



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

ADRIANO FERREIRA MARTINS

HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO DE MELOEIRO Ag-15591Ghana À
Macrophomina phaseolina

MOSSORÓ

2021

ADRIANO FERREIRA MARTINS

HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO DE MELOEIRO Ag-15591Ghana À
Macrophomina phaseolina

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: Glauber Henrique de Sousa Nunes, Prof. Dr.

MOSSORÓ

2021

©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)

M379h

Martins, Adriano Ferreira.
HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO DE MELOEIRO Ag-
15591Ghana À *Macrophomina phaseolina* / Adriano
Ferreira Martins. - 2021.
37 f. : il.

Orientador: Glauber Henrique de Sousa Nunes.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural do Semi-
árido, Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, 2021.

1. Cucumis melo L. 2. Manejo. 3. Doenças radiculares. 4.
Controle. 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.

ADRIANO FERREIRA MARTINS

HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO DE MELOEIRO Ag-15591Ghana À

Macrophomina phaseolina

Dissertação apresentada ao Mestrado em Fitotecnia do 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

Defendida em: 13/03/2021.

BANCA EXAMINADORA

Glauber Henrique de Sousa Nunes

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

Márcia Michelle de Queiroz Ambrósio

Márcia Michelle de Queiroz Ambrósio, Prof^a. Dra. (UFERSA)
Membro Examinador

Fernando Antônio Souza de Aragão

Fernando Antônio Souza de Aragão, Prof. Dr. (EMBRAPA)
Membro Examinador (Externo)

Anânkia de Oliveira Ricarte Marinho

Anânkia de Oliveira Ricarte Marinho, Dra.
Membro Examinador

A minha avó (*In Memoriam*).

Pelos seus exemplos de vida!

Aos meus pais, irmãos e à minha namorada pelo apoio, incentivo e que sempre estiveram do meu lado em todos os momentos.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ter me dado força de vontade, sabedoria e determinação para alcançar meus objetivos.

A toda minha família pelo apoio e compreensão.

A minha namorada pelo apoio e compreensão em todos os momentos.

A Carl Sagan, por ter me apresentado a ciência e sua importância para o desenvolvimento da humanidade.

Ao Projeto Ação Digital por ter aberto as portas para o ingresso no ensino superior.

À Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), pela oportunidade de concluir a graduação e o mestrado.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES, pela concessão da bolsa de estudos.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Sc. Glauber Henrique de Sousa Nunes, por me guiar no desenvolvimento deste trabalho da forma mais humilde e profissional possível.

Agradeço a banca examinadora, por avaliar e criticar de forma construtiva este trabalho.

A todos os integrantes do GERMEV pela colaboração nas atividades desenvolvidas.

A todos meus colegas do mestrado, em especial a Adênio, Lucas e Giordanio.

Agradeço a todos do Laboratório de Fitopatologia, em especial a professora Márcia Michele pelos ensinamentos e orientação.

Agradeço a todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para minha formação pessoal e acadêmica.

RESUMO

MARTINS, Adriano Ferreira. **Herança da resistência do acesso de meloeiro Ag-15591Ghana à *Macrophomina phaseolina***. 2021. 37f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN, 2021.

A podridão do colo, causada por *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid é uma das principais doenças radiculares que afetam a cultura no meloeiro (*Cucumis melo* L.). A doença é de difícil controle, pois o patógeno produz estruturas de resistência como clamidósporos, oósporos e escleródios que permanecem no solo e restos vegetais por vários anos. O uso de cultivares resistentes é umas das melhores alternativas para convivência com o referido patógeno, dentro de um programa de manejo da cultura. Para condução de um programa de melhoramento visando à obtenção de cultivares resistentes é necessário o conhecimento da herança envolvida na resistência do genitor doador. Em estudo de reação, o acesso de meloeiro Ag-15591Ghana foi identificado como resistente à *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. Nesse sentido, o objetivo do presente trabalho foi estudar a herança da resistência do referido acesso em cruzamento com o acesso Con-Pat81Ko. Inicialmente foi obtida a geração F1, proveniente do cruzamento entre os dois genitores, posteriormente foi obtida a geração F2 e retrocruzamento (RC11). As populações foram testadas quanto à reação ao patógeno, seguindo-se a metodologia de inoculação do palito de dente. A avaliação foi feita 25 dias após a inoculação, com base numa escala de notas de severidade que varia de 0 à 5, em que 0: Assintomática e 5: Mais que 50% dos tecidos infectados. Modelos genéticos foram testados usando a máxima verossimilhança em misturas de funções de densidade normal. A partir das funções de verossimilhança para cada modelo, foi possível compor testes de interesse, considerando diferentes hipóteses. Os resultados mostraram que a herança da resistência do acesso Ag-15591Ghana é controlada por um gene maior com a presença de efeito aditivo e de dominância.

Palavras-chave: *Cucumis melo* L.. Manejo. Doenças radiculares. Controle.

ABSTRACT

MARTINS, Adriano Ferreira **Inheritance resistance of melon access Ag-15591Ghana to *Macrophomina phaseolina*** 2021. 37f. Thesis (MS in Crop Science) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN, 2021.

Neck rot, caused by *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid is one of the main root diseases that affect the culture in melon (*Cucumis melo* L.). The disease is difficult to control, as the pathogen produces resistance structures such as chlamydospores, oospores and sclerotia that remain in the soil and plant remains for several years. The use of resistant cultivars is one of the best alternatives for living with that pathogen, within a culture management program. To conduct a breeding program to obtain resistant cultivars, it is necessary to know the inheritance involved in the resistance of the donor parent. In a reaction study, the accession of melon Ag-15591Ghana was identified as resistant to *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. In this sense, the objective of the present work was to study the inheritance of the resistance of the referred access in crossing with the Con-Pat81Ko access. Initially, the F1 generation was obtained, from the crossing between the two parents, then the F2 generation and backcrossing (RC11) were obtained. The populations were tested for reaction to the pathogen, following the toothpick inoculation methodology. The evaluation was performed 25 days after inoculation, based on a scale of severity scores ranging from 0 to 5, where 0: Asymptomatic and 5: More than 50% of infected tissues. Genetic models were tested using maximum likelihood in mixtures of normal density functions. Based on the likelihood functions for each model, it was possible to compose tests of interest, considering different hypotheses. The results showed that the inheritance of Ag-15591Ghana access resistance is controlled by a larger gene with the presence of an additive and dominance effect.

Keywords: *Cucumis melo* L.. Management. Root diseases. Control.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	– Local de execução do experimento. Mossoró, UFERSA, 2021.....	20
Figura 2	– Temperatura e umidade relativa observada no interior da estufa no período de realização do experimento. Mossoró, UFERSA, 2021.....	20
Figura 3	– Genitor suscetível (Con-Pat81Ko) e resistente (Ag-15591Ghana) utilizados no estudo. Mossoró, UFERSA, 2021.....	21
Figura 4	– Germinação das populações avaliadas no estudo de herança. Mossoró, UFERSA, 2021.....	22
Figura 5	– Isolados de <i>Macrophomina phaseolina</i> cultivados em meio de cultura BDA mais a tetraciclina. Mossoró, UFERSA, 2021.....	23
Figura 6	– Planta de melão inoculada com <i>M. phaseolina</i> pelo método do palito. Mossoró, UFERSA, 2020.....	24
Figura 7	– Escala de notas da severidade da doença. Mossoró, UFERSA, 2020.....	24
Figura 8	– Populações analisadas no estudo de herança. Mossoró, UFERSA, 2020.....	25

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	– Modelos de herança utilizados pelo programa Monogen v.0.1.Mossoró-RN, 2021.....	27
Tabela 2	– Componentes de médias e variâncias, grau médio de dominância e herdabilidade obtidos em estudo de herança da resistência do acesso C-14 a <i>M. Phaseolina</i> . Mossoró-RN, 2021.....	29
Tabela 3	– Testes de hipóteses de modelos genéticos hierárquicos em estudo de herança da resistência do acesso C-14 a <i>M. phaseolina</i> . Mossoró-RN, 2021.....	30

