

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**CONTROLE GENÉTICO DA RESISTÊNCIA A *Meloidogyne
incognita* EM *Cucumis melo* L.**

Willame dos Santos Candido

Engenheiro Agrônomo

2013

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL

**CONTROLE GENÉTICO DA RESISTÊNCIA A *Meloidogyne*
incognita EM *Cucumis melo* L.**

Willame dos Santos Candido

Orientador: Profa. Dra. Leila Trevisan Braz

Coorientador: Prof. Dr. Pedro Luiz Martins Soares

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas)

2013

Candido, Willame dos Santos

C217c Controle genético da resistência a *Meloidogyne incognita* em *Cucumis melo* L. / Willame dos Santos Cândido. -- Jaboticabal, 2013

iii, 37 p. : 29 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2013

Orientadora: Leila Trevisan Braz

Coorientador: Pedro Luiz Martins Soares

Banca examinadora: João Ademir de Oliveira, Pablo Forlan Vargas

Bibliografia

1. Análise de gerações 2. Ganho por seleção 3. Herança genética. 4. Melão 5. Melhoramento de plantas. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 635.611:631.52

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação – Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

WILLAME DOS SANTOS CANDIDO, nascido em 21 de maio de 1989, na cidade de Aracati, que fica localizada no estado do Ceará, filho de Maria Sebastiana dos Santos Silva (Mônica) e José Wellington Cândido. Em março de 2007 ingressou no curso de Agronomia da Universidade Federal Rural do Semiárido – UFERSA, onde em julho de 2011, graduou-se com o título de Engenheiro Agrônomo. Durante a graduação foi bolsista por dois anos (2009-2010 / 2010-2011) de iniciação científica (PICI/UFERSA) na área de Recursos Genéticos de Plantas Medicinais e Melhoramento Genético de Cucurbitáceas. Também participou em pesquisa na área de irrigação e nutrição de plantas no grupo de pesquisa IRRIGANUTRI, da mesma Instituição, participou de eventos e cursos nas diversas áreas da Agronomia. Ingressou no curso de mestrado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Câmpus de Jaboticabal-SP, em agosto de 2011, foi bolsista inicialmente do CNPq onde em seguida passou a ser bolsista da FAPESP (Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo), atuou na área de genética quantitativa e melhoramento convencional para resistência a doenças em hortaliças, com enfoque na cultura do melão e alface.

Direi do SENHOR: “Ele é o meu Deus, o meu refúgio, a minha fortaleza, e nele
confiarei”. Salmos 91:2

Dedico

Aos amores de minha vida, meus pais: Maria Sebastiana (Mônica) e José Wellington, pois são os meus exemplos de vida, são os meus confidentes, são as pessoas que me entendem em todos os momentos, que me dão forças e me apoiam para seguir firme em busca da concretização dos meus sonhos. A vocês serei eternamente grato!

Ofereço

Ao meu irmão Willimar Cândido, por todos os momentos felizes que passamos juntos com toda a nossa família. Eternas saudades meu Anjo! **(in memoriam)**

A minha irmã Lorena Cândido, por ter sido um presente de Deus em nossa família, tornando-se a alegria de todos da família.

Agradeço

A Deus por todo seu imenso amor...

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ser tão presente em minha vida, por ter-me dado forças para seguir sempre em frente, e mesmo nos momentos difíceis, sua mão amparou-me e sustentou-me, dando-me a paz de que tanto precisava para seguir adiante. E por sempre estar iluminando minha caminhada e guiando meus passos. Obrigado, Deus!

Aos meus pais, por ter-me ensinado os verdadeiros valores da vida, por ter-me educado tão bem e em sua simplicidade me conduziram sempre pelos caminhos de luz, meus verdadeiros agradecimentos.

À Faculdade de Ciências Agrária e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, UNESP-FCAV, Câmpus de Jaboticabal, e ao curso de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, por me proporcionarem a oportunidade da concretização do sonho da realização do mestrado.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo, pela concessão de bolsa de estudo (Processo: 2012/02790-6).

À professora Dra. Leila Trevisan Braz, pela sua orientação, confiança, apoio, amizade e, acima de tudo, por ter-me recebido tão bem em seu grupo de pesquisa, sempre aconselhando-me com palavras tão sábias e carinhosas que levarei para o resto de minha vida. Sinceramente, é um exemplo de pessoa e profissional. Meus verdadeiros agradecimentos.

Ao coorientador, Prof. Dr. Pedro Luiz Martins Soares, pela amizade, pelos ensinamentos repassados na área de nematologia, por toda sua paciência e disponibilidade em me receber em sua sala para solucionar dúvidas pertinentes.

À pesquisadora Dra. Renata Castoldi, por toda a sua ajuda ao longo desses dois anos, sempre norteando-me na condução do experimento. Também pela amizade construída, pela qual aprendi a ter grande admiração, meus sinceros agradecimentos.

Ao professor Dr. João Ademir de Oliveira, pelas valiosas contribuições na interpretação da análise estatística dos dados, por toda disponibilidade e paciência em receber-me em sua sala e por sua amizade, meus sinceros agradecimentos.

Aos professores do programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, com quem tive aulas: Adhemar Sanches, Antônio Baldo, Dilermando Perecin, Jesus Aparecido, Leila Braz, Maria Inês, Rinaldo Cesar e Sandra Helena, meus agradecimentos pelos conhecimentos compartilhados.

À doutoranda Fabiana Mota, pela contribuição na realização das análises estatísticas e principalmente pela amizade e toda a gentileza de sempre.

