiro adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas. A existência destas variedades ocorre graças aos trabalhos de seleção realizados por pequenos produtores. A manutenção destes genótipos é de grande importância para o melhoramento genético, pois, genes de resistência a diversos estresses bióticos e abióticos podem ser encontrados e introgrididos para as cultivares elites como forma de permitir o controle genético de pragas e doenças, incrementos de produtividade, tolerância aos estresses hídrico e salino e obtenção de frutos com características ornamentais.

Tabela 1 – Nova classificação botânica para o meloeiro (PITRAT, 2016).

Grupo	Sub-grupo
<i>Agrestis</i>	
<i>Kachri</i>	
<i>Chito</i>	
<i>Tibish</i>	
<i>Acidulus</i>	
<i>Momordica</i>	
<i>Conomon</i>	
<i>Makuwa</i>	<i>Ogon</i>
	<i>Nashi-uri</i>
	<i>Yuki</i>
	<i>Kanro</i>
	<i>Ginmakuwa</i>
	<i>Seikan</i>
<i>Chinensis</i>	
<i>Flexuosus</i>	<i>Adjour</i>
	<i>Tara</i>
	<i>Arya</i>
<i>Chat</i>	
<i>Dudaim</i>	

<i>Chandalak</i>	<i>Zam</i> <i>Tachmi</i> <i>Garma</i> <i>Bucharici</i>
<i>Indicus</i> <i>Ameri</i>	<i>Ananas</i> <i>Maculati</i> <i>Bargi</i> <i>Mashhadi</i>
<i>Cassaba</i>	<i>Kirkagac</i> <i>Hassanbey</i> <i>Kuscular</i>
<i>Ibericus</i>	<i>Piel de Sapo</i> <i>Amarillo</i> <i>Tendral</i> <i>Rochet</i> <i>Branco</i>
<i>Inodorus</i>	<i>Honeydew</i> <i>Earl's</i>
<i>Cantalupensis</i>	<i>Prescott</i> <i>Saccharinus</i> <i>Charentais</i> <i>Ogen</i> <i>American Western</i> <i>American Eastern</i>

2.3 Oídio em meloeiro

O oídio é uma das doenças de origem fúngica mais severas que afetam a parte aérea de plantas cultivadas. Sua ocorrência é registrada em todo o mundo causando prejuízos em diversas culturas. Nas cucurbitáceas, os agentes causais são: *Podosphaera xanthii* (Px) (Castagne) U. Braun e N. Shishkoff (BRAUN; TAKAMATSU, 2000), Shishkoff (SHISHKOFF, 2000), antes classificada como *Sphaerotheca fuliginea* (Schlecht ex Fr.) Pollaci (S. fusca/Fr./Blumer, emenda Braun) (BRAUN, 1995); e *Golovinomyces orontii* (Castagne) V.P. Heluta (1988) também classificada como *Golovinomyces cichoracearum* (D.C.) V.P. Heluta (BRAUN, 1999), anteriormente conhecida por *Erysiphe cichoracearum* D.C. ex merat.

Os sintomas são caracterizados pelo crescimento de um pó branco e pulverulento constituído por micélio, conidióforos e conídios do fungo. Dependendo do nível de suscetibilidade do hospedeiro, os sinais são vistos em ambas as faces foliares, pecíolos e tecidos meristemáticos, reduzindo a área disponível para fotossíntese. A doença é favorecida pelo clima

seco em períodos de baixa umidade do ar e elevadas temperaturas, pois, os conídios não são capazes de germinar na presença de um filme de água sobre as folhas. Nestas condições, o fungo se desenvolve rapidamente e as plantas atacadas reduzem o vigor e, conseqüentemente, a produtividade pelo menor número de frutos e a qualidade pela diminuição do tamanho dos frutos se comparados com a ausência da doença. Em estágios avançados, o oídio provoca senescência e queda prematura das folhas expondo frutos ao sol, acelerando a maturação resultando em menores teores de sólidos solúveis (ZITTER et al., 1996; McGRATH, 2001; PÉREZ-GARCIA et al., 2009).

Dados sobre a quantificação de perdas associadas aos oídio no meloeiro são poucos conhecidos. Santos et al. (2005) observou redução em 13,3% no peso dos frutos e 22,2% no teor de sólidos solúveis em tratamentos com oídio quando comparados aos tratamentos controle demonstrando correlação negativa entre produção, teor de sólidos solúveis e severidade da doença.

No Brasil, o oídio das cucurbitáceas está presente em todo território nacional. No caso do meloeiro, seus efeitos são vistos principalmente na região Nordeste. Nesta, o cultivo do meloeiro é, predominantemente, em campo aberto o que facilita sua reprodução. Entretanto, há relatos da presença das duas espécies em cultivos protegidos no estado do Paraná (AGUIAR et al., 2012).

As espécies divergem quanto às condições climáticas necessárias para o seu desenvolvimento. Por exemplo, *Px* habita ambientes de clima tropical e subtropical, possuindo uma faixa de germinação conidial entre 20-30°C, sendo 25° C o ponto ótimo, enquanto *G. orontii* prevalece em condições de clima temperado com faixa de temperatura mais ampla de 10-30°C com ótimo de 22°C. Além da temperatura, outra exigência ecológica que facilita a distinção das espécies é a umidade. A espécie *Px* é mais tolerante à elevada umidade relativa do ar em relação à *G. orontii*. Isto explica a prevalência de *Px* nos cultivos de meloeiro do Nordeste brasileiro (NAGY, 1976; BERTRAND et al., 2002; KŘÍSTKOVÁ et al., 2009; NARUZAWA et al., 2011).

A forma mais eficiente de distinguir as espécies que causam oídio em cucurbitáceas é a observação dos estágios sexual e assexual. Os conídios de *G. orontii* possuem forma elipsóide, medindo 25–40 x 15–23 µm e apressório em formato de mamilo. *Px* apresenta conídios elípticos com dimensões 24–45 x 14–22 µm produzidos em cadeias curtas e/ou longas e com presença de corpos de fibrosina, característica marcante da espécie (UCHIDA et al., 2009).

Por ser um fungo biotrófico, as espécies *Px* e *G. orontii* apresentam especialização quanto ao hospedeiro evidenciada pela ocorrência de raças fisiológicas tornando as populações

heterogêneas. A existência de um grande número de raças e patótipos revelam a variabilidade patogênica nestas espécies (LEBEDA; SEDLÁKOVÁ, 2006; SEDLÁKOVÁ et al. 2014). Atualmente, a variabilidade em *Px* é maior que a constatada para *G. orontii* visto que foram identificadas 46 e 13 raças fisiológicas, respectivamente (McCREIGHT et al., 2012). Para os programas de melhoramento a presença de raças é problemática uma vez que reduz a vida útil dos cultivares resistentes, pois, da mesma forma que ocorre variação no hospedeiro, também há no patógeno (HOSOYA et al, 2000). Dito isto, o levantamento constante e periódico é de fundamental importância para o conhecimento das raças predominantes nas áreas produtoras.

Existem diferentes métodos para a identificação das raças fisiológicas, contudo, a metodologia baseada na reação dos isolados monospóricos em diferentes genótipos denominados cultivares diferenciadoras de oídio é a mais utilizada em todo mundo. Com objetivo de padronizar o processo, alguns pesquisadores propuseram um novo sistema de classificação em que se baseia na atribuição de um código considerando a reação em 21 diferenciadoras divididas em três grupos de sete. O sistema foi denominado de Triplo-Septeto, cujos códigos podem variar de 000.000.000 (todas resistentes) a 127.127.127 (todas susceptíveis) conforme peso atribuído à reação em determinada cultivar. Com esse método é possível determinar mais de 2 milhões de raças (LEBEDA et al., 2016; RABELO, 2017).

No Brasil, o primeiro levantamento foi realizado por Reis e Buso (2004), onde foram avaliados 31 isolados de diferentes regiões dos quais 21 pertenciam à raça 1 e oito da raça 2, indicando a predominância da raça 1 naquela época. Posteriormente, foram constatadas as raças 0, 1, 2F, 3, 4 e 5 com prevalência das raças 1 e 2F em um levantamento no qual foram avaliados 65 isolados de *Px* de várias regiões, sendo a maioria da região Nordeste (FAZZA, 2006). Em um estudo realizado no Agropólo Mossoró-Assu, Sales Júnior et al. (2011) também observaram prevalência das raças 1 e 2. Recentemente, no mesmo Agropólo Mossoró-Assu, Ricarte (2016) constatou as raças 0, 1, 3, 5 e detectou a presença da raça 3.5, até então, não relatada no país, indicando uma mudança no conjunto de raças na principal região produtora de melão brasileira.

O método de controle mais empregado é o químico através da aplicação de fungicidas à base de enxofre. Entretanto, o controle não é totalmente eficaz uma vez que, há casos onde o fungo possui sensibilidade reduzida em relação aos produtos químicos. Além disso, o uso intensivo destas moléculas representa uma parcela considerável nos custos de produção. Assim, o uso de cultivares resistentes torna-se uma alternativa viável e tem sido utilizado com sucesso no controle de *P. xanthii*. Dentre as vantagens incluem-se: controle homogêneo no campo, a associação com outros métodos de controle e a redução de impactos ambientais (McGRANTH, 2001; NUNES et al., 2015).

2.4 Mecanismos de resistência

O controle do oídio no meloeiro via resistência genética tem sido usado com sucesso (NUNES et al., 2017). O controle genético só não é mais eficiente devido à variabilidade de raças de *Px* encontradas em áreas próximas. Dificilmente será possível produzir cultivares resistentes à todas as raças, pois, seria necessário a introgressão de um grande número de genes de resistência em um único genótipo. Entretanto, os programas de melhoramento estão voltados para obtenção de cultivares resistentes às raças prevalentes em cada região de cultivo, tomando por base aquelas de maior ocorrência e mais severas.