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	12
2. REFERENCIAL TEÓRICO.....	14
2.1. Importância econômica do meloeiro	14
2.2. Origem, botânica e diversidade.....	15
2.3. Patógenos habitantes do solo	16
2.4. <i>Macrophomina phaseolina</i> em meloeiro	17
2.5. Formas de controle.....	17
2.6. Reação e estudos herança à <i>M. phaseolina</i> em meloeiro	18
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	20
3.1. Local de execução do experimento	20
3.2. Germoplasma utilizado	21
3.3. Obtenção das populações	21
3.4. Plantio	22
3.5. Preparação do inóculo	23
3.6. Inoculação e avaliação da doença	24
3.7. Arranjo experimental	25
3.8. Análises estatísticas.....	25
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	28
5. CONCLUSÕES.....	32
REFERÊNCIAS	33

1. INTRODUÇÃO

A cultura do meloeiro (*Cucumis melo* L.) apresenta posição de destaque no comércio nacional e internacional de frutas frescas. Atualmente, as principais áreas produtoras de melão nacionais se localizam no semiárido da região Nordeste, com destaque para os polos de produção Mossoró/Assu-RN, Baixo Jaguaribe-CE e Juazeiro-BA/Petrolina-PE. O Nordeste respondeu em 2020 por aproximadamente 96% da produção nacional, sendo que os estados do Rio Grande do Norte e Ceará são líderes em área plantada e produção, produzindo juntos, 82,5% do total produzido no país (IBGE, 2020).

A monocultura do melão, associada ao uso das áreas por vários anos seguidos tem contribuído para o aumento da ocorrência de doenças radiculares que reduzem a produção e a qualidade dos frutos. Dentre as doenças radiculares que afetam a cultura, se destaca a podridão do colo, causada pelo fungo *Macrophomina phaseolina*. A doença pode apresentar uma série de sintomas, tais como tombamento, branqueamento de caules, podridão de raiz e caule, queima das folhas, murchamento da planta e até a morte (WATSON; NAPIER 2009).

A doença apresenta difícil controle, pois o patógeno produz estruturas de resistência como clamidósporos, oósporos e escleródios que permanecem no solo por vários anos, além disso, apresenta baixa especificidade de hospedeiros, sendo capaz de infectar um grande número de espécies vegetais, inclusive muitas plantas daninhas. Condições ambientais favoráveis como altas temperaturas e baixa umidade favorecem a doença. (SALES JÚNIOR et al., 2012; FARR; ROSSMAN, 2021).

O emprego de cultivares ou porta-enxerto resistentes é uma das melhores alternativas para convivência com o patógeno, dentro de um programa de manejo da cultura, pois permitem o cultivo em solos com grandes populações desse patógeno, além de reduzir o uso de defensivos agrícolas. O uso de resistência genética tem como principais vantagens a acessibilidade pelo produtor, redução da severidade e incidência da doença, não contaminação do meio ambiente e compatibilidade com outros métodos de controle (SILVA et al., 2014). Nesse sentido, se faz necessário estudar o germoplasma disponível para identificação de fontes de resistência a esse fungo.

Após a identificação de fontes de resistência no germoplasma, o próximo passo é entender o controle genético da resistência. O controle genético depende de dois fatores: fonte de resistência e background do genitor suscetível. Os estudos de herança são fundamentais no processo de melhoramento, pois permite conhecer o número de genes envolvidos na herança

daquele caráter e seu modo de ação, o que orientará o melhorista na escolha do melhor do melhor método a ser utilizado para realizar a introgressão dos alelos que condicionam resistência em cultivares comerciais existentes no mercado (ALBUQUERQUE; NASS, 2008).

Dentre os acessos que compõem a coleção ativa de germoplasma da Universidade Federal Rural do Semi Árido (UFERSA), que foram avaliados por Linhares (2018) quanto reação à *Macrophomina phaseolina*, o acesso Ag-15591Ghana destacou-se como uma promissora fonte de resistência. No entanto, as informações relacionadas à resistência genética desse acesso são escassas. Assim, o presente trabalho teve por objetivo estudar a herança da resistência do acesso Ag-15591Ghana a *Macrophomina phaseolina*, em cruzamento com o acesso Con-Pat81Ko.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Importância econômica do meloeiro

O meloeiro é cultivado em diversos países ao redor do mundo, as áreas de produção se localizam principalmente nas regiões de clima árido e semiárido, pois essas regiões apresentam as condições edafoclimáticas ideais para o desenvolvimento da cultura. É uma hortaliça muito apreciada por seu sabor e aroma característicos. No Brasil, são utilizadas principalmente as cultivares de melão do grupo *Inodorus* tipo Amarelo e Pele de sapo, no entanto, nota-se um aumento da demanda por melões do grupo *Cantalupensis*, que são aromáticos, polpa cor salmão, com sabor adocicado e alto teor de sólidos solúveis (°Brix). Para os melões dos tipos Gália e Charentais, a principal oportunidade de crescimento da cultura é na exportação, com destaque para os mercados asiático e europeu e norte-americano (COSTA et al., 2017).

O meloeiro apresenta posição de destaque no comércio de frutas frescas no Brasil. Em 2019, a área plantada foi de 22.279 ha e área colhida de 22.127 há, com um volume produzido de 587.692 toneladas (IBGE, 2020). As principais áreas produtoras se localizam no semiárido nordestino, com destaque para os Agropólos Mossoró/Assu-RN, Baixo Jaguaribe-CE e Juazeiro-BA/Petrolina-PE. O Nordeste respondeu em 2019 por 96% da produção nacional, seguido da região Sul com 4%. Os estados do Rio Grande do Norte e Ceará mantêm a liderança na produção, produzindo juntos 72% do total produzido no país (IBGE, 2020). Para o mercado internacional foram exportados mais de 233.652 kg da fruta *in natura*, com valor de US\$ 162.916.237 milhões (MAPA/AGROSTAT, 2020).

O cultivo do meloeiro contribui para o desenvolvimento econômico e social das regiões produtoras. O desenvolvimento dessa olerícola foi beneficiado pelo limitado índice pluviométrico anual na região do semiárido do Nordeste, 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). Do ponto de vista socioeconômico, o cultivo do melão é capaz de gerar empregos e renda para as regiões produtoras, uma vez que requer mão de obra para diversas etapas do sistema de cultivo, principalmente na época da colheita, que é realizada de forma semimecanizada (COSTA et al., 2017).

2.2. Origem, botânica e diversidade

Os estudos apontam que o melão tem como centro de origem a região tropical da África, considerado o seu número de cromossomos ($2n = 2x = 24$), pois as demais espécies de cucurbitáceas do gênero *Cucumis* têm o mesmo número básico de cromossomos ($x = 12$) (WHITAKER, 1976). Alguns estudos apontam à presença de melões em regiões do continente asiático, principalmente na Índia e China, o que pode indicar que essa cucurbitácea tenha sido domesticada em diferentes regiões no mundo. No continente africano e no subcontinente da Índia é encontrada a maior variabilidade genética do meloeiro (PITRAT, 2003).

Na atualidade, existem cultivares de melão em diversas partes do mundo, como na região central e leste da Ásia, no Continente Americano, na África e nos países banhados pelo Mar Mediterrâneo. A grande variabilidade genética presente no germoplasma do meloeiro possibilita essa diversidade de regiões de cultivo, ao passo que permite a produção de diferentes tipos de melão, adaptados a diversas condições edafoclimáticas. Devido a essa diversidade, são encontrados em todos os mercados do mundo frutos com diferentes, formatos, cores, aromas e sabores, que agradam os mais diversos paladares (DEULOFEU; ALVAREZ, 1997).