Aos meus amigos e colegas do grupo de pesquisa em Melhoramento Genético de Olerícolas: Dora Tobar, Lucas Santos, Renata Castro, Rafaelle Fazzi, Letícia Ito, Marcus Vinícius, Lucas Gaion e Danilo, pelo companheirismo e convívio harmonioso ao longo dos dois anos, os quais tornaram mais suave minha estada em Jaboticabal.

Aos funcionários Ináuro, Reynaldo e Cláudio, do Setor de Olericultura e Plantas Aromático - Medicinais do Departamento de Produção Vegetal da UNESP-FCAV, pela valiosa ajuda durante a condução do experimento de campo e por toda a amizade.

A todos os amigos e colegas da pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, em especial a minha amiga Cibele Nataliane, por toda a amizade, gentileza e pelos momentos engraçados proporcionados, que muito me fizeram sorrir.

Ao meu companheiro de apartamento Cid Naudi, por ter-me ajudado na estada inicial em Jaboticabal, por toda a amizade e pelos momentos engraçados que tanto nos divertiram.

À minha amiga Rosiane Silva, por todo o companheirismo e amizade durante esses dois anos, por todas as conversas e palavras de apoio um ao outro, glorificando sempre a Deus.

Aos meus colegas do Rio Grande do Norte (Mossoró): Cíntia Carol e Steffan Edward, pelo companheirismo e por tantas conversas.

Aos meus amigos da graduação: Camila Ferreira, Elania Fernandes, Jeiza Moreira, Nadjamara Bandeira, Otaciana Maria, Priscila Maia e Ricardo Carlos, por toda a amizade sincera. São pessoas por quem tenho grande carinho.

Ao meu amigo e professor Dr. Francisco de Assis (Thikão), pela grande ajuda desde o início da graduação, sempre estimulando a realização da pesquisa e a

grande ajuda nos primeiros passos para a realização do mestrado. Meus sinceros agradecimentos.

À minha orientadora, Profa. Dra. Maria de Fátima, e à pesquisadora Dra. Sandra Selly, por todo o convívio harmonioso durante a graduação, pelos conhecimentos repassados e por todo o estímulo para a realização da pesquisa científica. Meus agradecimentos.

Ao meu amigo Édson, por toda a ajuda no início da graduação na cidade de Mossoró, pois talvez, hoje, não estaria realizando o sonho do mestrado se não tivesse contado com o seu apoio inicial na graduação.

Aos meus tios: Dilma, Marilac, Francisco (Capitão) e Adriana, por todas as palavras de estímulo para seguir firme e acreditar sempre na realização de meus sonhos.

Aos meus avós Maria e Sales, que são meus anjos a orarem por mim e quererem sempre o melhor para minha vida. Verdadeiramente, foram e sempre serão meus segundos pais.

Aos membros da banca de qualificação e defesa, professor Dr. João Ademir, Dr. Jaime Maia, Dr. Pablo Forlan além da minha orientadora Dra. Leila Braz, pelas correções, sugestões e colaborações no trabalho.

A todas as pessoas que, de alguma forma, contribuíram para a realização de mais uma etapa da minha vida e da minha carreira profissional. Meus agradecimentos.

SUMÁRIO

	Páginas
RESUMO.....	ii
ABSTRACT.....	iii
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1 Cultura do Melão.....	3
2.1.1 Importância socioeconômica	3
2.1.2 Tipos comerciais de melão.....	4
2.1.3 Recursos genéticos em <i>Cucumis melo</i>	6
2.2 Nematóide de galha [<i>Meloidogyne incognita</i> (Kofoid & White) Chitwood].....	7
2.2.1 Etiologia e aspectos biológicos.....	7
2.2.2 Classificação do <i>M. incognita</i>	9
2.2.3 Sintomas e controle.....	9
2.2.4 Avaliação de germoplasma de Cucurbitáceas para resistência a <i>M. incognita</i>	11
2.2.5 Controle genético da resistência a <i>M. incognita</i>	12
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	14
3.1 Cruzamento para a obtenção do híbrido F ₁	14
3.2 Obtenção da geração segregante F ₂ e dos retrocruzamentos (RC ₁ P ₁ e RC ₁ P ₂).....	16
3.3 Obtenção , identificação e multiplicação de <i>M. incognita</i>	17
3.4 Herança da resistência.....	17
3.5 Avaliação das plantas inoculadas com <i>M. incognita</i>	19
3.6 Análise dos dados.....	19
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	23
5 CONCLUSÕES.....	30
6 REFERÊNCIAS.....	31

CONTROLE GENÉTICO DA RESISTÊNCIA A *Meloidogyne incognita* EM *Cucumis melo* L.

RESUMO – Este estudo foi desenvolvido na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (UNESP-FCAV), Câmpus de Jaboticabal- SP, com o objetivo de avaliar o modo de herança da resistência do melão ‘Gaúcho Redondo’ a *Meloidogyne incognita*. Para tanto, foi conduzido um experimento em delineamento em blocos casualizados, com três blocos e seis tratamentos, os quais envolveram as linhas parentais ‘Gaúcho Redondo’ (P_1 resistente à *M. incognita*) e JAB 20 (P_2 suscetível, resultado do programa de Melhoramento Genético da Cultura do Melão Rendilhado da UNESP-FCAV), assim como as gerações F_1 ($P_1 \times P_2$), F_2 ($F_1 \times F_1$), e retrocruzamentos (RC_1P_1 e RC_1P_2). Foram avaliadas plantas individuais após 70 dias da inoculação com o patógeno, por meio do fator de reprodução do nematoide (FR), calculado pela contagem do número de ovos e juvenis de segundo estágio, contido na suspensão de cada raiz processada, dividido pela população inicial. A hipótese de herança monogênica foi rejeitada ao nível de significância de 1% de probabilidade no teste do qui-quadrado (χ^2), indicando que a resistência está sob controle de mais de um locus gênico, o que foi confirmado pela análise quantitativa, que evidenciou a existência de seis genes envolvidos na herança da resistência ao nematoide. Houve predominância dos efeitos aditivos no controle da característica em estudo, o que permite resposta aos processos de seleção.