Existem dois mecanismos de resistência que envolvem fungos e hospedeiros: pré-haustoriais e pós-haustoriais (HUANG et al., 1998). Mecanismo pré-haustoriais referem-se à redução ou impedimento da formação de papilas e não está associada à necrose das células afetadas, fenômeno denominado de reação de hipersensibilidade. Não há evidências desse mecanismo nos estudos sobre oídio das cucurbitáceas (PÉREZ-GARCIA et al., 2009). Contudo, respostas de resistência não relacionadas às reações de hipersensibilidade foram constatadas por Sedlářová et al., (2009) porém, os autores não sugeriram ser o mecanismo pré-haustorial e sim em terceiro mecanismo ainda não descrito.

A resistência pós-haustorial geralmente está associada a uma reação de hipersensibilidade. Este é o mecanismo típico da maior resistência genética específica para raças de oídio. A interação *Px* – Hospedeiro desencadeia o mecanismo quando os conídios de *Px* liberam monômeros de parede celular que são reconhecidos pelo hospedeiro. Neste momento, a planta resistente inicia uma sequência de alterações fisiológicas com rápido acúmulo de substâncias reativas de oxigênio, como peróxido de hidrogênio. Estas mudanças ocorrem em cerca de horas após a inoculação e anteriormente à formação do primeiro haustório. Os elementos reativos de oxigênio quando em alta concentração promovem o reforço da parede celular das células infectadas e adjacentes pela deposição de lignina e calose, o que impede ou retarda a entrada do patógeno e interrompe o fluxo de nutrientes (ROMERO et al., 2008).

Níveis de fenilalanina amônia-liase, uma enzima ligada à produção de fenilpropanoides não parecem ser modificados após inoculação com oídio. Entretanto, o aumento da atividade da peroxidase tem sido observado em diversas cucurbitáceas, e sugere que esse processo também promove o espessamento da parede celular. Assim, a manifestação do mecanismo de resposta, incluindo a necrose celular, é tipicamente pós-haustorial (COHEN et al., 1990; RIVERA et al., 2002). A resistência às raças 1 e 2 de *P. fusca* foi relatada como pós-haustorial em cultivares de melão, como PMR-6 (PÉREZ-GARCIA et al., 2001).

2.5 Estudos de Herança e o Melhoramento Genético visando resistência à *P. xanthii*

Para se desenvolver um programa de melhoramento com intuito de obter genótipos resistentes é preciso, primeiramente, identificar fontes de resistência no germoplasma disponível. Uma vez identificada e caracterizada, os estudos de herança são necessários. O conhecimento do número de genes e alelos envolvidos, bem como a sua maneira de interagir, permitem construir mapas cromossômicos, determinar o critério e a intensidade da seleção e o método de condução de população segregante, ou seja, o melhor método de melhoramento para introgressão dos alelos de resistência (RAMALHO et al, 2012).

Com mais fontes de resistência ao oídio em meloeiro sendo identificadas, o número de raças se multiplicou rapidamente. Isso remete ao benefício da descoberta de múltiplos genes de resistência em diferenciadoras que podem ser incorporados em novas cultivares de melão, exercendo controle duradouro de *Px* e de outros patógenos.

O oídio obteve importância pela primeira vez no oeste dos EUA em 1925 na região do Vale Imperial da Califórnia. Produtores tiveram seus cultivos tomados pelo que hoje é chamado de *Px*. A partir de então, iniciou-se um programa de melhoramento utilizando uma planta de origem indiana (PI 78374) cruzada com a variedade Hale's Best. Em 1935, foi desenvolvida uma nova cultivar resistente ao oídio, denominado "PMR 45". Agronomicamente, o 'PMR 45' foi semelhante ao Hale's Best, mas um pouco mais tardio no amadurecimento. Dois anos depois, a maioria das plantações no Vale Imperial eram de PMR 45 (JAGGER, 1926; JAGGER & SCOTT, 1937).

Um estudo de herança desenvolvido no 'PMR 45' apontou que a resistência a raça 1 (primeira raça identificada) era controlada por um gene simples, e que este foi denominado de *Pm-1* (JAGGER et al., 1938). Usando também 'PMR 45', Epinat et al. (1993) constataram que um gene simples com o alelo dominante era responsável pela resistência da cultivar à raça 1. Neste trabalho, os autores denominaram o alelo de *Pm-A* (= *Pm-1*). Ainda em relação à raça 1, Kenigsbusch e Cohen (1992) observaram que a resistência do PI 124112 à esta raça é controlada pelo alelo dominante *Pm-5*.

Em 1938, uma nova raça distinta à raça 1 superou a resistência em 'PMR 45'. Esta, foi denominada de raça 2. Na busca por fontes de resistência à nova raça, foram encontrados resultados satisfatórios em PI 78374, acesso indiano que foi usado para desenvolver 'PMR 45'. Cruzamentos e trabalhos de seleção permitiram o lançamento do cultivar 'PMR 5', resistente às raças 1 e 2 (WHITAKER & PRYOR, 1942). Nos estudos, foi observado que a herança da resistência a raça 1 é monogênica e controlada por um alelo dominante (FLORIS & ÁLVAREZ,

1995). Entretanto, Fukino et al. (2004) concluíram que dois genes com dois alelos dominantes e locos independentes são responsáveis pela resistência à raça 1 em ‘PMR 5’. Os autores relatam que a discrepância nos trabalhos está relacionada às metodologias empregadas e a agressividade dos isolados.

O ‘PMR 5’ possui os genes *Pm-1* e o *Pm-2* e, por isso, resistente às raças 1 e 2 (BOHN & WHITAKER, 1964; HARWOOD & MARKARIAN, 1968). Em relação à raça 2, a resistência é conferida pelo alelo dominante (*Pm-C*¹) (EPINAT et al., 1993). *Pm-C*¹ corresponde ao alelo *Pm-2* descrito anteriormente por Bohn e Whitaker (1964) e Harwood & Markarian (1968).

Em 1976, a raça 3 de *Px* foi identificada no Texas. ‘PMR 45’, ‘PMR 5’ e ‘PMR 6’ foram suscetíveis em casa de vegetação e em campo (THOMAS, 1978). Mais tarde, esta raça foi encontrada na Índia e em Israel (KAUR & JHOOTY, 1986; COHEN et al., 1996). PI 124111, PI 124112, PI 313970, PI 414723 e Edisto 47 são fontes de resistência às raças 1, 2 e 3 (KUZUYA et al., 2006). Em PI 414723, Fazza et al., 2013 verificou que a resistência a raça 3 é controlada por um alelo dominante presente em um gene.

Não há dados sobre o surgimento da raça 5. Porém, PI 414723 e TGR 1551 são consideradas fontes de resistência a esta raça. No primeiro caso, há um controle monogênico com dominância de alelo de resistência. No segundo, há uma interação entre dois genes do tipo epistasia recessivo-dominante. Além da raça 5, o TGR 1551 possui alelos que conferem resistência às raças 1 e 2 (YUSTE-LISBONA, 2010; FAZZA et al., 2013).

Em um trabalho realizado na Universidade da Califórnia em Holtville utilizando cultivares diferenciadoras de *Px* foi constatada uma nova raça, denominada raça “S”, à qual o acesso PI 313970 foi altamente resistente (MCCREIGHT et al., 2005). McCreight e Coffey (2011) observaram que a resistência deste acesso a raça “S” é controlada por um gene com dois alelos cujo recessivo *pm-S* determina a resistência.

No Brasil, a herança da resistência foi estudada nos acessos AC-15 e AM55-1A. O primeiro é um acesso coletado no estado do Rio Grande do Norte e o segundo possui origem indiana. Para o AC-15 foi verificada herança condicionada por dois locos independentes interagindo de forma epistática dupla recessiva. No AM55-1A, o controle genético se ajusta ao modelo monogênico e dominante (NUNES et al., 2014).

Recentemente, no Agropólo Mossoró-Assu, Ricarte (2016) detectou a presença da raça 3.5, até então, não relatada no país, indicando uma mudança no conjunto de raças na principal região produtora de melão brasileira. Até o presente momento, não há estudos sobre herança da resistência a esta raça. Sempre que uma nova raça ou fonte de resistência é identificada na

região de cultivo é de suma importância que se conheça a herança da resistência para nortear os programas de melhoramento visando obter genótipos resistentes. PI 313970 e PI 414723 são as melhores fontes de resistência a esta raça (McCREIGHT et al., 2012).

2.6 PI 313970

PI 313970 (= linhagem '90625') é um acesso de origem indiana pertencente ao grupo *Acidulus*, anteriormente classificado como *Cucumis melo* subsp. *agrestis* var. *acidulus* (PITRAT, 2008). É derivado da linhagem '90625' e mantido pelo Sistema Nacional de Germoplasma Vegetal dos EUA (McCreight, 2000). De acordo com Malik et al. (2014), os frutos possuem formato ovalado com casca lisa e alaranjada, polpa branca, firme, crocante e sem aroma (Figura 1).

Os primeiros trabalhos envolvendo PI 313970 como fonte de resistência surgiram a partir da década de 90. Dogimont et al. (1996) observaram alta resistência em PI 313970 ao polerovírus *Cucurbit aphid borne yellows virus* (CABYV) em melão.

O acesso é uma das mais importantes fontes de genes relacionados à resistência ao oídio em meloeiro em todo o mundo. Reações de resistência às raças 1 e 2US foram observadas por McCreight (2003) em casa de vegetação. Três genes foram identificados sendo responsáveis por controlar estas raças de oídio sendo um gene recessivo condicionando resistência à raça 1. Em cotilédones, um gene recessivo foi observado controlando resistência a raça 2US. No entanto, em folhas verdadeiras foi constatada a presença de um gene semi-dominante para a raça 2US e que este está ligado ao gene para a raça 1 (McCREIGHT, 2003).

McCreight e Coffey (2011) verificaram herança monogênica e recessiva para a raça 'S', virulenta à maioria das cultivares diferenciadoras. O gene foi denominado de *pm-S* em estudo realizado no Vale Imperial da Califórnia, utilizando o cruzamento PI 313970 x Topmark.