O cultivo no Brasil foi iniciado pelos imigrantes europeus, sendo que o estado do Rio Grande do Sul foi, possivelmente, o primeiro local de cultivo no país. A partir da década de 1970, a cultura se expandiu pelo país, surgindo importantes polos de produção nos estados de São Paulo, Bahia, Pernambuco, Ceará e Rio grande do Norte. O estado do RN se tornou o maior produtor nacional, tendo surgido posteriormente um novo polo de produção, denominado de Agropolo Mossoró-Assu (NUNES et al., 2004).

O meloeiro pertence à família Cucurbitaceae, que é composta principalmente pelas abóboras (*Cucurbita* spp.), pepinos (*Cucumis sativus* L.), melancias (*Citrullus lanatus* (Thumb) dentre outros. A espécie *Cucumis melo* L. compreende duas subespécies, classificadas de acordo com a pilosidade do ovário: *Cucumis melo* spp *melo*, com pêlos longos no ovário, e *Cucumis melo* spp *agrestis*, com pêlos curtos e adensados no ovário. A subespécie *agrestis* contempla os grupos botânicos *acidulus*, *conomon*, *momordica*, *makuwa* e *chinensis*. A subespécie *melo*, contém os grupos botânicos *chate*, *flexuosus*, *tibish*, *adana*, *ameri*, *cantalupensis*, *chandalak*, *reticulatus*, *inodorus* e *dudaim* (PITRAT, 2008; BURGER et al.; 2010).

Dentro dos grupos se encontram os tipos, estes, por sua vez, passaram por processo de melhoramento genético. Os principais tipos comercializados no Brasil são: Amarelo, Honey Dew, Pele de sapo, Cantaloupe, Gália e Charentais. Os três primeiros tipos pertencem à variedade botânica *inodorus*. Os do tipo *Cantaloupe* e Charentais são aromáticos (NUNES et al., 2016).

2.3. Patógenos habitantes do solo

A ocorrência de problemas fitossanitários nas regiões produtoras de melão no Nordeste brasileiro está cada vez maior, devido ao emprego de práticas de monocultivo, o que favorece o aumento das populações de microrganismos fitopatogênicos. As doenças causadas por fungos habitantes do solo apresentam bastante incidência nas áreas produtoras, podendo ocasionar em casos mais graves o abandono de áreas (NASCIMENTO et al., 2018).

Diversas espécies de fungos ou associações destas podem causar podridões na raiz do meloeiro, tais como *Fusarium solani* (Mart.), *Didymella bryoniae* (Auersw.) Rehm, *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid., *Myrothecium roridum* Tode, *Monosporascus cannonballus* Pollack e Uecker e *Rhizoctonia solani* Kühn, dentre eles, os mais isolados de plantas sintomáticas são *Fusarium solani* (Mart.) Sacc. e *Macrophomina phaseolina* Tassi (Goid). (DANTAS et al., 2013; AMBRÓSIO et al., 2015; NASCIMENTO, 2015).

A persistência destes microrganismos no solo está ligada a produção de estruturas de resistência, como clamidósporos, oósporos e escleródios, que tornam possível sua sobrevivência por longos períodos, mesmo na ausência de hospedeiros e condições ambientais desfavoráveis (NASCIMENTO et al., 2018). Estes patógenos também apresentam grande capacidade saprofítica, sobrevivendo a partir do aproveitamento de nutrientes oriundo da decomposição da matéria orgânica de restos culturais. Além disso, a maioria desses microrganismos apresentam gama de hospedeiros, que dificulta o manejo utilizando a rotação de culturas (SALES JÚNIOR et al., 2012).

O controle desses patógenos é difícil, sendo necessário o uso de técnicas de manejo que desfavoreçam o seu desenvolvimento, tais como, controle químico, controle biológico, controle cultural, manejo da irrigação, solarização do solo e o uso de materiais resistentes ou tolerantes a estes microrganismos (AZEVEDO, 2011; NASCIMENTO et al., 2018).

2.4. *Macrophomina phaseolina* em meloeiro

O fungo *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid pertence ao filo Ascomycota, família Botryosphaeriaceae (MYCOBANK, 2021). Produz micélio uninucleado, picnídios marrom-escuros, solitários ou agregados, com 100 a 200 µm de diâmetro. A principal forma de infecção da planta é por meio dos microescleródios que persistem por 3 a 15 anos no solo e em restos de cultura. A penetração acontece nas raízes terciárias e secundárias e vai progredindo até a raiz principal ou, mais raramente, pelo pedúnculo do fruto. Raramente os sintomas podem ser encontrados nos frutos. No entanto, quando ocorre a penetração pelo pedúnculo, em poucos dias o fungo invade todo o fruto (ALMEIDA et al., 2014).

No meloeiro, esse patógeno causa uma doença conhecida como podridão do colo, que se caracteriza pelo tombamento de pré e pós-emergência, podridões em caules e raízes, queima das folhas, murcha e morte da planta (KIMATI et al., 2005; WATSON; NAPIER 2009). Em condições favoráveis, as hifas germinam dos escleródios e infectam as raízes da planta hospedeira, penetrando na parede celular da planta por pressão mecânica e/ou amolecimento químico (ISLAM et al., 2012). A doença progride do amarelecimento da folha ao murchamento e, por fim, à morte da planta. A incidência e a severidade dessa doença aumentam quando as plantas estão estressadas por falta de água e por temperaturas elevadas (WRATHER et al., 2008).

Este patógeno é capaz de infectar mais de 680 espécies vegetais, sendo várias de importância econômica como feijão, feijão caupi, amendoim, milho, girassol, soja, sorgo, melancia e melão (ALMEIDA et al., 2014; GUPTA et al, 2012; FARR; ROSSMAN, 2021). *M. phaseolina* tem sido isolado de raízes de meloeiro e de plantas daninhas. Além disso, muitas vezes está associado a outros patógenos dos gêneros *Fusarium*, *Rhizoctonia* e *Monosporascus* spp. (SALES JUNIOR et al., 2012; MARINHO et al., 2002). No norte de Israel, *M. phaseolina* tem sido o fungo mais isolado em áreas produtoras de melancia e melão, sendo o principal agente causal do colapso do meloeiro na naquela região (COHEN et al., 2016). Em anos secos e quentes, na região Norte do Estado do Paraná, as perdas em soja das cultivares tardias, Viçosa e Santa Rosa, chegaram a atingir 50% (Ferreira et al., 1979).

2.5. Controle do patógeno

O controle de *M. phaseolina* é muito dificultado, devido à produção de estruturas de resistência e ampla gama de hospedeiros (GUPTA et al, 2012; SALES JUNIOR et al., 2012;

ISLAM et al., 2012). A aplicação de produtos químicos é inviável do ponto de vista técnico e econômico, pois apresenta baixa eficiência e é muito agressivo ao meio ambiente. O brometo de metila era o principal fumigante de solo utilizado para controle desse e de outros patógenos habitantes do solo, no entanto, seu uso foi proibido no Brasil no ano de 2007 (NASCIMENTO et al., 2018).

O controle biológico com uso de *Streptomyces* spp. e *Trichoderma* tem sido estudado no intuito de verificar se apresenta eficiência contra *Macrophomina phaseolina* em meloeiro (SHAHID; KHAN, 2016; ELAD, 1986). Porto (2015), trabalhando com associação dos fungos *F. solani*, *M. phaseolina* e *R. solani* mostrou que a adubação verde reduziu o potencial de inóculo desses patógenos, melhorando as características físicas, químicas e biológicas do solo, além de aumentar a quantidade de matéria orgânica e induzir a planta a produzir substâncias com ação antagônica.