Palavras-chave: análise de gerações, ganho por seleção, herança genética, melão, melhoramento de plantas

GENETIC CONTROL OF RESISTANCE *Meloidogyne incognita* IN *Cucumis melo* L.

ABSTRACT - This study was conducted at the College of Agriculture and Veterinary Sciences (UNESP-FCAV) in Jaboticabal-SP, in order to evaluate the mode of inheritance of resistance of melon 'Gaúcho Round' to *Meloidogyne incognita*. Therefore, an experiment was conducted in randomized block design with three blocks and six treatments, which involved the parental lines 'Gaúcho Round' (P_1 resistant to *M. incognita*) and JAB 20 (P_2 susceptible result of Breeding Program Culture Melon Tracery UNESP-FCAV), as well as the F_1 ($P_1 \times P_2$), F_2 ($F_1 \times F_1$) and backcross (RC_1P_1 and RC_1P_2). Individual plants were evaluated 70 days after inoculation with the pathogen through the nematode reproduction factor (FR), calculated by counting the number of eggs and second stage juveniles contained in the suspension of each root processed, divided by the initial population. The hypothesis of monogenic inheritance was rejected at a significance level of 1% probability in the chi-square (χ^2), indicating that resistance is under the control of more than one gene locus, which was confirmed by quantitative analysis, which showed the existence of six genes involved in inheritance of resistance to nematodes. Predominance of additive effects in controlling the trait under study, allowing response to selection processes.

Keywords: analysis generations, gain from selection, genetic inheritance, melon, plant breeding

1 INTRODUÇÃO

O melão (*Cucumis melo* L.), no cenário nacional, tem-se destacado como de grande e valorosa contribuição nas exportações brasileiras. A cultura tem-se destacado, também, por ter expressivo impacto social para a sociedade, pois demanda grande quantidade de mão de obra qualificada, tornando-se fator de desenvolvimento econômico para as regiões zoneadas, que apresentam condições edafoclimáticas para o estabelecimento e o cultivo da cultura.

O ranking dos cinco maiores produtores da cultura, em ordem decrescente é: China, com produção de aproximadamente 13 milhões de toneladas, seguido do Irã, Turquia, Egito e Estados Unidos, que, juntos, respondem por aproximadamente 70% da produção mundial (FAO, 2011).

O Brasil desponta como o décimo primeiro maior produtor mundial, com produção estimada, no ano de 2011, de 499.330 mil toneladas. A região com maior contribuição foi o Nordeste e Sul do País, com valores de 468.436 e 25.338 mil toneladas, respectivamente (IBGE, 2011).

Apesar de o Estado São Paulo ser o principal produtor de hortaliças e ter o maior mercado consumidor do Brasil Camargo et al. (2008), o cultivo do melão ainda é incipiente, com produção de 2.735 toneladas (IBGE, 2011).

Nos últimos anos, tem crescido o interesse no cultivo do melão nesse Estado, principalmente com o melão rendilhado. Este tipo de melão apresenta vantagens em relação aos demais, como: boa cotação comercial e cultivo em pequenas áreas, com boa lucratividade. O elevado consumo de melão rendilhado pela população está relacionado ao teor de sólidos solúveis, responsáveis pelo sabor. Seu aspecto visual diferencia-o dos outros tipos de melão existentes no mercado (RIZZO; BRAZ, 2001).

O cultivo intensivo do meloeiro tem favorecido o surgimento de diversos problemas fitossanitários, os quais causam a queda na produtividade e na qualidade dos frutos, estando a doença causada pelos nematoides de galha (*Meloidogyne* spp.) entre as mais destrutivas, podendo ocasionar prejuízos de até 100% na produção em determinadas regiões (TIHOHOD; SANTOS; FOGLI, 1993).

Os nematoides de galha destacam-se pela frequência e severidade nos cultivos em solos arenosos predominantes no Nordeste brasileiro (SANTOS et al.,

2000) e também em cultivos protegidos, principalmente nas regiões Sudeste e Sul, despontando-se entre os principais patógenos do solo (ZAMBOLIM, 1999).

Com a finalidade de controlar adequadamente a população de nematoides no solo, são utilizadas algumas práticas de manejo, como o uso de cultivares resistentes, rotação com culturas não hospedeiras, revolvimento do solo, controle químico e biológico (WHITEHEAD, 1998). Os métodos tradicionais de controle utilizados estão embasados na prevenção da disseminação do fitonematoide, através de medidas fitossanitárias, tais como o tratamento do material de plantio, a utilização de mudas obtidas de produtores idôneos e o conhecimento do histórico da área de produção. O controle químico, através do uso de nematicidas, apesar de possível, não é a melhor estratégia, devido principalmente à alta toxicidade apresentada pelo produto ao ser humano e por ser altamente perigoso ao meio ambiente. Nesse contexto, a utilização da resistência genética ao endoparasita sedentário *M. incognita*, por meio da utilização de cultivares resistentes, tem-se tornado a estratégia de controle mais eficiente, econômica e ecologicamente correta para os produtores.