Em estudos histológicos, PI 313970 tem apresentado reações atípicas de hipersensibilidade caracterizadas pela baixa frequência de células necróticas e nível intermediário de intensidade de esporulação. A infecção e a reprodução reduzidas dos isolados de *Px* quando inoculados provavelmente foram devidas a respostas de resistência não relacionadas às reações de hipersensibilidade (SEDLÁŘOVÁ et al., 2009).



Figura 1 – Frutos de PI 313970

Fonte: USDA/ARS/NCRPIS - Iowa State University - Cucumis Staff

2.7 PI 414723

O acesso indiano PI 414723 (Figura 2) pertence ao grupo *Momordica* (*Cucumis melo*). É derivado de PI 371795 que foi obtido em 1948 por Walter N. Koelz em Mussoorie, Uttar Pradesh, Índia e que se assemelhava à variedade indiana 'Kjira' como descrito por Corley (1966): os frutos possuem polpa e casca macias que se dividem na maturação fisiológica e são usadas em sopas e ensopados, e as sementes são assadas e comidas.

PI 414723 ganhou importância após pesquisadores relatarem resistência a várias pragas e doenças, dentre elas o oídio (McCreight et al., 1987). Genes de resistência ao oídio já foram descritos em PI 414723. Para a raça 1, McCreight (1984) descreveu um gene recessivo utilizando populações oriundas do cruzamento (PI 414723 x Topmark). Entretanto, Anagnostou et al. (2000) identificaram controle genético monogênico dominante para esta raça estudando populações do mesmo cruzamento. Isso levou a Anagnostou et al. (2000) pressupor heterogeneidade em PI 414723. Para a raça 2 francesa, McCreight et al. (1987) observaram dois genes epistáticos entre si, onde a resistência era conferida apenas quando estes apresentavam alelos recessivos em homozigose, ou seja, a presença de um alelo dominante em um dos locos conferia suscetibilidade. Contudo, Pitrat (1991) reportou resultado divergente para a raça 2 francesa. Este autor observou um gene dominante o qual designou de *Pm-x* e que este está no mesmo grupo de ligação ao gene (*Zym-1*).

Para a raça 5, Fazza et al., (2013) observaram que a herança era controlada por um gene dominante de efeito maior. Neste trabalho, foi utilizado um isolado do município de Mossoró no ano de 2004, a segregação foi observada na geração F2 do cruzamento envolvendo o PI 414723 e a linhagem 'Vendrantais'. Além disso, um mapa genético as análises indica ligação

completa entre os genes de resistência às raças 1 e 5, sendo este gene denominado *Pm-x1.5*. Já o gene de resistência à raça 3 (*Pm-x3*) foi localizado a 5,1 cM dos demais. Um marcador AFLP (H35M75_156) foi localizado entre os dois genes a 1,3 cM de *Pm-x1.5* e 3,8 cM de *Pm-x3*. Este foi o primeiro relato da localização genética de genes de resistência às raças 3 e 5 em PI 414723 e também o primeiro mapeamento de marcadores RGA gerados pela técnica TRAP.



Figura 2 – Frutos de PI 414723

Fonte: USDA/ARS/NCRPIS - Iowa State University - Cucumis Staff

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local

Dois ensaios foram conduzidos em casa de vegetação na Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), na cidade de Mossoró-RN, de Junho a Outubro de 2018. A temperatura média no local foi de 31,5 °C e 32,3 °C e a umidade relativa do ar de 52,6 % e 53,9 % no primeiro e segundo experimento, respectivamente. O clima de Mossoró, de acordo com a classificação de Köppen, é do tipo BSw^h, isto é, quente e seco com estação chuvosa no verão, atrasando-se para o outono (CARMO FILHO & OLIVEIRA, 1995). O município está situado na latitude Sul 5° 12'48''; longitude 37° 18'44'' W e com altitude de 37 m acima do nível do mar.

3.2 Germoplasma

Foram utilizadas populações geradas de dois cruzamentos entre genitores resistentes e o genitor suscetível 'Goldex' (Figura 3). 'Goldex' é um híbrido de melão amarelo desenvolvido pela Sementes Fitó. Pertence ao grupo *inodorus*, possui plantas vigorosas, ciclo é precoce (65 dias), frutos com formato oval-arredondado, casca amarela, lisa e firme, pesando em média 1,5 a 1,7 kg. Na maturação completa, o teor de sólidos solúveis atingem 14° - 16° Brix, e com boa resistência ao transporte (SEMILLAS FITÓ, 2019).



Figura 3 – Genitor recorrente da cultivar 'Goldex'
Fonte: Leandro Loureiro

Os genitores resistentes foram os acessos PI 313970 e PI 414723 pertencentes aos grupos *acidulus* e *momordica*, respectivamente. São considerados as melhores fontes de resistência em razão da não suscetibilidade a maioria das raças de *Px* identificadas em todo o mundo (McCREIGHT et al., 2012). Os cruzamentos entre os referidos genitores foram realizados de forma controlada no ano de 2017, obtendo-se a geração F1. Em 2018, foi obtida uma geração F2.

3.3 Obtenção e Descrição dos isolados de oídio

Foram utilizados três isolados monospóricos de *Px* coletados na cultura do meloeiro em três localidades do estado do Rio Grande do Norte no ano de 2016 (Tabela 1).

Tabela 1 – Descrição dos isolados de oídio utilizados nos dois ensaios. Mossoró, UFERSA, 2019.

Isolado	Raça	Local de Procedência	Coordenadas
Px-AL03	5	Alagoinha, Mossoró-RN	5° 3.0' 37.4" S, 37° 24' 1.20" W
Px-PB02	Br06	Pau Branco, Mossoró-RN	4° 53' 58.6" S, 37° 23' 58.8" W
Px-BR03	3.5	Baraúna-RN	5° 06' 07.4" S, 37° 43' 01.2" W

As raças foram identificadas com base na reação dos isolados nas seguintes cultivares diferenciadoras de oídio: PMR 45, PMR 5, MR-1, WMR 29, 'Hales Best Jumbo', 'Védrantais', Edisto 47, PI 313970 e PI 414723 (McCREIGHT et al., 2012). A identificação da raça do isolado proveniente da localidade de Pau Branco não foi possível devido à não correspondência das reações observadas com àquelas publicadas pela literatura. Para tanto, esta raça foi denominada de raça "Br06" (APÊNDICE A).

3.4 Manutenção dos isolados de *P. xanthii*

Cada isolado foi submetido ao cultivo monospórico para manutenção da sua pureza e impedir possíveis misturas de raças. O procedimento foi realizado com auxílio de um microscópio estereoscópio onde, um único conídio foi capturado de uma colônia de uma folha de meloeiro com um pincel de cílio humano e transferido para uma outra planta. Os isolados monospóricos foram submetidos à inoculação periódica em folhas da cultivar 'Védrantais' com auxílio de um pincel fino esterilizado para manutenção e multiplicação do oídio. As plantas inoculadas foram mantidas em gaiolas específicas protegidas em casa de vegetação por se tratar

de um parasita obrigatório. Para isto, estas plantas foram cultivadas em vasos de 1 litro contendo uma mistura de solo + substrato (Tropstrato[®]) na proporção de 3:1.

3.5 Estudos de Herança

Sementes das populações geradas pelos cruzamentos (F1, F2 e os genitores) foram semeadas em bandejas de polietileno preenchidas com substrato (Tropstrato[®]). Aos 7 dias após a semeadura foram transplantadas para vasos plásticos de 1 litro contendo uma mistura de solo + substrato (Tropstrato[®]) na proporção de 3:1 e mantidas sob condições locais descritas no item 3.1.

No primeiro ensaio, foram inoculadas 177 plantas da geração F2 oriundas do cruzamento entre o híbrido 'Goldex' (susceptível) e o acesso PI 313970 (resistente) e cinco plantas dos genitores e geração F1. No segundo, foram inoculadas 180 plantas da geração F2 do cruzamento entre o híbrido 'Goldex' (susceptível) e o acesso PI 414723 (resistente) e mantidas as mesmas quantidades de plantas para os genitores e geração F1. A inoculação foi realizada aos 20 dias após a semeadura, na terceira folha verdadeira utilizando a metodologia empregada por Yuste-Lisbona et al. (2010), que consiste na deposição de uma pequena quantidade (< 2g) de micélio e conídios com auxílio de um bisturi esterilizado em três pontos equidistantes da nervura central da folha, sendo cada ponto representado por uma raça.

A avaliação em cada ensaio ocorreu aos 10 dias após a inoculação utilizando uma lupa de mão modelo PH 50 (CSR[®]) observando-se o desenvolvimento de micélio, conidióforos e conídios. Os níveis de resistência foram definidos por uma escala de notas proposta por Yuste-Lisbona (2010) sendo: Nota 1: ausência de colônias do patógeno; Nota 2: pequeno crescimento de micélio e de conidióforos e cadeias curtas de conídios; Nota 3: crescimento de micélio, poucos conidióforos e cadeias longas de conídios; Nota 4: crescimento abundante de micélio, grande quantidade de conidióforos e cadeias longas de conídios. Foram consideradas resistentes àquelas que receberam notas 1 e 2, quando a reprodução foi inexistente ou escassa, ao passo que notas 3 e 4 corresponderam à susceptibilidade quando houve reprodução moderada ou abundante de conídios. Cada raça recebeu uma nota separadamente.

3.6 Análises estatísticas

A partir das frequências observadas nas plantas das populações segregantes definidas em resistentes e suscetíveis realizou-se o teste Qui-quadrado (χ^2) para analisar os dados de

fenotipagem dos indivíduos F2 e testar os modelos genéticos a fim de explicar a herança da resistência usando um erro nominal de 5% ($\alpha = 0,05$). As análises foram realizadas no software R versão 3.4.3.