A rotação de culturas se mostrou-se pouco eficiente, em função da diversidade de hospedeiros e capacidade de sobreviver e multiplicar em restos vegetais no solo (ALMEIDA et al., 2014). No Brasil não existem fungicidas registrados para o controle desse patógeno na cultura do meloeiro (MAPA, 2021). Assim, uma alternativa viável para o controle da podridão do colo é a utilização de variedades com resistência genética por ser um método econômico, ambientalmente correto e de fácil adoção pelo produtor. O uso de resistência genética tem como principais vantagens a acessibilidade pelo produtor, redução da severidade e incidência da doença, não contaminação ou poluição ao meio ambiente e compatibilidade com outros métodos de controle, além do uso de porta-enxerto resistente (SILVA et al., 2014).

2.6. Reação e estudos herança à *M. phaseolina* em meloeiro

A identificação de fontes de resistência no genótipo disponível é o primeiro passo num programa de melhoramento visando à obtenção de cultivares resistentes a patógenos. Na sequência deve ser feito um estudo de herança para se conhecer o número de genes envolvidos na herança daquele caráter e seu modo de ação, isso orientará o melhorista na escolha do melhor do melhor método a ser utilizado para realizar a introgressão dos alelos que condicionam resistência em cultivares já disponíveis no mercado. No entanto, são escassos na literatura trabalhos buscando fontes de resistência a *M. phaseolina* em meloeiro.

Em estudo de reação de acessos de meloeiro o *M. phaseolina* em casa de vegetação, Ambrósio et al., (2015) verificou que o acessos Ag-15591Ghana, DudCUM296Georg, Ag-

C38Nig, Can-NYIsr, Con-Pat81Ko, Dud-QPMAfg e Ac TGR1551Zimb foram altamente resistentes nas condições da Espanha. Isso mostra que esse genótipos são promissores em programas de melhoramento visando a resistência a esse patógeno.

Avaliando a resistência de cultivares de melão oriundas no Iram a *M. phaseolina*, Salari et al. (2012) verificou que as cultivares (Sfidak khatdar) e (Sfidak bekhat) foram moderadamente resistentes, mostrando baixos níveis de danos na planta. Linhares (2018), avaliando 46 acessos de meloeiro pertencentes à coleção ativa de germoplasma da UFERSA, verificou que o acesso Ag-15591Ghana foi moderadamente resistente a *M. phaseolina*. Nesse trabalho também foi estudado a herança da resistência do acesso Ag-15591Ghana em cruzamento com o acesso In-PsPiñSp, onde foi observado que a herança era controlada por um gene de efeito maior aditivo e dominante e poligenes de efeitos aditivos.

O acesso Con-Pat81Ko apresentou baixos níveis de colapso do meloeiro em ensaios de campo e exibiu lesões radiculares que foram menos disseminadas e menos graves que cultivares suscetíveis após inoculações artificiais com *M. cannonballus* (DIAS, 2004). Além disso, esse acesso apresenta um sistema radicular altamente ramificado com raízes longas e uma alta capacidade de regeneração, essa característica tem se mostrado crucial para superar a doença. A planta apresenta um bom vigor para se empregada como porta-enxerto resistente em meloeiro.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Local de execução do experimento

O experimento foi conduzido no período de outubro a dezembro de 2020, em casa de vegetação pertencente ao Centro de Ciências Agrárias – CCA da Universidade Federal Rural do Semi-Árido - UFERSA, em Mossoró-RN (Figura 1). As coordenadas geográficas de Mossoró são: latitude 5°12'48" S, longitude 37°19'44" W, e altitude de 37 m acima do nível do mar. A classificação climática local é do tipo Bsw^h, ou seja, clima seco e quente com precipitação pluviométrica irregular, média anual de 673,9 mm, temperatura média de 27 °C e umidade relativa do ar média de 68,9% (CARMO FILHO & OLIVEIRA, 1995). Os dados climáticos registrados durante o período do experimento foram fornecidos por um termo-higrômetro digital situado no interior da estufa (Figura 2).



Figura 1 – Local de execução do experimento. Mossoró, UFERSA, 2021.

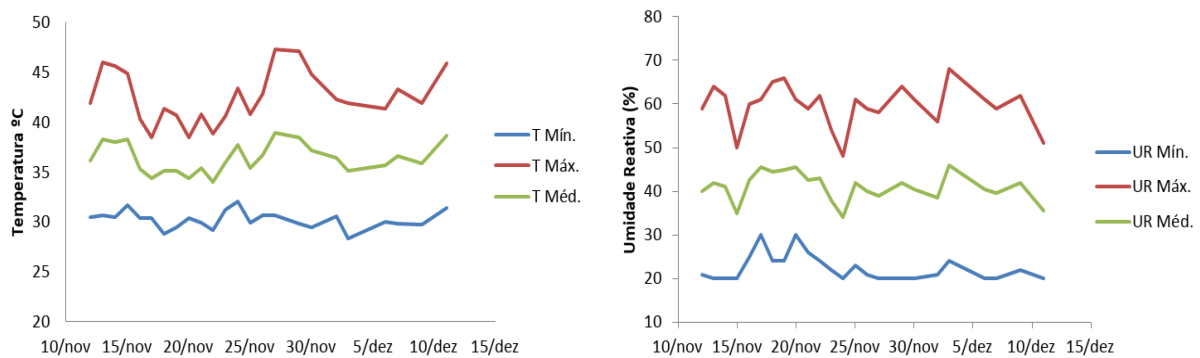


Figura 2 – Temperatura e umidade relativa observada no interior da estufa no período de realização do experimento. Mossoró, UFERSA, 2021.

3.2. Germoplasma utilizado

Foram utilizados como genitores os acessos Ag-15591Ghana e Con-Pat81Ko (Figura 3). O acesso Ag-15591Ghana foi utilizado como genitor resistente e o acesso A-32 como genitor suscetível. O acesso Ag-15591Ghana é originário de Gana e é conhecido popularmente como melão silvestre. Pertence à variedade botânica *agrestis*, possuem frutos pequenos, ovalados, com listras verdes escuras, possui mesocarpo de coloração branca e baixo teor de sólidos solúveis (< 5,0 °Brix), apresenta resistência moderada à *Macrophomina phaseolina* (LINHARES, 2018). O acesso Con-Pat81Ko é originário da Coreia do Sul, pertence à variedade botânica *conomon*, possui mesocarpo de coloração branca e baixo teor de sólidos solúveis (< 5,0 °Brix), este material apresenta resistência à *M. cannonballus* (PITRAT, 2008).

3.3. Obtenção das populações

No ano de 2019, foram cultivadas em campo plantas dos genitores contrastantes, para realização de hibridações manuais e obtenção da primeira geração filial (F₁). No mesmo ano, foi realizada a autofecundação da geração F₁ para obtenção da segunda geração filial (F₂) e retrocruzadas com o genitor Con-Pat81Ko para obtenção da geração RC₁₁.

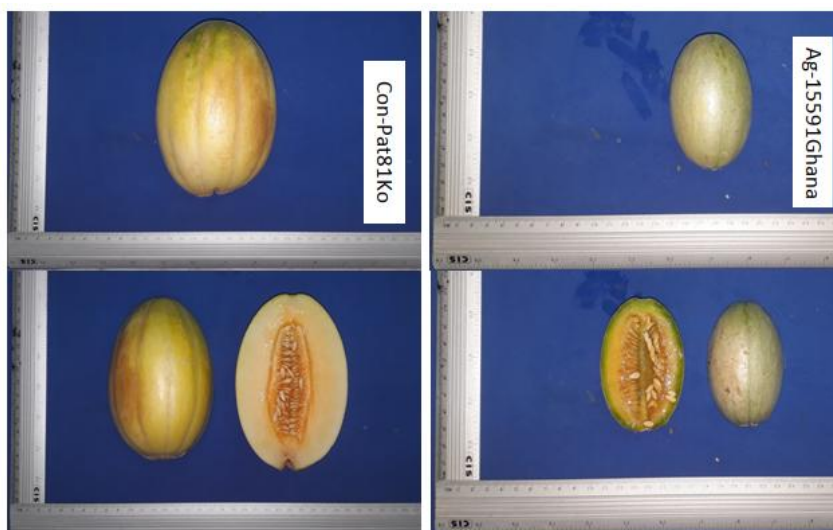


Figura 3 – Genitor suscetível (Con-Pat81Ko) e resistente (Ag-15591Ghana) utilizados no estudo. Mossoró, UFERSA, 2021.