A resistência de plantas aos fitonematoides tem-se tornado uma busca constante pelos programas de melhoramento genético. No entanto, para isto, é de fundamental importância a realização do estudo da herança genética, a fim de determinar se o caráter é qualitativo ou quantitativo, bem como o modo de ação predominante dos genes envolvidos. A determinação dos parâmetros genéticos que governam a resistência permite direcionar os trabalhos de introgressão de genes de resistência em germoplasmas suscetíveis e avaliar a resposta com a seleção nos métodos a serem empregados.

Diante do exposto, o presente trabalho teve por objetivos estudar a herança da resistência do melão a *M. incognita*, determinando o modelo de ação gênica que permite a avaliação dos principais efeitos genéticos, estimar a herdabilidade no sentido amplo e restrito, e o número de genes envolvidos na resistência ao nematoide.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Cultura do Melão

A espécie *Cucumis melo* L. é diploide ($2n = 2x = 24$ cromossomos), pertence à subtribo Cucumerinae, tribo Melothrieae, subfamília Cucurbitoideae e família Cucurbitaceae (ROBINSON; DECKER-WALTERS, 1997). De acordo com a pilosidade do ovário, pode-se dividir em duas subespécies, sendo elas: *C. melo* ssp. *melo*, que apresenta ovário piloso, e *C. melo* ssp. *agrestis*, que apresenta ovário ceroso (JEFREY, 1980). O meloeiro está distribuído por todo o mundo, sendo a espécie que apresenta maior polimorfismo, observado principalmente no fruto do gênero *Cucumis* (BATES; ROBINSON, 1995; STEPANSKY; KOVALSKI; PERLTREVES, 1999).

Relatos da origem do melão têm sido objeto de estudo de diversos pesquisadores, e com isso várias teorias foram formuladas para tentar explicar como se deu a origem e a domesticação do meloeiro. Todas as evidências estudadas apontam que espécies de melão foram originalmente distribuídas através de grande parte da África e do Oriente Médio até o Paquistão e a Arábia Saudita, tendo algumas espécies ainda ocorrido no continente Asiático (MALLICK; MASUI, 1986; ROBINSON; DECKER-WALTERS, 1997; KERJE; GRUM, 2000; BISOGNIN, 2002).

De acordo com Kerje e Grum (2000), a domesticação do meloeiro ocorreu por volta de 3000 anos a.C. O melão deve ter sido amplamente utilizado como planta selvagem há muito tempo. Também já era praticada nesse período a seleção para plantas com frutos mais doces.

2.1.1 Importância Socioeconômica

Mundialmente, o melão é uma olerícola de grande expressão econômica, alcançando produção mundial de aproximadamente 27,3 milhões de toneladas no ano de 2011 (FAO, 2011). Os maiores exportadores são Espanha, Honduras, Brasil, Costa Rica e Estados Unidos (FAO, 2011).

A região do Brasil que mais contribui para a produção de melão é o Nordeste, sendo os Estados do Rio Grande do Norte e Ceará os maiores produtores nacionais, com produção de cerca de 259 e 144 mil toneladas, respectivamente (IBGE, 2011).

No Brasil, o melão destaca-se como a primeira olerícola mais exportada (IBRAF, 2010), tendo como principais importadores a Holanda, Reino Unido, Espanha, Alemanha, Itália e Portugal (SECEX, 2009).

Praticamente, todo o melão exportado pelo Brasil sai dos polos de produção de Mossoró e Açu, e do Baixo Jaguaribe, alcançando o mercado internacional, mercado este que absorve cerca de 90% das exportações brasileiras de melão, entre os meses de setembro e março, época que corresponde às estações de outono e inverno na Europa (EMBRAPA, 2010).

2.1.2 Tipos comerciais de melão

Atualmente no Brasil, os principais tipos de melões cultivados pertencem a duas variedades botânicas: *C. melo* var. *inodorus* Naud e *C. melo* var. *cantalupensis* Naud (MENEZES et al., 2000).

C. melo var. *inodorus* Naud: os frutos deste grupo são os chamados melões de inverno, apresentam casca lisa ou levemente enrugada, coloração amarela, branca ou verde-escura. São resistentes às condições de transporte e têm longa vida útil pós-colheita. A polpa apresenta elevado teor de açúcares, podendo ter coloração que varia de branca a verde-clara, não sendo aromática. Esses melões são geralmente maiores e mais tardios que os aromáticos. Apresenta frutos sem aroma (inodoros) e não climatéricos. Os melões do tipo Amarelo, Pele de Sapo e Honey dew são típicos desse grupo (MENEZES et al., 2000).

C. melo var. *cantalupensis* Naud: este grupo inclui os melões anteriormente classificados como pertencentes às variedades *C. melo reticulatus* e *C. melo cantalupensis*. São melões muito aromáticos, mais doces que os inodoros, porém de baixa conservação pós-colheita. Os frutos são de tamanho médio, com superfície reticulada, verrugosa ou escamosa, podendo apresentar gomos (costelas). Apresentam polpa de coloração alaranjada ou salmão ou, às vezes, verde. Geralmente são chamados de melão cantaloupe (MENEZES et al., 2000).

Com o propósito de facilitar a comercialização entre os diferentes agentes da cadeia do agronegócio do melão, os melões cultivados foram classificados comercialmente em tipos. Pela palavra tipo, deve ser entendido o grupo de cultivares ou híbridos que apresentam uma ou mais características semelhantes, identificáveis facilmente e diferenciadas dos demais, tal como o aspecto da casca, a cor quando maduro, a presença ou a ausência de suturas, as cicatrizes, a reticulação ou o rendilhamento, a cor da polpa, o formato do fruto, entre outras características (MENEZES et al., 2000).