4 RESULTADOS

4.1 Herança da resistência do acesso PI 313970

As reações observadas no genitor ‘Goldex’ (P1) remetem à suscetibilidade da cultivar, onde todas as plantas exibiram sintomas de crescimento micelial e colônias com conídios em todos os pontos inoculados com os isolados de *Px* utilizados (Figura 4A). Todas as plantas do genitor PI 313970 (P2) foram consideradas resistentes devido à ausência de sinais do fungo (Fig. 4B).

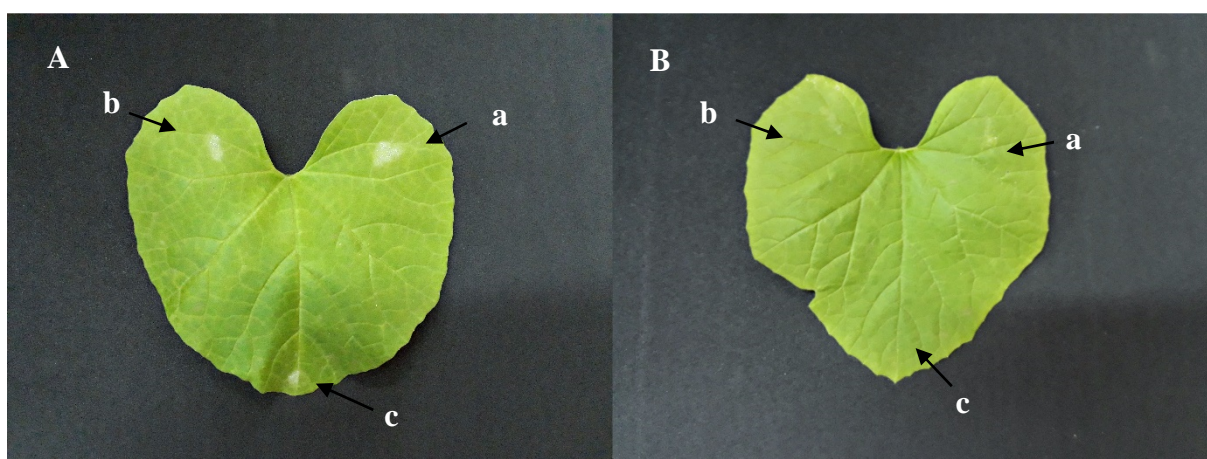


Figura 4 – Folhas dos genitores ‘Goldex’ (A) e PI 313970 (B) inoculadas com as raças 5 (a), Br06 (b) e 3.5 (c) de *P. xanthii*. Mossoró, UFERSA, 2019.

Na geração F1, as plantas foram suscetíveis às raças 5 e Br06 e resistentes à raça 3.5. Não houve segregação na geração filial F1 indicando que os genitores são puros (Tabela 2).

Na geração F2, 128 plantas foram suscetíveis e 49 resistentes a raça 5. Este resultado aproxima-se de uma relação de 3 suscetíveis para 1 resistente. Com estas frequências foi proposto um modelo que descrevesse o controle genético envolvido na resistência do acesso PI 313970 à raça 5. O modelo sugere uma herança simples, controlada por um gene formado por dois alelos, cuja resistência é conferida pelo alelo recessivo no estado de homozigose. O teste Qui-quadrado comprova, com valor χ^2 de 0,68 e $p = 0,41$. O valor de $p \geq 0,05$ indica que o teste não foi significativo, ou seja, a frequência observada não difere da frequência esperada e que os desvios são meramente devido ao acaso. Assim, pode-se dizer que a herança do acesso PI 313970 à raça 5 é do tipo monogênica e recessiva.

Tabela 2 – Frequência absoluta, Razão esperada e teste Qui-quadrado em populações procedentes do cruzamento entre ‘Goldex’ (P1) x PI 313970 (P2) inoculadas com as raças 5, Br06 e 3.5 de *P. xanthii*. Mossoró, UFERSA, 2019.

Progênie	Frequência absoluta		Razão	χ^2	p
	Suscetível	Resistente			
<i>Raça 5</i>					
‘Goldex’ (P1)	5	0	(1:0)		
PI 313970 (P2)	0	5	(0:1)		
F1 (P1 x P2)	5	0	(1:0)		
F2 (F1 x F1)	128	49	(3:1)	0,68	0,41 ^{ns}
<i>Raça Br06</i>					
‘Goldex’ (P1)	5	0	(1:0)		
PI 313970 (P2)	0	5	(0:1)		
F1 (P1 x P2)	5	0	(1:0)		
F2 (F1 x F1)	143	34	(13:3)	0,02	0,88 ^{ns}
<i>Raça 3.5</i>					
‘Goldex’ (P1)	5	0	(1:0)		
PI 313970 (P2)	0	5	(0:1)		
F1 (P1 x P2)	0	5	(0:1)		
F2 (F1 x F1)	81	96	(7:9)	0,29	0,59 ^{ns}

A fenotipagem da geração F2 resultou em 143 plantas suscetíveis e 34 resistentes a raça Br06. A segregação em F2 se aproxima de uma proporção fenotípica de 13 suscetíveis para 3 resistentes a este isolado. Sugeriu-se o modelo em que a herança é controlada por dois genes compostos por dois alelos cada com uma interação gênica do tipo epistasia dominante recessiva. De acordo com o teste Qui-quadrado, este modelo explica o controle genético para este isolado. O valor $\chi^2 = 0,02$ e $p \geq 0,05$ comprova que as frequências observada e esperada se equivalem. Assim, a resistência à raça Br06 é uma interação entre dois genes ocorrendo epistasia dominante e recessiva.

Para a raça 3.5 foram observadas 81 plantas suscetíveis e 96 resistentes na progênie F2. A razão esperada está próxima de uma relação de 9 resistentes para 7 suscetíveis. Este resultado está relacionado a uma interação gênica do tipo epistasia. Foi proposto um modelo de maneira que a herança seria controlada por dois genes compostos por dois alelos cada sendo os alelos recessivos epistáticos e que a presença de dominantes nos dois locos produzem indivíduos resistentes. O modelo é válido, pois, $\chi^2 = 0,29$ e $p = 0,59$ apontam que as frequências são equivalentes. Assim, na reação para este isolado ocorre uma interação gênica entre dois genes

do tipo epistasia recessiva dupla, onde é necessário a presença de alelos dominantes em cada loco para expressão da resistência.

4.2 Herança da resistência do acesso PI 414723

As plantas da cultivar ‘Goldex’ e do acesso PI 414723 foram suscetíveis e resistentes, respectivamente, comprovando a pureza do material vegetal (Figura 5). A geração filial F1 mostrou-se resistente à todas as raças utilizadas (Tabela 3).

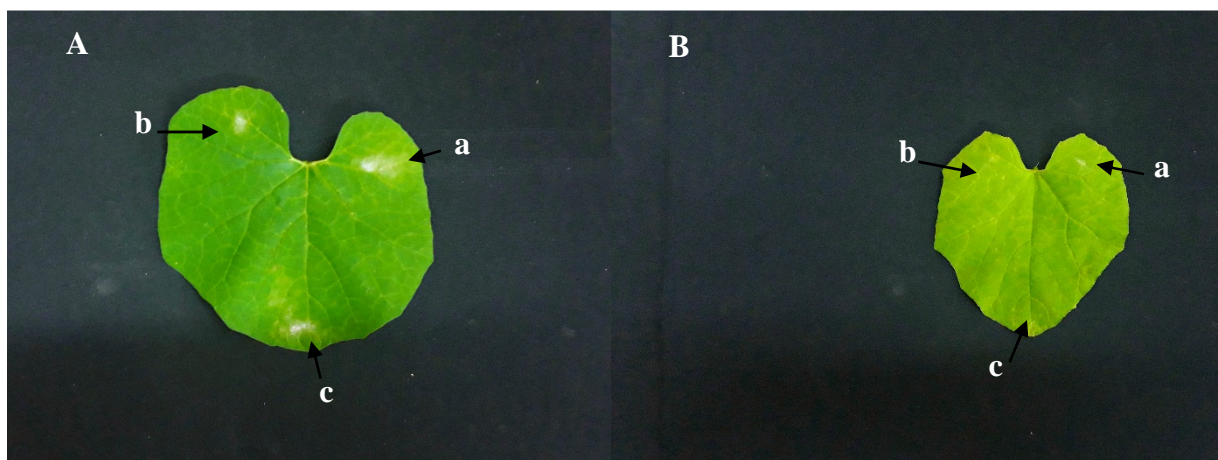


Figura 5 – Folhas dos genitores ‘Goldex’ (A) e PI 414723 (B) inoculadas com as raças 5 (a), Br06 (b) e 3.5 (c) de *P. xanthii*. Mossoró, UFERSA, 2019.

Em F2, foram constatadas 109 plantas resistentes e 71 suscetíveis à raça 5. A segregação nesta população mostra uma razão esperada de nove resistentes para sete suscetíveis. Isto revela que há uma interação gênica do tipo epistasia envolvida na expressão da resistência. Neste caso, o modelo proposto para explicar o controle genético é o que relaciona dois genes com dois alelos cada (*A* e *a*) e (*B* e *b*) envolvidos, onde os alelos dominantes promovem a resistência quando presentes simultaneamente. O teste $\chi^2 = 1,36$ com $p \geq 0,05$ valida o modelo. Assim, espera-se uma relação de 9R:7S para a raça 5 na população segregante deste cruzamento.

Em relação à raça Br06, a proporção fenotípica observada foi de 114 plantas resistentes e 66 suscetíveis na geração F2. Isso parece se aproximar de uma razão de 9:7 entre resistentes e suscetíveis respectivamente. O teste $\chi^2 = 3,67$ ($p \geq 0,05$) confirmam que as frequências observadas não divergem das frequências esperadas. Igualmente à raça 5, para a raça Br06, a herança da resistência é controlada por dois genes com dois alelos cada (*A* e *a*) e (*B* e *b*). Os alelos que conferem à resistência são dominantes sobre o alelo que conferem a suscetibilidade

e com interação gênica dupla recessiva, pois será necessário a presença de alelos dominantes em cada loco para expressão da resistência.