Os cruzamentos foram realizados no início do florescimento, sendo nas primeiras horas do dia, pois é neste horário que ocorre a antese e os grãos de pólen atingem o máximo

percentual de germinação (OLIVEIRA, 2011). Na tarde anterior à antese, as flores aptas à polinização foram selecionadas e cobertas com copos de polietileno como capacidade de 250 ml, para evitar a polinização natural por agentes naturais como abelhas. As flores hermafroditas foram emasculadas para evitar autopolinização. Utilizou-se a relação de quatro flores masculinas para uma feminina, para se obter um bom número de sementes viáveis.

Após a polinização manual, as flores foram identificadas com uma placa de plástico, protegidas novamente com os copos, que posteriormente foram retirados com o desenvolvimento do fruto. Anteriormente a realização de cada polinização era feita a desinfestação das mãos da pessoa que iria executar o procedimento polinização para evitar possíveis contaminações e misturas, para isso era utilizado álcool 70%.

A colheita da geração F_1 foi realizada de acordo com o ciclo da cultura. Posteriormente, as sementes foram extraídas, lavadas em água corrente e postas para secar em temperatura ambiente sobre papel.

3.4. Plantio

As sementes passaram por um processo de seleção, onde foram selecionadas aquelas que estavam cheias e bem formadas, as que apresentaram danos foram descartadas. As sementes foram desinfestadas com solução de hipoclorito de sódio (NaClO) a 1,5% por dois minutos e lavadas em água corrente. Foram postas para germinar em bandeja de polietileno de 200 células, preenchidas com substrato (Tropstrato[®]) previamente esterilizado (Figura 4). Onze dias após o plantio foi realizado o transplântio para vasos plásticos com capacidade de 0,5 L, contendo o mesmo substrato esterilizado. O substrato foi esterilizado em autoclave a 121 °C, por dois dias consecutivos, sendo uma hora por dia.



Figura 4 – Germinação das populações avaliadas no estudo de herança. Mossoró, UFERSA, 2021.

3.5. Preparação do inóculo

Foi utilizado o isolado de *Macrophomina phaseolina* CMM-1531 que está depositado na Coleção de Culturas de Fungos Fitopatogênicos da Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil. Foi utilizado devido a sua elevada agressividade em meloeiro, foi coletado de raízes de meloeiro com sintomas de podridão radicular, de área produtora de melão em Mossoró-RN (AMBRÓSIO et al., 2015). O isolado foi preservado pelo método Castellani na coleção de culturas de fungos do laboratório de Fitopatologia, do setor de Fitossanidade da UFERSA. Foi realizado teste para comprovar a patogenicidade do fungo. O isolado foi multiplicado realizando-se a repicagem para meio de cultura Batata Dextrose Ágar (BDA) + antibiótico (tetraciclina - 0,05 g/L) e mantido em estufa tipo B.O.D (Biochemistry Oxygen Demand) a $28 \pm 2^\circ\text{C}$ por cinco dias.

Foram retirados quatro discos (10 mm de diâmetro) contendo estruturas do fungo e, repicados para placas de Petri contendo meio de cultura BDA e pontas de palitos de dente (1,5 cm), inseridas verticalmente em um disco de papel de filtro com a parte afilada dos palitos voltada para cima, os quais foram previamente esterilizados a 121°C em autoclave por 30 minutos. O isolado foi incubado em estufa tipo B.O.D. a $28 \pm 2^\circ\text{C}$ por sete dias, até a completa colonização dos palitos (Figura 5).

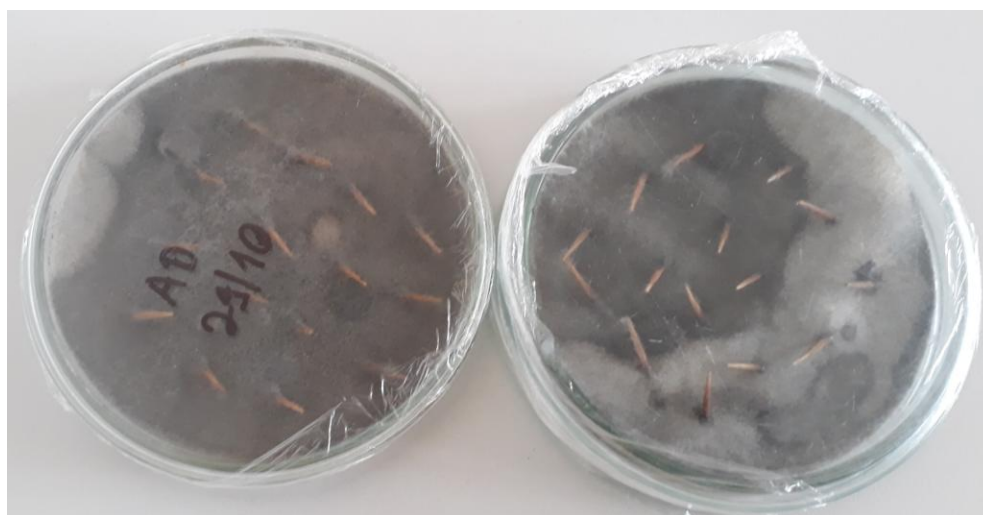


Figura 5 – Isolados de *Macrophomina phaseolina* cultivados em meio de cultura BDA mais a tetraciclina. Mossoró, UFERSA, 2021.

3.6. Inoculação e avaliação da doença

A inoculação do patógeno foi realizada 15 dias após o transplantio (no surgimento da segunda folha definitiva), por meio da inserção direta de um palito de dente contendo as estruturas do fungo no colo da planta, a uma distância de 0,5 cm do solo, formando um ângulo aproximado de 45° para melhor fixação do palito (Figura 6). Na testemunha foram inseridos palitos esterilizados sem inóculo. Foi utilizado o método do palito de dente, pois este foi o mais eficiente em discriminar acessos de melão resistentes e suscetíveis e os isolados de *R. solani* e *M. phaseolina* quanto à virulência (MEDEIROS et al., 2015).



Figura 6 – Planta de melão inoculada com *M. phaseolina* pelo método do palito. Mossoró, UFERSA, 2020.

Aos 25 dias após a inoculação, os acessos foram avaliados quanto à severidade da doença utilizando a escala de notas de 0 a 5 (Figura 7), em que, 0: assintomática, 1: menos de 3% de tecidos infectados, 2: 3-10% dos tecidos infectados, 3: 11-25% de tecidos infectados, 4: 26-50% de tecidos infectados e 5: mais que 50% dos tecidos infectados (AMBRÓSIO et al., 2015).



Figura 7 – Escala de notas da severidade da doença. Mossoró, UFERSA, 2020.

Após a avaliação, as plantas que apresentaram sintomas foram levadas ao laboratório para isolamento do fungo e confirmação da presença de *M. phaseolina* nas lesões. Para isso, foram retirados fragmentos da área entre o tecido doente e o sadio, realizado a desinfestação superficial em álcool 70%, por 30 segundos e hipoclorito de sódio a 2,5% por um minuto, e lavados em água destilada esterilizada. Fragmentos foram transferidos para placas de Petri contendo meio de cultura BDA + antibiótico tetraciclina (0,05 g/L), as placas foram incubadas em estufa tipo B.O.D. a temperatura de $28 \pm 2^\circ\text{C}$ e fotoperíodo de 12 horas. Após cinco dias de incubação, as placas foram analisadas por meio de microscopia óptica para confirmação da presença do fungo e sua caracterização morfológica.