- ✓ Tipo Amarelo: inodoro, de origem espanhola, e por isso conhecido também como melão-espanhol. É caracterizado pela casca amarela e polpa branco-creme. Neste tipo estão incluídos: melão amarelo rugoso (Yellow Honey Dew), de forma oval ou elíptica e tamanho grande, e o amarelo redondo, liso (White Honey Dew), de tamanho pequeno.
- ✓ Tipo Pele de Sapo: inodoro, apresenta a casca com a característica que se denomina escriturada. Essa característica deve-se a incisões longitudinais formadas sobre a casca em determinado momento do desenvolvimento do fruto e que cicatrizam posteriormente. O fruto é de tamanho grande, com a polpa verde e a consistência firme. Recentemente, começaram a aparecer no mercado sementes de algumas variedades arredondadas e de peso menor (em torno de 1 kg).
- ✓ Tipo Charentais: inclui melões aromáticos de origem francesa. Neste tipo, encontram-se: melões charentais de casca lisa, que têm forma arredondada ou, às vezes, achatada, com suturas ou costelas e casca verde-clara ou ligeiramente cinza; melões charentais de casca verde-escura com polpa de cor salmão; e melões charentais de casca intensamente reticulada, com suturas ou costelas verde-escuras, de formato redondo ou semiovalado, com polpa salmão e muito aromáticos. A característica reticulada indica que toda a superfície do fruto está coberta por uma rede formada por cicatrizes de aspecto corticoso. A reticulação pode variar de fraca a intensa.

- ✓ Tipo Gália: inclui melões aromáticos reticulados de origem israelense. Os frutos caracterizam-se pela forma arredondada, casca verde que muda para amarela quando o fruto amadurece, com polpa branca ou branco-esverdeada, pouca reticulação e peso médio entre 0,7 e 1,3 kg.

- ✓ Tipo Cantaloupe: melões aromáticos de origem americana. São os melões mais produzidos no mundo. Caracterizam-se pela forma esférica e reticulação intensa em toda a superfície, com polpa de cor salmão e aroma muito intenso.

- ✓ Tipo Honeydew: o fruto não se destaca da rama como em outros tipos, havendo necessidade de corte com tesoura. Os frutos não têm odor, a casca é bem lisa e de coloração creme, formato redondo, peso variando de 1,5 a 1,8kg, com polpa laranja-escura com cavidade interna pequena, suculenta, de textura fina e doce. Ciclo de 60 a 64 dias.

2.1.3 Recursos Genéticos em *C. melo*

A conservação e a utilização dos recursos genéticos por povos locais são fundamentais para atender e satisfazer as necessidades das gerações presentes e futuras. A demanda por esses recursos genéticos é imprevisível e dinâmica. Quanto mais diversidade é conservada e disponibilizada para o futuro, melhor são as chances de atender a demanda futura (ENGELS; ARORA; GUARINO, 1996).

Vários são os países que conservam o germoplasma de melão em bancos ativos de germoplasma, com destaque para a Rússia e EUA, com as maiores coleções de acessos da cultura (MLIKI et al., 2001).

O Brasil tem concentrado esforços, com o objetivo de realizar coleta de germoplasma de melão, destacando-se a Embrapa Hortaliças, com cerca de 400 acessos, e a Embrapa Semiárido, com cerca de 150 acessos, além da Universidade Federal Rural do Semiárido – UFERSA, que também tem realizado expedições de coletas de acessos de melão.

As variedades crioulas ou locais mantidas em unidades produtivas e comunidades apresentam alta diversidade genética (fenotípica e genotípica), constituindo a interface entre os tipos silvestres e domesticados. A diversidade agrícola não é só o produto da seleção em ambientes diversos, mas também da preferência humana, de sorte que a conservação desse patrimônio genético e cultural depende, fundamentalmente, das práticas conduzidas pelas comunidades (ALBUQUERQUE; NASS, 2008).

Dessa forma, por meio da adoção de princípios e processos agroecológicos, a conservação da agrobiodiversidade tem sido incentivada, fortalecendo a segurança alimentar no âmbito das propriedades rurais, bem como nas áreas indígenas e nas comunidades tradicionais. Especificamente, esse esforço busca o resgate, a conservação e o uso sustentável de variedades crioulas de plantas domesticadas ou semidomesticadas (ALBUQUERQUE; NASS, 2008).

O conhecimento de genes de resistência a doenças e pragas potencialmente úteis e sua incorporação em cultivares-elite vem sendo de grande importância para subsidiar a utilização dos recursos genéticos e para ampliar a base genética dos programas de melhoramento de plantas (ALBUQUERQUE; NASS, 2008).

A pesquisa em recursos genéticos e no melhoramento vegetal, no entanto, é uma das atividades de inovação mais relevantes para o País, tendo produzido resultados que contribuíram significativamente para os principais ganhos qualitativos e quantitativos alcançados pela agricultura brasileira ao longo das últimas décadas (ALBUQUERQUE; NASS, 2008).

2.2 Nematóide de galha [*Meloidogyne incognita* (Kofoid & White) Chitwood]

2.2.1 Etiologia e aspectos biológicos

A palavra nematóide deriva do grego nema (uhma), que quer dizer fio, mais o sufixo oid (eidoz), que significa semelhante ou em forma de fio. É, provavelmente, uma das formas mais antigas de vida existentes, datando de milhões de anos (TIHOHOD, 1993).