Concernente à raça 3.5, foram verificadas 125 plantas resistentes e 55 susceptíveis na geração F2. A partir destas frequências observadas, foi proposto o modelo de uma herança simples, onde um gene composto por dois alelos (*A* e *a*). O alelo que confere resistência é dominante sobre o alelo que confere suscetibilidade e a proporção fenotípica esperada é de 3 indivíduos resistentes para 1 susceptível. Foi comprovado a validade do modelo, pois, o teste χ^2 foi igual a 2,96 com $p \geq 0,05$. Diferentemente das raças anteriores, a herança da resistência à raça 3.5 de *Px* em cruzamentos envolvendo PI 414323 e ‘Goldex’ é do tipo monogênica dominante.

Tabela 3 – Frequência absoluta, Razão esperada e teste Qui-quadrado em populações procedentes do cruzamento entre ‘Goldex’ (P1) x PI 414723 (P2) inoculadas com as raças 5, Br06 e 3.5 de *P. xanthii*. Mossoró, UFERSA, 2019.

Progênie	Frequência absoluta		Razão	χ^2	<i>p</i>
	Suscetível	Resistente			
<i>Raça 5</i>					
‘Goldex’ (P1)	5	0	(1:0)		
PI 414723 (P2)	0	5	(0:1)		
F1 (P1 x P2)	0	5	(0:1)		
F2 (F1 x F1)	71	109	(7:9)	1,36	0,24 ^{ns}
<i>Raça Br06</i>					
‘Goldex’ (P1)	5	0	(1:0)		
PI 414723 (P2)	0	5	(0:1)		
F1 (P1 x P2)	0	5	(0:1)		
F2 (F1 x F1)	66	114	(7:9)	3,67	0,06 ^{ns}
<i>Raça 3.5</i>					
‘Goldex’ (P1)	5	0	(1:0)		
PI 414723 (P2)	0	5	(0:1)		
F1 (P1 x P2)	0	5	(0:1)		
F2 (F1 x F1)	55	125	(1:3)	2,96	0,09 ^{ns}

5 DISCUSSÃO

Foram revelados quatro modelos envolvidos no controle genético da resistência dos acessos utilizados às raças 5, Br06 e 3.5 de *Px*. No acesso PI 313970, foi constatado um gene recessivo controlando resistência à raça 5, dois genes responsáveis pela resistência à raça Br06 com epistasia recessiva e dominante e; herança digênica responsável pela resistência à raça 3.5 com epistasia recessiva dupla (APÊNDICE B). No acesso PI 414723, para as raças 5 e Br06 foram observados dois genes interagindo por epistasia recessiva dupla e um gene dominante envolvido na resistência à raça 3.5 (APÊNDICE C).

Em relação à raça 5, onde o controle genético é monogênico e recessivo, os genitores ‘Goldex’ e PI 313970 possuem os alelos (*AA*) e (*aa*) susceptíveis e resistentes, respectivamente. Na geração F1, todos os indivíduos possuem o gene heterozigoto (*Aa*), sendo portanto, susceptíveis. Em F2, são esperados 3 indivíduos susceptíveis (*AA*, *Aa*) para cada 1 (*aa*) resistente.

A resistência a *Px* é, na maioria das vezes, relatada como monogênica com efeito dominante. Entretanto, o controle monogênico e recessivo também foi identificado por McCreight e Coffey (2011) causando resistência em PI 313970 à raça “S”. Estes autores denominaram o alelo recessivo de *pm-S*. Este modelo foi observado pela primeira vez em 1984 condicionando resistência à raça 1 em PI 414723 (McCREIGHT, 1984). No presente estudo, não foi observado herança monogênica recessiva no PI 414723 em resposta às raças avaliadas. Mais tarde, um gene recessivo foi relatado controlando resistência à raça 1 no acesso ‘92417’, sendo chamado de *pm-1* (McCREIGHT et al., 1987). O PI 313970 também possui resistência à raça 1 vinculada a um gene recessivo e para a raça 2US conferida por um gene recessivo e outro semi-dominante e que, foi sugerida uma ligação entre os dois últimos (McCREIGHT, 2003). A introgressão de um gene recessivo é facilitada pelo método de retrocruzamentos.

A herança da resistência à raça Br06 no PI 313970 é bem mais complexa. Dois genes com interação epistática dominante e recessiva controlam a resistência para esta raça. Neste caso, o genótipo de cada uma das gerações avaliadas seria representado da seguinte forma: ‘Goldex’ (P1), *AAbb* (suscetível); PI 313970 (P2), *aaBB* (resistente); F1, *AaBb* (suscetível); F2, (9) *A_B_* (suscetível):(3) *A_bb* (suscetível): (3) *aaB_* (resistente):(1) *aabb* (suscetível), em que seriam resistentes apenas as plantas em homozigose para o alelo *a* na presença do alelo *B*. Nota-se que a suscetibilidade com frequência 13/16 em F2 resulta das classes genotípicas *A_B_*, *A_bb* e *aabb*. Nas duas primeiras, o alelo (*A*) é epistático em relação ao alelo (*B* e *b*) e, na terceira, o

alelo *b* é epistático uma vez que, interrompe uma via metabólica e impede a expressão da resistência na ausência do alelo (*A*).

Yuste-Lisbona et al., (2010) constataram uma epistasia recessiva e dominante no controle genético das raças 1, 2 e 5 de oídio em melão TGR-1551. Neste trabalho, os autores verificaram a proporção fenotípica de 13 resistentes para 3 susceptíveis. Contudo, a relação foi inversa no PI 313970 quanto à resistência à raça Br06 isolada em Mossoró, Rio Grande do Norte, Brasil, mesmo caracterizando-se um modelo de herança semelhante.

Dois genes independentes (*A* e *B*) com epistasia dupla recessiva estão relacionados com a resistência à raça 3.5 no PI 313970 e às raças 5 e Br06 no acesso PI 414723. Neste caso, cada gene possui dois alelos (*A* e *a* no gene *A*; *B* e *b* no gene *B*) e há uma relação de dominância completa. Os genótipos são caracterizados da seguinte forma: ‘Goldex’ (P1), *aabb* (susceptível); PI 313970 ou PI 414723 (P2), *AABB* (resistente); F1, *AaBb* (resistente); F2, (9) *A_B_* (resistente):(3) *A_bb* (susceptível):(3) *aaB_* (susceptível):(1) *aabb* (susceptível). Nota-se que, a resistência só ocorre quando há pelo menos um dos alelos dominantes em cada loco (*A_B_*). Neste caso, será necessário a presença de alelos dominantes em cada loco para expressão da resistência.

Bioquimicamente, a epistasia dupla recessiva ocorre quando duas enzimas são produzidas pelo indivíduo resistente. Cada enzima é produzida pelos alelos dominantes dos dois *loci* envolvidos. Se, de alguma maneira, ocorrer a ausência de uma das enzimas o indivíduo será susceptível (RAMALHO et al., 2012).

Este tipo de herança foi observado pela primeira vez em um germoplasma de melão por Nunes (2014) quando estudaram a herança do acesso C-AC-15 do grupo *momordica* coletado numa propriedade do Rio Grande do Norte, Brasil, como fonte de resistência à uma raça indefinida de *Px* presente na região. Em cruzamentos envolvendo linhagens de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*) em condições de campo, avaliando a herança da resistência ao oídio (*Erysiphe polygoni*), Rezende et al., (1999) verificaram a ocorrência de epistasia dupla recessiva.

Para a raça 5 isolada em Mossoró no ano de 2004, a segregação em F2 no cruzamento envolvendo o PI 414723 e a linhagem ‘Vendrantais’, Fazza et al., (2013) observaram que a herança era controlada por um gene dominante de efeito maior. Diferentemente do encontrado neste estudo. O *background* do genitor susceptível, as condições ambientais na região de São Paulo, onde foi realizado o experimento, além dos métodos empregados podem ser atribuídos como causas para a discrepância entre os resultados encontrados se comparados aos deste trabalho nas condições de Mossoró.

O controle monogênico e dominante à raça 3.5 de oídio no acesso PI 414723 é o mais encontrado na literatura referindo-se à diversas raças de *Px* (FLORIS; ALVAREZ, 1996; BARDIN et al., 1999; FUKINO et al., 2004; PITRAT & BESOMBES et al., 2008). Entretanto, esta é a primeira vez que este modelo de herança é identificado em relação à raça 3.5 de *Px* no meloeiro. Neste modelo, um gene composto por dois alelos (*A* e *a*), sendo que o alelo que confere resistência é dominante sobre o alelo que expressa suscetibilidade. Assim, os genótipos de cada geração são: ‘Goldex’ (P1), *aa* (suscetível); PI 414723 (P2), *AA* (resistente); F1, *Aa* (resistente); F2, $\frac{1}{4}$ *AA* (resistente): $\frac{1}{2}$ *Aa* (suscetível): $\frac{1}{4}$ *aa* (suscetível).

Diversos estudos com várias fontes de resistência têm citado controle monogênico e dominante. Utilizando o acesso brasileiro AC-02, Ricarte (2016) observou que a herança às raças 1 e 5 era controlada cada uma por um gene com dois alelos, onde o dominante conferia resistência e que a distância entre os genes era de 28,5 cM. Nunes (2014) usando o acesso AM55-1 como fonte de resistência à uma raça indefinida isolada de uma área de Valencia, na Espanha, verificou que o controle genético era também era monogênico e dominante.

No acesso PI 313970, os estudos ainda são incipientes, o que revela a importância deste trabalho com as raças presentes na principal estado produtor de melão do Brasil, o Rio Grande do Norte. Concernente ao acesso PI 414723, os estudos estão avançados, uma vez que genes de resistência foram mapeados e descritos para raças 1, 3 e 5 (FAZZA et al., 2013).