3.7. Arranjo experimental

Foram avaliadas o total de 305 plantas, sendo 10 plantas de cada um dos genitores e geração F_1 , 75 plantas do retrocruzamento RC_{11} e 200 plantas da geração segregante F_2 . A testemunha foi composta por 10 plantas F_2 , nas quais foram introduzidos os palitos sem conter as estruturas do fungo (Figura 8).

C-32 C-14 F1			RC11								TESTEMUNHA
P1	P1	P1	P1	P11	P21	P31	P41	P51	P61	P71	P1
P2	P2	P2	P2	P12	P22	P32	P42	P52	P62	P72	P2
P3	P3	P3	P3	P13	P23	P33	P43	P53	P63	P73	P3
P4	P4	P4	P4	P14	P24	P34	P44	P54	P64	P74	P4
P5	P5	P5	P5	P15	P25	P35	P45	P55	P65	P75	P5
P6	P6	P6	P6	P16	P26	P36	P46	P56	P66		P6
P7	P7	P7	P7	P17	P27	P37	P47	P57	P67		P7
P8	P8	P8	P8	P18	P28	P38	P48	P58	P68		P8
P9	P9	P9	P9	P19	P29	P39	P49	P59	P69		P9
P10	P10	P10	P10	P20	P30	P40	P50	P60	P70		P10

F2																			
P1	P11	P21	P31	P41	P51	P61	P71	P81	P91	P101	P111	P121	P131	P141	P151	P161	P171	P181	P191
P2	P12	P22	P32	P42	P52	P62	P72	P82	P92	P102	P112	P122	P132	P142	P152	P162	P172	P182	P192
P3	P13	P23	P33	P43	P53	P63	P73	P83	P93	P103	P113	P123	P133	P143	P153	P163	P173	P183	P193
P4	P14	P24	P34	P44	P54	P64	P74	P84	P94	P104	P114	P124	P134	P144	P154	P164	P174	P184	P194
P5	P15	P25	P35	P45	P55	P65	P75	P85	P95	P105	P115	P125	P135	P145	P155	P165	P175	P185	P195
P6	P16	P26	P36	P46	P56	P66	P76	P86	P96	P106	P116	P126	P136	P146	P156	P166	P176	P186	P196
P7	P17	P27	P37	P47	P57	P67	P77	P87	P97	P107	P117	P127	P137	P147	P157	P167	P177	P187	P197
P8	P18	P28	P38	P48	P58	P68	P78	P88	P98	P108	P118	P128	P138	P148	P158	P168	P178	P188	P198
P9	P19	P29	P39	P49	P59	P69	P79	P89	P99	P109	P119	P129	P139	P149	P159	P169	P179	P189	P199
P10	P20	P30	P40	P50	P60	P70	P80	P90	P100	P110	P120	P130	P140	P150	P160	P170	P180	P190	P200

Figura 8 – Populações analisadas no estudo de herança. Mossoró, UFERSA, 2021.

3.8. Análises estatísticas

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 e RC11. Com essas

variâncias, foram obtidas as variâncias genéticas (V_{GEN}), ambiental (V_{AMB}), herdabilidade no sentido amplo (h^2_{AMPL}), Heterose (H) e número de genes (η).

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).

b) Testes de modelos genéticos utilizando a verossimilhança.

Modelos genéticos foram testados usando a máxima verossimilhança em misturas de funções de densidade normal conforme descrito por Silva (2003). As distribuições de cada uma das populações foram às seguintes:

$$P_1: N(\mu - [a] - A, \sigma^2);$$

$$P_2: N(\mu - [a] + A, \sigma^2);$$

$$F_1: N(\mu - [d] - D, \sigma^2);$$

$$F_2: \frac{1}{4} N\left(\mu + \frac{[d]}{2} - A, \sigma^2 + V_A + V_D\right) + \frac{1}{2} N\left(\mu + \frac{[d]}{2} + D, \sigma^2 + V_A + V_D\right) + \frac{1}{4} N\left(\mu + \frac{[d]}{2} + A, \sigma^2 + V_A + V_D\right);$$

$$RC_{11}: \frac{1}{2} N\left(\mu + \frac{[a]}{2} + \frac{[d]}{2} - A, \sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}\right) + \frac{1}{2} N\left(\mu - \frac{[a]}{2} + \frac{[d]}{2} + D, \sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}\right)$$

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 RC₁₁ são constituídas pela mistura de duas densidades normais e F₂ 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. A partir das funções de verossimilhança para cada modelo, foi possível compor testes de interesse, considerando diferentes hipóteses.

Na construção do modelo genético foi considerado 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:

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

Em que 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 (SILVA, 2003).

Tabela 1. Modelos de herança utilizados pelo programa Monogen v.0.1. Mossoró-RN, 2021.

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

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O genitor suscetível (Con-Pat81Ko) apresentou média de severidade da doença superior ao genitor resistente (Ag-15591Ghana), evidenciando o contraste entre os genitores (Tabela 2). Esses resultados confirmam a reação desses genitores no ensaio de avaliação realizado anteriormente. O genitor Ag-15591Ghana apresentou a menor média para a severidade da doença, mostrando sua resistência ao patógeno. A média da geração F₁ foi próxima da média do genitor suscetível, ao passo que a média da geração F₂ aproximou-se da média dos dois genitores.

Os parâmetros [a] e [d] que compõem os componentes de média do modelo aditivo-dominante foram significativos (p<0,05), indicando a presença de efeitos aditivos e de dominância no controle genético do caráter (Tabela 2). 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.

Tabela 2. Componentes de médias, variâncias e herdabilidade obtidos em estudo de herança da resistência do acesso Ag-15591Ghana a *M. Phaseolina*. Mossoró-RN, 2021.

Gerações	Componentes	
	Média	Variância
(P1) Con-Pat81Ko	3,78	0,44
(P2) Ag-15591Ghana	0,80	0,40
F ₁	3,20	1,73
F ₂	2,24	1,51
m ¹	2,20	-
[a] ²	1,49*	-
[d] ³	0,82*	-
V _{AMB}	-	0,86
V _{GEN}	-	0,69
h ² _{AMPL0} (%)	-	44,48
H	-	0,91
η	-	1,61

¹m: média dos homozigotos; ²[a]: efeito aditivo dos genes; ³[d]: efeito do desvio de dominância; ⁴n: número de genes; V_{AMB}: variância ambiental; V_{GEN}: variância genética; h²_{AMPL0}: herdabilidade no sentido amplo; H: Heterose; *: Significativo pelo teste t de Student (p<0,05).

Em relação aos componentes de variância, observou-se que a geração segregante F_2 apresentou a segunda maior variância, esse resultado corrobora com o que era esperado. A geração F_1 apresentou a maior variância, isso pode ser explicado pela discrepância entre as notas de severidade e pelo pequeno número de plantas avaliadas nessa população (Tabela 2). A variância ambiental foi maior que a variância genética, isso mostra um maior efeito do ambiente sobre a severidade da doença. Essa característica é desfavorável num programa de melhoramento visando a resistência ao patógeno, pois dificulta a introgressão dos genes de interesse em cultivares com boas características agronômicas.