Os nematoides são vermes microscópicos, alongados, finos nas extremidades, medindo de 0,5 a 4,0 mm de comprimento. Os nematoides parasitos de plantas podem ser divididos em parasitas das partes aéreas, que são aqueles que se alimentam das partes da planta acima do solo, e parasitas que se alimentam das raízes e tubérculos (TIHOHOD, 1993).

O ciclo de vida do nematoide é tipicamente dividido em seis estádios: o ovo, quatro estádios juvenis e o adulto. A duração de qualquer um destes estádios e do ciclo de vida completo difere de acordo com a espécie e também de fatores, tais como temperatura, umidade e planta hospedeira. Em condições favoráveis, nos trópicos, muitas espécies têm ciclo de vida relativamente curto, com possibilidade de várias gerações em cada estação do ano (COYNE; NICOL; CLAUDIUS-COLE, 2007).

Para *M. incognita* em tomateiro, com temperatura próxima de 29°C, as primeiras fêmeas aparecem com 13-15 dias após a penetração de raízes, e as primeiras massas de ovos, com 19-21 dias (MOENS; PERRY; JAMES, 2009). No geral, as fêmeas produzem ovos por três semanas, depois cessam a produção, podendo viver um pouco mais. Os machos vivem algumas semanas, e os J2 (Juvenis de segundo estágio) podem viver de poucos dias a meses (TAYLOR; SASSER, 1983).

O ciclo inicia-se com a fêmea depositando seus ovos em um único local da raiz, formando uma massa de ovos envolta em uma matriz gelatinosa. Cada massa de ovos contém em média 400 a 500 ovos. O desenvolvimento embrionário resulta no juvenil de primeiro estágio (J1), que passa por uma ecdise ainda no ovo, dando origem ao juvenil de segundo estágio (J2) (ABAD et al., 2009). Quando liberadas dos ovos, as formas J2 pré-infectivas migram pelo solo em direção às raízes de plantas hospedeiras, guiadas por exsudatos radiculares liberados pelas raízes (TAYLOR; SASSER, 1983). Nas raízes, ocorrem a formação e o desenvolvimento de células gigantes que tornam o ponto de alimentação para os nematoides, onde passam por J2 (segunda), J3 (terceira) e J4 (quarta) ecdises (EISENBACK; TRIANTAPHYLLOU, 1991). Os machos adultos saem das raízes e movem-se livremente no solo. Com as fêmeas jovens formadas, inicia-se a fase sedentária do

nematoide, a qual durará até o final de seu ciclo de vida com o amadurecimento da fêmea, a formação e a liberação de ovos (MOENS; PERRY; JAMES, 2009).

2.2.2 Classificação do *M. incognita*

São nematoides endoparasitos sedentários cujos juvenis de segundo estágio (J2), vermiformes “infectivo” invadem os tecidos vegetais. Eles movem-se no solo para localizar raízes de plantas hospedeiras e, a seguir, no tecido vegetal, até encontrar um local de alimentação, onde a fêmea se desenvolve, ficando fixa durante toda a sua vida. À medida que se desenvolve, o corpo vai alargando até ficar com uma forma esférica, de limão, de rim ou ovóide (COYNE; NICOL; CLAUDIUS-COLE, 2007).

O nematoide alimenta-se num pequeno número de células, que são reguladas com substâncias de crescimento. Os machos permanecem vermiformes, alimentando-se na superfície da raiz durante alguns dias, podendo ou não fecundar as fêmeas antes de se deslocarem para o solo, onde morrem. As fêmeas dos nematoides endoparasitos sedentários produzem um grande número de ovos, que são acumulados em massas de ovos sobre seus corpos (COYNE; NICOL; CLAUDIUS-COLE, 2007).

2.2.3 Sintomas e Controle

A infecção em plantas suscetíveis caracteriza-se pela formação de protuberâncias ao longo das raízes às quais são denominadas de galhas. A formação destas estruturas dá-se como resultado da penetração dos nematoides no sistema radicular. Devido a este fato e à infecção das células, as raízes aumentam em tamanho e quantidade, resultando em engrossamento. Em cucurbitáceas, as galhas geralmente apresentam os tecidos amolecidos (PINHEIRO; AMARO, 2010).

Após a penetração e o desenvolvimento do nematoide no interior das raízes, podem ocorrer também extensas áreas necróticas no sistema radicular. Na parte aérea das plantas atacadas, normalmente, ocorrem folhas cloróticas, redução no tamanho e na quantidade de folhas, murchamento excessivo durante as horas mais

quentes do dia ou, em casos severos de infestação e em interação com outros patógenos, como o fungo *Didymella bryoniae* (Fuckel) Rehm, pode ocorrer secamento com posterior morte das plantas. Vale salientar que, mesmo na ausência dos nematoides, é comum o murchamento temporário das folhas entre as horas mais quentes do dia. Também é importante frisar que os sintomas na parte aérea não são exclusivos da infestação por nematoides, sendo que outros microrganismos ou deficiência por algum nutriente podem causar estes mesmos sinais. Outro tipo de dano que pode ocorrer é o entupimento do sistema vascular, que pode induzir a formação de células vasculares em células gigantes. Estas são necessárias para a alimentação do nematoide e podem dificultar a absorção e o transporte de água e nutrientes pela planta. Desta maneira, plantas podem apresentar sintomas de deficiência de potássio ou podem morrer precocemente quando severamente atacadas. Os nematoides de galha também interagem com outros patógenos, como bactérias e fungos, que causam podridão radicular e murcha (PINHEIRO; AMARO, 2010).