Em razão da pequena quantidade de genes envolvida no caráter, a maneira mais prática para introgressão dos alelos de resistência é o método de retrocruzamentos com intuito de recuperar o *background* do genitor recorrente suscetível. Desta forma, é possível formar gerações para obter materiais resistentes e com as boas características de fruto apreciadas pelo consumidor. Através desse processo foi produzida e primeira cultivar de meloeiro resistente à raça 1 de oídio, a ‘PMR 45’ e até as cultivares modernas são obtidas nas grandes empresas produtoras de sementes.

6 CONCLUSÕES

A herança da resistência à *Podosphaera xanthii* no acesso PI 313970 é monogênica recessiva para a raça 5, epistática dominante-recessiva para a raça Br06, e epistática dupla recessiva para a raça 3.5.

O controle genético da resistência às raças 5 e Br06 de *P. xanthii* no acesso PI 414723 é uma interação gênica do tipo epistasia dupla recessiva e a herança à raça 3.5 é monogênica dominante.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGUIAR, B. M.; VIDA, J. B.; TESSMANN, D. J.; OLIVEIRA, R. R. D.; AGUIAR, R. L.; ALVES, T. C. A. Fungal species that cause powdery mildew in greenhouse-grown cucumber and melon in Paraná State, Brazil. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 34, n. 3, p. 247-252, 2012. DOI: 10.4025/actasciagron.v34i3.13999

ANAGNOSTOU, K.; JAHN, M.; PERL-TREVES, R. Inheritance and linkage analysis of resistance to Zucchini yellow mosaic virus, Watermelon mosaic virus, Papaya ringspot virus and powdery mildew in melon. **Euphytica**, v. 116, p. 265-270, 2000. DOI: 10.1023/A:1004005716806

BARDIN, M.; DOGIMONT, C.; NICOT, P. PITRAT, M. Genetic analysis of resistance of melon line PI 124112 to *Sphaerotheca fuliginea* and *Erysiphe cichoracearum* studied in recombinant inbred lines. **Acta Horticulture**, v. 492, p.163-168, 1999. DOI: 10.17660/ActaHortic.1999.492.19

BERTRAND, F. AR Hale's Best Jumbo: a new differential melon variety (*Sphaerotheca fuliginea*) races in leaf disk test. p. 234-237. In: D.N.Maynard (ed.). **Cucurbitaccae 2002**. ASHS Press. Alexandria, Va. 2002.

BOHN, G. W.; WHITAKER T. W. Genetics of resistance to powdery mildew race 2 in muskmelon. **Phytopathology**, v. 54, n.5, p. 587-591, 1964.

BRAUN, U. **The Powdery Mildews (Erysiphales) of Europe**. Gustav Fischer Verlag, Jena. 1995. DOI: 10.1111/j.1756-1051.1996.tb00953.x

BRAUN, U. Some critical notes on the classification and generic concept of the Erysiphaceae. **Schlechtendalia**, v.3, p. 48-54, 1999.

BRAUN, U.; S. TAKAMATSU. Phylogeny of *Erysiphe*, *Microsphaera*, *Uncinula* (Erysiphaceae) and *Cystotheca*, *Podosphaera*, *Sphaerotheca* (Cystothecaceae) inferred from rDNA ITS sequences - some taxonomic consequences. – **Schlechtendalia**, v.4, p. 1-33, 2000.

CARMO FILHO, F.; OLIVEIRA, O. F. Mossoró: um município do semi-árido nordestino, caracterização climática e aspecto florístico. Mossoró: ESAM, (Coleção Mossoroense, Série B) 62p. 1995.

COHEN, Y., EYAL, H.; HANANIA, J. Ultrastructure, autofluorescence, callose deposition and lignification in susceptible and resistant muskmelon leaves infected with the powdery mildew fungus *Sphaerotheca fuliginea*. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, v.36, 191–204, 1990. DOI:10.1016/0885-5765(90)90025-s

COHEN, R.; KATZIR, N.; SCHREIBER, S.; GREENBERG, R.; YARDEN, O. Occurrence of *Sphaerotheca fuliginea* race 3 on cucurbits in Israel. **Plant Disease**, v. 80, p. 344, 1996. DOI: 10.1094/PD-80-0344D

COHEN, R.; BURGER, Y.; KATZIR, N. Monitoring physiological races of *Podosphaera xanthii* (syn. *Sphaerotheca fuliginea*), the causal agent of powdery mildew in cucurbits: factors

affecting race identification and the importance for research and commerce. **Phytoparasitica**, v. 32, n.1, p. 174-183, 2004. DOI: 10.1007/BF02979784

CORLEY, W. L. **Some preliminary evaluations of *Cucumis* plant introductions**. U. Ga. Agr. Expt. Sta. Bull. N.S. 179: 1-58, 1966.

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. DOI: 10.1002/9781118100509.ch3

DOGIMONT, C.; SLAMA, S.; MARTIN, J.; PITRAT, M. Sources of resistance to cucurbit aphid-borne yellows luteovirus in a melon germ plasm collection. **Plant Disease**, v.80, p. 1379-1382, 1996. DOI: 10.1094/PD-80-1379.

EPINAT, C.; PITRAT, M.; BERTRAND, F. Genetic analysis of resistance of five melon lines to powdery mildews. **Euphytica**, v. 65, p. 135-144, 1993. DOI: 10.1007/bf00022575

FAZZA, A. C. **Caracterização e ocorrência de agentes causais de oídio em cucurbitáceas no Brasil e reação de germoplasma de meloeiro**. (Dissertação de Mestrado). Piracicaba: ESALQ, 60p. 2006. DOI: 10.11606/D.11.2006.tde-16082006-160640

FAZZA, A. C.; DALLAGNOL, L. J.; FAZZA, A. C.; MONTEIRO, C. C.; LIMA, B. M.; WASSANO, D.T.; CAMARGO, L. E. A. Mapping of resistance genes to races 1, 3 and 5 of *Podosphaera xanthii* in melon PI 414723. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.13, n.4, p.349-355, 2013. DOI: 10.1590/S1984-70332013000400005

FLORIS, E.; ALVAREZ, J. M. Genetic analysis of resistance of three melon lines to *Sphaerotheca fuliginea*. **Euphytica**, v. 81, p. 181-186, 1995. DOI: 10.1007/BF00025431

FLORIS, E.; ALVAREZ, J. M. Nature of resistance of seven melon lines to *Sphaerotheca fuliginea*. **Plant Pathology**, v. 45, p.155-160, 1996. DOI: 10.1046/j.1365-3059.1996.d01-108.x

FUKINO, N.; KUNIHISA, M.; MATSUMOTO, S. Characterization of recombinant inbred lines derived from crosses in melon (*Cucumis melo* L.), 'PMAR 5' x 'Harukei No. 3'. **Breeding Science**, v. 5, p.141-145, 2004. DOI: 10.1270/jsbbs.54.141

GREBENŠCIKOV, I. **Cucurbitaceae**. In: SCHULTZE-MOTEL, J. Verzeichnis landwirtschaftlicher und gärtnerischer. Berlin: Akademie, v.2, 1986. p. 914-951.

HARWOOD, R. R.; MARKARIAN, D. The inheritance of resistance to powdery mildew in the cantaloupe variety Seminole. **The Journal of Heredity**, v. 59, n.2, p. 126-130, 1968. DOI: 10.1093/oxfordjournals.jhered.a107663

HOSOYA, K.; KUZUYA, M.; MURAKAMI, T.; KATO, K.; NARISAWA, K.; EZURA, H. Impact of resistant melon cultivars on *Sphaerotheca fuliginea*. **Plant Breeding**, v. 119, p. 286-288, 2000. DOI: 10.1046/j.1439-0523.2000.00489.x

HUANG, C.-C.; GROOT, T.; MEIJER-DEKENS, F.; NIKS, R. E.; LINDHOUT, P. The resistance to powdery mildew (*Oidium lycopersicum*) in *Lycopersicon* species is mainly

associated with hypersensitive response. **European journal of plant pathology**, v. 104, n. 4, p. 399-407, 1998. DOI: 10.1023/A:100809270

Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. [IBGE]. (2016). Produção Agrícola Municipal, 43, Rio de Janeiro: IBGE.

JAGGER, I. Powdery mildew of muskmelons in the Imperial Valley of California in 1925. **Phytopathology**, v.16, p. 1009-1010, 1926.

JAGGER, I. C.; SCOTT, G. W. **Development of powdery mildew resistant cantaloup No. 45**. USDA Circ. 441:6, 1937.

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**, v. 59, n.1, p 1-10, 2012. DOI:10.1007/s10722-012-9899-2

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. DOI: 10.17660/ActaHortic.2000.510.1

KAUR, J.; JHOOTY, J. S. Presence of race 3 of *Sphaerotheca fuliginea* on muskmelon in Pujab. **Indian Phytopathology**, v. 39, p.297-299, 1986.

KENIGSBUCH, D.; COHEN, Y. Inheritance and allelism of genes for resistance to races 1 and 2 of *Sphaerotheca fuliginea* in Muskmelon. **Plant Disease**, v. 76, p. 626-629, 1992. DOI: 10.1094/PD-76-0626.

KERJE, T., GRUM, M. The origin of melon, *Cucumis melo*: A review of the literature. **Acta Horticulture**, v. 510, n.1, p. 34–37, 2000. DOI: 10.17660/actahortic.2000.510.5

KRISTKOVÁ, E.; LEBEDA, A.; SEDLTLKOVÁ, B. Species spectra, distribution and host range of cucurbit powdery mildews in the Czech Republic, and in some other European and Middle Eastern countries. **Phytoparasita**, v. 37, p. 337-350, 2009. DOI:10.1007/s12600-009-0045-4

KUZUYA, M.; YASHIRO, K.; TOMITA, K.; EZURA, H. Powdery mildew (*Podosphaera xanthii*) resistance in melon is categorized into two types based on inhibition of the infection processes. **Journal of experimental botany**, v. 57, n. 9, p. 2.093-2.100, 2006. DOI: 10.1093/jxb/erj166

LEBEDA, A.; SEDLÁKOVÁ, B. Identification and survey of cucurbit powdery mildew races in Czech populations. In: G.J. Holmes (Ed.), **Proceedings of Cucurbitaceae 2006** (pp.444-452). Raleigh: Universal Press. 2006.