A herdabilidade no sentido amplo foi de 44,48. Essa estimativa pode ser considerada intermediária, indicando efeito ambiental intermediário. Herdabilidade elevada indica maior confiança de que os valores fenotípicos representem os valores genéticos (FALCONER; MCKAY, 1996). Em outras palavras, sofre menor efeito ambiental. A herdabilidade no sentido amplo está relacionada à variância genotípica, que depende tanto da variância aditiva como da variância de dominância. Dias et. al (2004), estudando a herança da resistência a *M. cannonballus*, observaram estimativas no sentido amplo próximas das observadas neste trabalho. A heterose foi baixa, ou seja, essa característica não pode ser explorada. O número de genes envolvidos foi de 1,61, indicando herança monogênica ou, mesmo, oligogênica, uma vez que a estimativa observada é subestimada. As comparações devem ser feitas com cautela porque a herdabilidade é uma propriedade da população e das condições ambientais nas quais foram estimadas.

Em complemento ao 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 3). 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 , σ^2) para verificar a presença dos efeitos de gene maior e poligenes na herança do caráter reação do meloeiro a *M. phaseolina*.

O teste do modelo 2 com os modelos 4, 5, 6, 7 e 8 foram não significativos. O confronto entre os modelos 2 e 9 foi significativo a 5% de probabilidade, no entanto não explica a herança, pois o modelo 9 considera somente o efeito do ambiente.

O confronto do modelo 7 (Gene maior com efeitos aditivo e de dominância) e 8 (Gene maior com efeito aditivo) verifica a presença de genes com efeitos aditivo e de dominância para o caráter em estudo, sendo significativo a 1% de probabilidade. Assim, constatou-se que a que a herança da resistência do acesso Ag-15591Ghana é determinada por um gene maior com a presença de efeito aditivo e de dominância (Tabela 3). 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. Essa informação será muito útil nas etapas seguintes do programa de melhoramento genético.

Tabela 3. Testes de hipóteses de modelos genéticos hierárquicos em estudo de herança da resistência do acesso Ag-15591Ghana a *M. phaseolina*. Mossoró-RN, 2021.

Teste entre modelos	Graus de liberdade	χ^2_c
2 vs 4	1	3,0738 ^{ns}
2 vs 6	2	3,0738 ^{ns}
2 vs 7	2	(-)
2 vs 8	2	4,2817 ^{ns}
2 vs 9	4	12,2509*
4 vs 6	4	(-)
4 vs 8	4	1,2079 ^{ns}
4 vs 9	5	9,1772*
6 vs 9	6	9,1772*
7 vs 8	1	8,5770**
7 vs 9	2	16,5463**
8 vs 9	3	16,5463**

*Testes de razão de verossimilhança, feitos por meio da estatística LR, com o programa estatístico Monogenv. 0.1 (Silva, 2003). *Valor negativo, talvez devido a problemas de convergência.

As duas metodologias adotadas neste estudo de herança também concordam entre si em relação à existência de um gene na determinação herança do caráter resistência. Embora as estimativas de 1,61 loci indiquem controle monogênico ou, mesmo, oligogênico, deve-se mencionar que essas estimativas, em razão das pressuposições assumidas para o seu cálculo, são subestimadas, o que evidencia que mais de um loci devem estar envolvidos no controle do caráter estudado no presente trabalho.

São poucos os relatos na literatura com relação à herança da resistência a *Macrophomina phaseolina* na cultura do meloeiro. Os resultados observados são discrepantes, principalmente em função do germoplasma disponível, caracteres estudados, metodologia adotada e condições ambientais diversas. Trabalhando com o acesso de meloeiro Ag-15591Ghana em cruzamento com o acesso In-PsPiñSp, Linhares (2018) observou resistência moderada a *Macrophomina phaseolina* nas condições do município de Mossoró-RN e que

essa resistência era controlada por um gene de efeito maior aditivo e dominante e poligenes de efeitos aditivos. A presença de um gene de efeito maior aditivo e dominante na herança é uma condição favorável uma vez que permite que os alelos responsáveis pela resistência possam ser transferidos para variedades com boas características agronômicas por processos como retrocruzamentos.

É possível a obtenção de linhagens resistentes e com frutos de elevada qualidade e linhagens para uso com porta-enxerto. Em um programa de melhoramento na Espanha visando obter genótipos resistentes a *M. cannonballus* a partir do acesso Con-Pat81Ko, Fita et al. (2009) obtiveram, por retrocruzamentos, linhagens resistentes com background tipo Pele de Sapo.

5. CONCLUSÕES

A herança resistência do acesso Ag-15591Ghana é controlada por um gene maior com a presença de efeitos aditivo e de dominância.

REFERÊNCIAS

- ALVAREZ, J. M. Tendencias em la mejora genética del melón. In: VALLESPIR, A. N. Melones. S. L. Reus: **Ediciones de Horticultura**, p. 25-34, 1997.
- ALMEIDA, A. M. R.; SEIXAS, C. D. S.; FARIAS, J. R. B.; OLIVEIRA, M. C. N.; FRANCHINI, J. C., DEBIASI, H.; GAUDÊNCIO, C. D. A. *Macrophomina phaseolina* em soja. **Embrapa Soja-Documentos (INFOTECA-E)**, 2014. Disponível em: <<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/989352/1/Doc.346OL.pdf>>. Acesso em: 30 out. 2020.
- AMBRÓSIO, M. M. Q.; DANTAS, A. C. A.; MARTÍNEZ-PEREZ, E; MEDEIROS, A. C.; NUNES, G. H. S.; PICÓ, M. B. Screening a variable germplasm collection of *Cucumis melo* L. for seedling resistance to *Macrophomina phaseolina*. **Euphytica**, Holanda, v. 206, n. 2, p. 287-300, 2015. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s10681-015-1452-x>>. Acesso em: 05 nov. 2020.
- AZEVEDO, Orlando Eduardo Queiroz. **Potencial antagônico de isolados de *Trichoderma sp* aos fungos *Macrophomina phaseolina* e *Sclerotium rolfsii***. 2011. 24 f. Monografia (Curso de Agronomia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFERSA, Mossoró, 2011.
- ALBUQUERQUE, A. C.; NASS, L. L. **Informe nacional sobre a situação dos recursos fitogenéticos para a alimentação e a agricultura do Brasil**. Brasília: MAPA, 2008. cap. 5, 155 p.
- BURGER, Y.; PARIS, H.S.; COHEN, R.; KATZIR, N.; TADMOR, Y.; E. LEWINSOHN, E.; SCHAFFER, A. A. Genetic diversity of *Cucumis melo*. **Horticulture Review**, v. 36, p.165–198, 2010. Disponível em: <<https://doi.org/10.1002/9780470527238.ch3>>. Acesso em: 06 nov. 2020.
- 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, R.; ELKABETZ, M.; EDELSTEIN, M. Variation in the responses of melon and watermelon to *Macrophomina phaseolina*. **Crop Protection**, Inglaterra, v. 85, p. 46-51, 2016. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.cropro.2016.03.015>>. Acesso em: 21 dez. 2020.

COSTA, Nivaldo Duarte et al. Coleção Plantar: **A cultura do melão**. 3. ed. Brasília-DF Embrapa Informação Tecnológica, 210 p. 2017.

DEULOFEU, C. Situación y perspectivas del melón en el mundo. In: VALLESPÍR, A.N.(coord.) Melones. Reus: (**Compêndios de Horticultura**, 10), Cap.2, p.21-24. 1997.

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, n. 1, p. 66-72, 2004. Disponível em: <<https://doi.org/10.1046/j.1439-0523.2003.00944.x>>. Acesso em: 29 dez. 2020.

DANTAS, A. M. M.; AMBRÓSIO, M. M. Q.; NASCIMENTO, S. R. C.; SENHOR, R. F.; CÉZAR, M. A.; LIMA, J. S. S. Incorporation of plant materials in the control of root pathogens in muskmelon. **Revista Agr@mbiente**, Boa Vista-RR, v. 7, n. 3, 2013. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v7i3.1257>>. Acesso em: 02 jan. 2021.