Atualmente, as estratégias de manejo de nematoides são aquelas que diminuem custos, aumentam a produtividade e não agredem o meio ambiente. A utilização de matéria orgânica, o controle biológico, o uso de cultivares resistentes, a solarização, a rotação de culturas, o pousio, a inundação, o uso de cultivos intercalares e a cobertura do solo são abordados principalmente por reduzir a população dos nematoides e por manter a biodiversidade nos diferentes agroecossistemas (ZASADA; FERRIS; ZHENG, 2002).

Dentre as estratégias de manejo, a utilização de resistência genética é, sem dúvida, uma das alternativas mais desejáveis, considerando sua compatibilidade com outras práticas de manejo e não ser prejudicial ao meio ambiente (FANCELLI, 2003).

A resistência genética é realizada por meio da utilização de cultivares que contenham genes responsáveis pela resistência ao parasitismo do nematoide, onde restringem ou previnem a multiplicação do nematoide em suas raízes, evitando assim possíveis danos (MOURA, 1997). Pode-se, assim, estar envolvidos números de genes diferentes no controle da característica, podendo ser monogênica (um único gene), oligogênica (dois a três genes) ou poligênicos (vários genes). A

utilização de cultivares resistentes tem as seguintes vantagens: diminui a reprodução do nematoide, reduz a necessidade de produtos fitossanitários, encurta o tempo de rotação, não requer a utilização de equipamento especializado para sua implantação na área de cultivo, mantém o custo das sementes das cultivares resistentes geralmente iguais ao de cultivares suscetíveis Boerma e Hussey (1992) e pode limitar a incidência de doenças associadas com nematoides (MAI; ABAWI, 1987).

2.2.4 Avaliação de germoplasma de Cucurbitáceas para resistência a *M. incognita*

Em três espécies de *Cucumis*: *Cucumis ficifolius* (C-779), *Cucumis metuliferus* (C-701) e *Cucumis melo* ('Hale's Best Jumbo'), avaliadas quanto à resistência a *Meloidogyne incognita acrita*, verificou-se que o desenvolvimento do nematoide foi mais rápida em raízes da espécie *C. melo* do que nas outras espécies estudadas. A resistência a *C. metuliferus* e *C. ficifolius*, aparentemente, está associada com: impedimento do desenvolvimento de juvenis de segundo estágio; retardo no desenvolvimento do estágio de juvenis para adulto; aumento da estimulação para a masculinidade. Estes efeitos também se refletem no número significativamente menor de fêmeas recuperadas após a maceração das raízes das espécies selvagens comparado com a espécie *C. melo* (FASSULIOTIS, 1970).

Em um estudo realizado com 30 genótipos de melão (*Cucumis melo* L.) cantaloupe, os autores selecionaram 8 linhagens (L2, L5, L11, L26, L27, L28, L29 e L49) de melão que se comportaram como resistentes a *M. incognita* (PAIVA et al., 2004).

No estudo realizado para verificar a resistência a *M. incognita* raça 3, em três cultivares de *Cucumis* (*C. sativus* var. *sativus* 'Sumter', *C. sativus* var. *hardwickii* 'NC-42' e *C. metuliferus* PI 482454), observou-se que 'NC-42' foi a cultivar que apresentou maior suscetibilidade ao nematoide. O acesso PI 482454 apresentou os menores valores de reprodução do nematoide, caracterizando como resistente (WALTERS et al., 2006).

Na avaliação para a resistência a *M. incognita* em meloeiro, verificou-se que os genótipos PI 140471 e PI 183311 se comportaram altamente resistentes ao

nematoide, as cultivares Chilton, Georgia 47, Gulf Coast e Planters Jumbo apresentaram-se moderadamente resistentes ao nematoide, enquanto o genótipo C880 foi altamente suscetível. Logo, a triagem com o germoplasma de meloeiro disponível para resistência a *M. incognita* pode identificar níveis elevados de resistência ao nematoide de galha para incorporação em cultivares melhoradas (NUGENT; DUKES, 1997).

Em estudo visando a selecionar porta-enxertos resistentes a *M. incognita*, foram avaliados 33 acessos de cucurbitáceas. Verificou-se que os genótipos CNPH 01-930, CNPH 01-962, CNPH 01-963, meloeiro 'Gaúcho redondo', e *Benincasa hispida* foram considerados resistentes a *M. incognita*, enquanto os demais materiais se comportaram como suscetíveis. A utilização destes cinco materiais como porta-enxertos para meloeiro rendilhado pode ser promissora (ITO et al., 2011).

Um alto nível de resistência a *M. incognita* foi encontrado em *C. metuliferus* (FASSULIOTIS, 1970; WEHNER; WALTERS; BARKER, 1991; WALTERS et al., 2006), mas numerosas tentativas para incorporar a resistência em *C. melo* têm sido malsucedidas devido à incompatibilidade nos cruzamentos (FASSULIOTIS, 1977; NORTON; GRANBERRY, 1980; CHEN; ADELBERG, 2000). Assim, a identificação de espécies de *C. melo* resistente a *M. incognita* seria benéfica para melhoristas de plantas e patologistas de plantas, sendo possível realizar introgressão de genes que condicionam a resistência em cultivares de melão (FASKE, 2013).

2.2.5 Controle genético da resistência a *M. incognita*

Devido à falta de trabalhos relacionados ao controle genético para resistência a *M. incognita* em *C. melo*, realizou-se uma busca de trabalhos na literatura que fossem relacionados ao controle genético em outras hortaliças estudadas para *M. incognita*.