LEBEDA, A.; KŘÍSTKOVÁ, E.; SEDLÁKOVÁ, B.; McCREIGHT, J. D.; COFFEY, M. D. Cucurbit powdery mildews: methodology for objective determination and denomination of races. **European Journal of Plant Pathology**, v. 144, n. 2, p. 399-410, 2016. DOI:10.1007/s10658-015-0776-7

LORENZI, H.; BACHER, L.; LACERDA, M.; SARTORI, S. **Frutas brasileiras e exóticas cultivadas**. São Paulo: Instituto de Estudos da Flora, 2006.

MACIEL, G. M.; SILVA, E. C. Herança do formato do fruto em tomateiro do grupo cereja. **Horticultura Brasileira**, v.26, p. 495-498, 2008. DOI: 10.1590/s0102-05362008000400014

MALIK, A. A.; VASHISHT, V. K.; SINGH, K.; SHARMA, A.; SINGH, D. K.; SINGH, H.; MONFORTE, A. J.; McCREIGHT, J. D.; DHILLON, N. P. S. Diversity among melon (*Cucumis melo* L.) landraces from the Indo-Gangetic plains of India and their genetic relationship with USA melon cultivars. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.61, p. 1189–1208, 2014. DOI: 10.1007/s10722-014-0101-x

McCREIGHT, J. D. Evidence of a recessive powdery mildew resistance gene in muskmelon PI 414723. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, Raleigh, v.7, p.45, 1984.

McCREIGHT, J. D. 2000. **Molecular and phenotypic variation in melon PI 313970**, p. 235–239. In: N. KATZIR AND H. PARIS (eds.). Proc. 7th EUCARPIA Mtg. on Cucurbit Genetics and Breeding, Ma'ale Ha Hamisha, Israel, ISHS, Belgium

McCREIGHT, J. D. Genes for resistance to powdery mildew races 1 and 2U.S. in melon PI 313970. **HortScience**, v. 38, n.4, p. 591-594, 2003.

McCREIGHT, J. D.; PITRAT, M.; THOMAS, C. E.; KISHABA, A. N.; BOHN, G. W. Powdery mildew resistance genes in muskmelon. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v.112, p. 156-160, 1987.

McCREIGHT, J. D.; COFFEY, M. D.; TURINI, T. A.; MATHERON, M. E. Field evidence for a new race of powdery mildew on melon. **HortScience**, v. 40, n.3, p. 888 (Abstr.). 2005.

McCREIGHT, J. D.; COFFEY, M. D. Inheritance of Resistance in Melon PI 313970 to Cucurbit Powdery Mildew Incited by *Podosphaera xanthii* Race S. **HortScience**, v.46, n.6, p. 838–840. 2011.

McCREIGHT, J. D., COFFEY, M. D., SEDLÁKOVÁ, B., LEBEDA, A. (2012). Cucurbit powdery mildew of melon incited by *Podosphaera xanthii*: Global and western U.S. perspectives. In N. SARI, I. SOLMAZ, & V. ARARS (Eds.), **Cucurbitaceae 2012**, Proceedings of the Xth Eucarpia meeting on genetics and breeding of Cucurbitaceae (pp. 181–189). Adana: Cukurova University.

McGRANTH, M. T. Fungicide resistance in cucurbit powdery mildew: Experiences and challenges. **Plant Disease**, v. 85, n. 1, p. 236-245, 2001. DOI:10.1094/pdis.2001.85.3.236

MINISTÉRIO DA INDÚSTRIA, COMÉRCIO EXTERIOR E SERVIÇOS – MDIC. (2018). Estatísticas de exportação e importação brasileira, 1997 a 2017. Disponível em: <http://www.mdic.gov.br/balanca/SH/GRUPO_EXP.xlsx> Acessado em: 27 set 2018.

MOREIRA, S. R.; MELO, A. M. T. de; PURQUERIO, L. F. V.; TRANI, P. E.; NARITA, N. Melão (*Cucumis melo* L.). 2009. Disponível em: <http://www.infobibos.com/Artigos/2009_3/melao/index.htm>. Acesso em: 02 jan 2019.

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

NAGY, G. S. Studies on powdery mildews of cucurbits I. Life cycle and epidemiology of *Erysiphe cichoracearum* and *Sphaerotheca fuliginea*. **Acta Phytopathologica Academiae Scientiarum Hungaricae**, v. 11, p. 205-210, 1976.

NARUZAWA, E. S.; VALE, R. K. D.; SILVA, C. M.; CAMARGO, L. E. A. Estudo da diversidade genética de *Podosphaera xanthii* através de marcadores AFLP e sequencias ITS. **Summa Phytopathology**, v. 37, n. 2, p. 1-8, 2011. DOI: 10.1590/S0100-54052011000200002

NAUDIN, C. V. Essais d'une monographie des espèces et des variétés du genre *Cucumis*. **Annales des sciences naturelles - botanique et biologie vegetale**, v. 11, p. 5-87, 1859.

NUNES, E. W. L. P. **Caracterização de germoplasma, herança e identificação de marcadores SNP associados a resistência a *Podosphaera xanthii* em meloeiro**. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia), 122p., 2014.

NUNES, E. W. L. P., PRESTON, H. A. P.; DOVALE, J. C.; ARAGÃO, F. A. S.; ANTÔNIO, R. P.; NUNES, G. H. S. New sources of resistance to *Myrothecium roridum* and *Podosphaeria xanthii* in yellow melon. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.15, n.3, p. 181-186, 2015. DOI: 10.1590/1984-70332015v15n3n31

NUNES, E. W. L. P., RICARTE, A. O., MARTÍNEZ, E. M., ESTERAS, C., NUNES, G. H. S., PICÓ, M. B. Morphological and molecular characterization of new melon germplasm resistant to *Podosphaera xanthii*. **Acta Horticulturae**, v.1151, p. 69-74, 2017. DOI:10.17660/actahortic.2017.1151.12

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**, v. 41, n. 9, p. 57-67, 2006. DOI: 10.1590/S0100-204X2006000900004

NUNES, G. H. S.; SANTOS JÚNIOR, H.; GRANGEIRO, L.C.; BEZERRA NETO, F.; DIAS, C. T. S.; DANTAS, M. S. M. Phenotypic stability of hybrids of Galia melon in Rio Grande do Norte state, Brazil. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 83, n. 12, p. 1421-1434, 2011. DOI: 10.1590/S0001-37652011005000034

OLIVEIRA, F. I. C.; GRANJEIRO, L. C.; NEGREIROS, M. Z.; NUNES, G.H. S.; ARAGÃO, F. A. S. Sistema de produção de melão no polo agrícola Jaguaribe-Açu. In: Figueirêdo, M. C. B.; GONDIM, R. S.; ARAGÃO, F. A. S. **Produção de melão e mudanças climáticas**. Brasília, DF: Embrapa, 2017. Cap.3, p.45-76.

PÉREZ-GARCÍA, A., OLALLA, L., RIVERA, E., DEL PINO, D., CÁNOVAS, I., DE VICENTE, A. AND TORÉS, J. A. Development of *Sphaerotheca fusca* on susceptible,

resistant, and temperature-sensitive resistant melon cultivars. **Mycological Research**, v.105, n.10, p. 1216–1222, 2001. DOI: 10.1016/S0953-7562(08)61992-9

PÉREZ-GARCÍA, A.; ROMERO, R.; FERNÁNDEZ-ORTUÑO, D.; LÓPEZ RUIZ, F.; VICENTE, A.; TORÉS, J. A. The powdery mildew fungus *Podosphaera fusca* (synonym *Podosphaera xanthii*), a constant threat to cucurbits. **Molecular Plant Pathology**, v. 10, n.2, p. 153-160, 2009. DOI:10.1111/j.1364-3703.2008.00527.x

PITRAT, M. Linkage groups in *Cucumis melo* L. **Journal of Heredity**, v.82, p. 406-411, 1991. DOI: 10.1093/oxfordjournals.jhered.a111112

PITRAT, M. **Melon**. In: J. PROHENS and F. NUEZ (eds.), Handbook of plant breeding. Springer, New York. p. 283-315, 2008.

PITRAT, M.; BESOMBLES, D. Inheritance of *Podosphaera xanthii* resistance in melon line '90625' In: **Cucurbitaceae 2008**, IXth EUCARPIA Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae (Pitrat M, eds), INRA, Avignon, France, p. 135-142, 2008.

PITRAT, M. Melon Genetic Resources: Phenotypic Diversity and Horticultural Taxonomy. **Plant Genetics and Genomics: Crops and Models**, 25–60, 2016. DOI:10.1007/7397_2016_10

PYZHENKOV, V.; MALININA, M. **Cucurbits (cucumber, melon)**. Flora of Cultivated Plants XXI, Moscow, p. 200-288, 1994.

RABELO, H. O. 2017. **Reação de genótipos de meloeiro ao oídio das cucurbitáceas, métodos para identificação de raças e progresso de doença**. Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2017.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na agropecuária**. 5 ed. UFLA, Lavras, p.566, 2012.

REIS, A.; BUSO, J. A. Levantamento preliminar de raças de *Sphaerotheca fuliginea* no Brasil. **Horticultura Brasileira**, v. 122, n.3, p. 628-631, 2004. DOI: 10.1590/S0102-05362004000300026

REZENDE, V. F.; RAMALHO, M. A. P.; CORTE, H. R. Genetic control of common bean (*Phaseolus vulgaris*) resistance to powdery mildew (*Erysiphe polygoni*). **Genetics and Molecular Biology**, v. 22, n. 2, p. 233-236, 1999. DOI: 10.1590/S1415-47571999000200017

RICARTE, A. O. **Herança da resistência do acesso AC-02 às raças 1 e 5 de Podosphaera xanthii em meloeiro**. 2016. 41f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN, 2016.