ELAD, Y.; ZVIELI, Y.; CHET, I. Biological control of *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid by *Trichoderma harzianum*. **Crop protection**, v. 5, n. 4, p. 288-292, 1986. Disponível em: <[https://doi.org/10.1016/0261-2194\(86\)90065-7](https://doi.org/10.1016/0261-2194(86)90065-7)>. Acesso em: 02 jan. 2021.

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

FARR, D.F., & ROSSMAN, A.Y. Fungal Databases, U.S. National Fungus Collections, ARS, USDA. Disponível em: <<https://nt.ars-grin.gov/fungaldatabases/>>. Acesso em: 02 jan. 2021.

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. 2009. Disponível em: <<https://doi.org/10.21273/HORTSCI.44.5.1458>>. Acesso em: 03 jan. 2021.

GUPTA, G.K.; SHARMA, S.K.; RAMTEKE, R. Biology, epidemiology and management of the pathogenic fungus *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid with special reference to Charcoal rot of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. **Journal of Phytopathology**, v. 160, p. 167–180, 2012. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/j.1439-0434.2012.01884.x>>. Acesso em: 05 jan. 2021.

IBGE, INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA, **Produção Agrícola Municipal**, 2020, Rio de Janeiro: IBGE, 2020. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/pam/tabelas>>. Acesso em: 04 de out. 2020.

KIMATI, H.; AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A. & CAMARGO, L.E.A. ed. **Manual de Fitopatologia**. Volume 2. Doenças das Plantas Cultivadas. 4ª Edição. Editora Agronômica Ceres Ltda. São Paulo. 2005. 666p.

ISLAM. S.; HAQUE, S.; ISLAM M. M.; EMDAD, E. M.; HALIM, A.; HOSSEN, Q. M.; HOSSAIN, Z.; AHMED, B.; RAHIM, S.; RAHMAN, S.; ALAM, M.; HOU, S.; WAN, X.; SAITO, J. A.; ALAM, M.; Tools to kill: Genome of one of the most destructive plant pathogenic fungi *Macrophomina phaseolina*. **BMC Genomics**, v.13, p.493-509, 2012. Disponível em: <<https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-493>>. Acesso em: 09 jan. 2021.

LINHARES, Cheyla Magdala de Sousa. **Reação de acessos e herança da resistência a *Macrophomina phaseolina* e efeito da temperatura na podridão cinzenta em meloeiro**. 2018. 65 f. Tese (Doutorado) - Curso de Agronomia, Dcaf, Ufersa, Mossoro-Rn, 2018. Disponível em: <<https://repositorio.ufersa.edu.br/handle/prefix/910>>. Acesso em: 12 jan. 2021.

MAPA/AGROSTAT: **Estatísticas de Comercio Exterior do Agronegócio Brasileiro**. Disponível em: <<http://indicadores.agricultura.gov.br/agrostat/index.htm>>. Acesso em: 05 jan. 2021.

MAPA. AGROFIT: **Consulta de Produtos Formulados**. Disponível em: <http://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit_cons/principal_agrofit_cons>. Acesso em: 04 fev. 2021.

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.

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

MEDEIROS, A. C.; MELO, D. R. M.; AMBRÓSIO, M. M. Q.; NUNES, G. H. S.; COSTA, J. M. Métodos de inoculação de *Rhizoctonia solani* e *Macrophomina phaseolina* em meloeiro (*Cucumis melo*). **Summa phytopathologica**, Botucatu, v. 41, n. 4, p. 281-286, 2015. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/0100-5405/2083>>. Acesso em: 22 jan. 2021.

MYCOBANK. *Macrophomina phaseolina*. Disponível em: <https://www.mycobank.org/page/Simple%20names%20search>>. Acesso em: 02 jan. 2021.

NUNES, G.H.S.; SANTOS, JÚNIOR J.J.S.; VALE, F.A.; BEZERRA NETO, F.; ALMEIDA, A.H.B; MEDEIROS, D.C. Aspectos produtivos e de qualidade de híbridos de melão cultivados no agropolo Mossoró-Assu. **Horticultura Brasileira**, n. 22, p. 744-747, 2004. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0102-05362004000400015>>. Acesso em: 23 jan. 2021.

NUNES, G. H. S.; ARAGÃO, F. A. S.; NUNES, E. W. L. P.; COSTA, J. M.; RICARTE, A. O. Melhoramento de Melão. Viçosa: Ed. UFV. Cap. 11 p. 331-363, 2016.

NASCIMENTO, P. G. M. L.; AMBRÓSIO, M. M. Q.; FREITAS, F. C. L.; CRUZ, B. L. S.; DANTAS, Andrea M. M.; S. JÚNIOR, R.; SILVA, W. L. Incidence of root rot of muskmelon in different soil management practices. **European Journal of Plant Pathology**, Holanda, v. 152, n. 2, p. 433-33 446, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10658-018-1488-6>>. Acesso em: 26 jan. 2021.

NASCIMENTO, Paula Gracielly Moraes Lima do. **Comunidade microbiana do solo e podridão radicular em meloeiro em diferentes sistemas de manejo**. 2015. 76 f. Tese (Dourotado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFERSA, Mossoró, 2015.

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. Disponível em: <https://www.gvaa.com.br/revista/index.php/RVADS/article/view/662>>. Acesso em: 30 jan. 2021.

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

PITRAT, M. Melons, concombres et pasteques. *Histoires de légumes*. Paris: INRA, p. 291-309, 2003.

PORTO, Maria Alice Formiga. **Associação de *Fusarium solani*, *Macrophomina phaseolina* e *Rhizoctonia solani* causando podridão radicular em meloeiro sob efeito de adubos verdes**. 2015. 72 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do

Semi-Árido – UFERSA, Mossoró, 2015. Disponível em: <<http://repositorio.ufersa.edu.br/handle/tede/105>>. Acesso em: 30 jan. 2021.

SALES JÚNIOR, R.; OLIVEIRA, O. F.; MEDEIROS, E. V.; GUIMARÃES, I. M.; CORREIA, K. C. Ervas daninhas como hospedeiras alternativas de patógenos causadores do colapso do meloeiro. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 43, n. 1, p. 195-198, 2012. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000100024>>. Acesso em: 10 fev. 2021.

SILVA, J. A.; OLIVEIRA, M. G.; SOUZA, L. T.; ASSUNÇÃO, I. P.; LIMA, G. A.; MICHEREFF, S. J. 2014. Reação de genótipos de feijão-fava a *Sclerotium rolfsii*. **Horticultura Brasileira**, Vitória da Conquista, v.32, n. 1, p.98-101, 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S0102-05362014000100016>>. Acesso em: 15 fev. 2021.

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. Disponível em: <<https://www.scienceopen.com/document?vid=f5fea53c-4498-4103-957a-85ac2c0bc724>>. Acesso em: 19 fev. 2021.

SHAHID, Shumaila; KHAN, Mujeebur Rahman. Biological control of root-rot on mungbean plants incited by *Macrophomina phaseolina* through microbial antagonists. **Plant Pathology Journal**, v. 15, n. 2, p. 27, 2016. Disponível em: <10.3923/ppj.2016.27.39> . Acesso em: 25 fev. 2021.

WATSON, A.; NAPIER, T. Disease of cucurbit vegetables. **Primefact**, v.832, p. 1-6, 2009.

WHITAKER, T. W.; BEMIS, W. P. Cucurbits. In: SIMMONDS, N. W. **Evolution of crop plants**. London: Longman, p. 64-69, 1976.

WRATHER, J.A.; SHANNON, J.G.; CARTER, T.E., BOND, J.P.; RUPE, J.C.; ALMEIDA, A.M.R. Reaction of drought-tolerant soybean genotypes to *Macrophomina phaseolina*. **Plant Management Network**, 18 jun. 2008. Disponível em: <<https://doi.org/10.1094/PHP-2008-0618-01-RS>>. Acesso em: 25 fev. 2021.