RIVERA, M. E., CODINA, J. C., OLEA, F., DE VICENTE, A.; PÉREZ-GARCÍA, A. Differential expression of β -1,3-glucanase in susceptible and resistant melon cultivars in response to infection by *Sphaerotheca fusca*. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, v.61, n.5, p. 257–265, 2002. DOI:10.1006/pmpp.2002.0436

ROBINSON, R.W.; DECKER-WALTERS, D.S. **Cucurbits**. CAB International, Oxon (UK). p. 226. 1997.

ROMERO, D.; RIVERA, M. E.; CAZORLA, F. M.; CODINA, J. C.; FERNÁNDEZ-ORTUÑO, D.; TORÉS, J. A.; PÉREZ-GARCÍA, A.; DE VICENTE, A. Comparative histochemical analyses of oxidative burst and cell wall reinforcement in compatible and incompatible melon–powdery mildew (*Podosphaera fusca*) interactions. **Journal of plant physiology**, v. 165, n. 18, p. 1.895-1.905, 2008. DOI: 10.1016/j.jplph.2008.04.020

SALES JÚNIOR, R.; NUNES, G. H. S.; MICHEREFF, S. J.; PEREIRA, E. W. L.; GUIMARÃES, I. M. Reaction of families and lines of melon to powdery mildew. **Horticultura Brasileira**, v. 29, n. 3, p. 382-386, 2011. DOI: 10.1590/S0102-05362011000300021

SANTOS, A. A.; VIANA, F. M. P.; CARDOSO, J. E.; VIDAL, J. C. Efeito do oídio na produção e no teor de sólidos solúveis totais de frutos do meloeiro. **Ciência Agrônômica**, v.36, n.3, p. 354–357, 2005.

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. DOI:10.1073/pnas.1005338107

SEDLÁKOVÁ, B., LEBEDA, A., GRYZOVÁ, K., KŘÍSTKOVÁ, E. Virulence structure (pathotypes, races) of cucurbit powdery mildew populations in the Czech Republic in the years 2010-2012. In **Cucurbitaceae 2014 Proceedings** (pp. 28-31). Alexandria: ASHS Press. 2014.

SEDLÁŘOVÁ, M.; LEBEDA, A.; MIKŠÍKOVÁ, P.; DUCHOSLAV, M.; SEDLÁKOVÁ, B., MCCREIGHT, J. D. Histological aspects of *Cucumis melo* PI 313970 resistance to *Podosphaera xanthii* and *Golovinomyces cichoracearum*. **Journal of Plant Diseases and Protection**, v.116, n.4, p. 169–176, 2009. DOI:10.1007/bf03356306

SEMILLAS FITÓ. **Goldex F1**. 2019. Disponível em: <http://www.semillasfitoworld.com/en/products/vegetable_seeds/melon/index.htm>. Acesso em: 01 fev. 2019.

SHISHKOFF, N. The name of the cucurbit powdery mildew: *Podosphaera* (sect. *Sphaerotheca*) *xanthii* (Castag.) U. Braun & N. Shish. comb. nov. **Phytopathology**, v.90, p. S133, 2000. DOI: 10.1094/PHYTO.2000.90.6.S131

SILVA, L. T.; SILVA, E. O.; FIGUEIRÊDO, M. C. B.; CORRÊIA L. C.; ARAGÃO, F. A. S. Pós-colheita do melão amarelo "goldex" cultivado sob adubação verde e plantio direto com diferentes coberturas. **Irriga**, v. 21, n. 4, p. 764-778. 2016. DOI: 10.15809/irriga.2016v21n4p764-778

THOMAS, C.E. A new biological race of powdery mildew of cantaloups. **Plant Dis. Rptr.** v.62, p.223, 1978.

UCHIDA, K.; TAKAMATSU, S.; MATSUDA, S.; SO, K.; SATO, Y. Morphological and molecular characterization of *Oidium* subgenus *Reticuloidium* (powdery mildew) newly

occurred on cucumber in Japan. **Journal of General Plant Pathology**, v.75, n.2, p. 92–100, 2009. DOI:10.1007/s10327-009-0146-4

WHITAKER, T.W. & D.E. PRYOR. Genes for resistance to powdery mildew in *Cucumis melo*. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v.41, p. 270-273, 1942.

YUSTE-LISBONA, F. J.; LÓPEZ-SESÉ, A. I.; GÓMEZ-GUILLAMÓN, M. L. Inheritance of resistance to races 1, 2 and 5 of powdery mildew in the melon TGR-1551. **Plant Breeding**, v.129, p.72-75, 2010. DOI: 10.1111/j.1439-0523.2009.01655.x

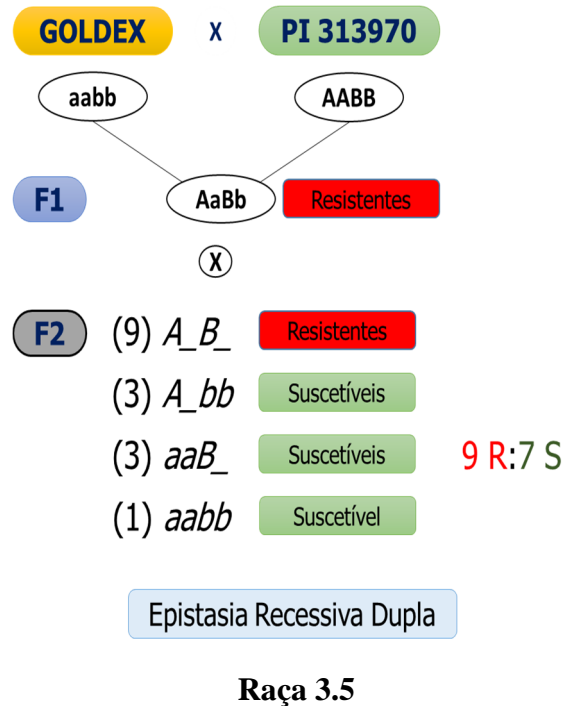
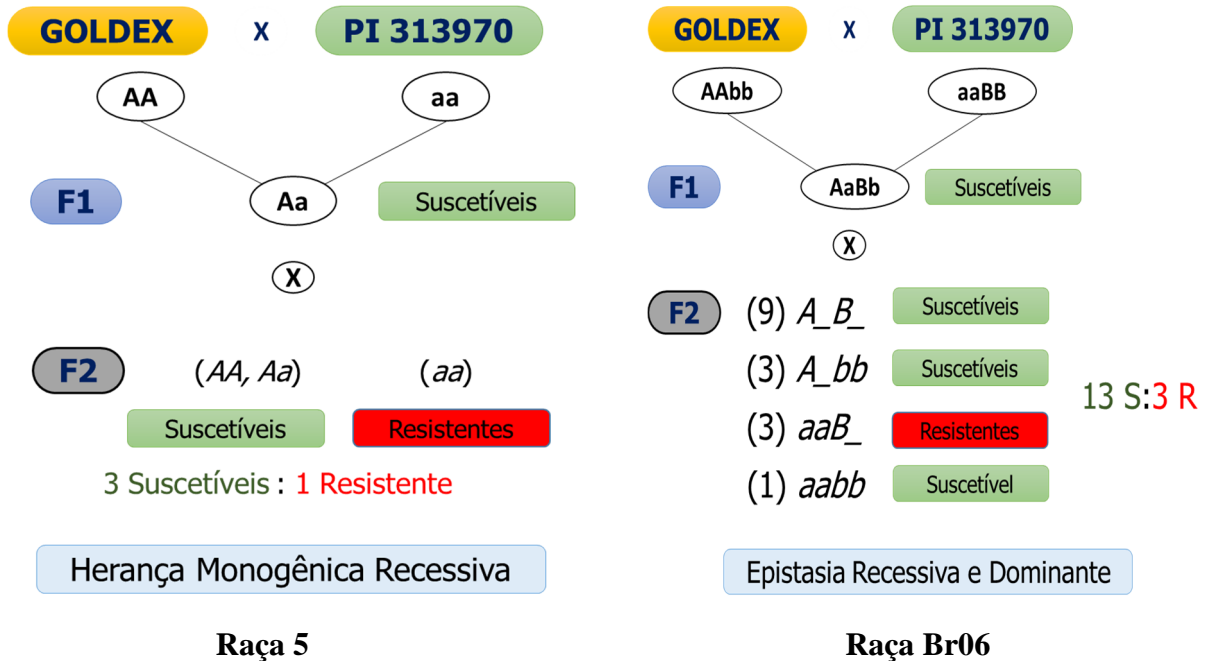
ZITTER, T. A; HOPKINS, D. L; THOMAS, C. E; **Compedium of curcubit diseases**. St. Paul: APS, 87 p, 1996.

**APÊNDICE A – TABELA REAÇÃO DOS ISOLADOS EM CULTIVARES
DIFERENCIADORAS DE RAÇAS DE *Podosphaera xanthii***

Genótipo	Isolado		
	Px-AL03	Px-PB02	Px-BR03
PMR 5	R	s	s
PMR 45	s	s	s
MR-1	R	R	s
WMR 29	s	s	s
'Hales Best Jumbo'	s	s	s
Vedrantais	s	s	s
Edisto 47	s	s	s
PI 313970	R	R	R
PI 414723	R	R	R

R: resistente; s: suscetível

APÊNDICE B – MODELOS GENÉTICOS DE HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO
ACESSO PI 313970 A RAÇAS DE *Podospaera xanthii*



APÊNDICE C – MODELOS GENÉTICOS DE HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO
ACESSO PI 414723 A RAÇAS DE *Podosphaera xanthii*