Estudando a herança para resistência a *M. incognita* em linhagens de *Cucumber*, verificou-se que o controle genético está condicionado por um gene maior de caráter dominante (ZHANG, 2011).

Em estudo realizado por Haynes e Jones (1976), eles constataram que plantas de pepino que apresentavam um alelo dominante (Bi), atraíram menos

juvenis de *M. incognita* em suas raízes, comparadas aos genótipos isogênicos (bibi). As plantas que possuem o locus Bi, permitem acumular cucurbitacinas triterpenoides, que são altamente tóxicas e são importantes para conferir resistência contra vários agentes patogênicos, particularmente na família Cucurbitaceae (COSTA; JONES, 1971).

Em estudo de controle genético da resistência da alface 'Salinas 88' ao nematoide de galha (*M. incognita* raça 1), verificou-se a presença de um gene principal de dominância incompleta com efeitos aditivos e de dominância governando a resistência. No entanto, foi verificado que, além de um gene principal com efeitos aditivo e dominância, existem poligenes, com efeitos menores aditivos, que influenciam sobre a expressão da resposta do gene maior ao nematoide (FILHO et al., 2008).

No estudo realizado por Fery e Dukes (1996), verificou-se, em um cruzamento realizado entre linhagens altamente resistentes e suscetíveis à *M. incognita*, selecionadas a partir de uma população heterogênea de pimenteira cayenne (*Capsicum annuum* L.) 'Carolina Hot', que a resistência exibida é condicionada por dois genes, sendo um recessivo e o outro dominante.

Estudo de herança da resistência a *M. incognita* raça 2, na pimenteira 'Carolina Cayenne', revelou a presença de um gene no controle da característica de resistência com a predominância de efeito de ação gênica aditiva (SOBRINHO-SOUZA et al., 2002).

O controle genético da resistência a *M. incognita* foi estudado em sete cultivares de tomateiro. As segregações obtidas a partir das gerações F₂ e retrocruzamentos derivados dos cruzamentos Nematex X Chico III, Nematex X Enterprizer, Small Fry X Chesapeake e Cold Set X IPB, mostram que as cultivares Nematex, Small Fry e Cold Set possuem um único gene de resistência. O gene de resistência foi dominante nas cultivares Nematex e Small Fry e recessivo na cultivar Cold Set (SIDHU; WEBSTER, 1973).

3 MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa foi realizada no Setor de Olericultura e Plantas Aromatico-Medicinais do Departamento de Produção Vegetal da Universidade Estadual Paulista- UNESP/FCAV, Câmpus de Jaboticabal.

A primeira etapa do presente trabalho consistiu na realização das hibridações necessárias para a obtenção do híbrido F_1 , bem como da geração segregante F_2 e dos retrocruzamentos com o genitor resistente (RC_1P_1) e com o genitor suscetível (RC_1P_2), que consistiram nos cruzamentos de ($F_1 \times P_1$) e ($F_1 \times P_2$) respectivamente.

3.1 Cruzamento para a obtenção do híbrido F_1

Para a obtenção da geração F_1 , sementes do parental feminino *Cucumis melo* var. *cantalupensis* Naud. cultivar gaúcho redondo, resistente ao *M. incognita*, segundo Ito et al. (2011), e do parental masculino *Cucumis melo* var. *reticulatus* Naud. JAB 20 (linhagem obtida do programa de Melhoramento Genético da Cultura do Melão Rendilhado da UNESP-FCAV), suscetível ao nematoide mencionado, foram semeadas em bandejas de poliestireno expandido com 128 células, no dia 20-08-2012, utilizando substrato Bioplant[®].

A semeadura foi feita na densidade de uma semente por célula. Cerca de 25 dias após a semeadura, quando as mudas apresentaram duas folhas definitivas, quinze mudas de cada genitor foram transplantadas, individualmente, para vasos de plástico, com capacidade de 13 L, antecipadamente preenchidos com fibra da casca de coco, acondicionados dentro de casa de vegetação, construída em estrutura metálica, do tipo teto em arco com 3 m de pé-direito, coberta com filme de polietileno transparente, aditivado contra raios ultravioleta, com 150 micrômetros de espessura, sendo as laterais protegidas com telas de polipropileno preto com 50% de sombreamento.

Durante o crescimento e o desenvolvimento das plantas, foi utilizada irrigação por gotejo, com solução nutritiva recomendada para a cultura do melão, por Castellane e Araújo (1994), fornecendo, em cada 1.000 litros de água, 805 g de

nitrate de cálcio, 277 g de nitrate de potássio, 238 g de cloreto de potássio, 155 g de MAP, 240 g de sulfato de magnésio, 36,6 g de ferro, 2,54 g de sulfato de manganês, 1,90 g de boro, 1,15 g de sulfato de zinco, 0,12 g de sulfato de cobre e 0,12 g de molibdato de sódio em irrigações diárias.

Todas as plantas foram conduzidas com fitilhos, até o último arame disposto à altura de 2 m acima do nível do solo da casa de vegetação, e foram realizadas desbrotas durante todo o desenvolvimento das plantas.

A partir do início do florescimento, procedeu-se à realização da hibridação artificial entre os genitores contrastantes para a resistência a *M. incognita*. Os cruzamentos foram realizados nas primeiras horas do dia, das 6h às 8h30 da manhã, pois segundo Oliveira (2009), é nesse período que ocorre a antese, e os grãos de pólen atingem os maiores percentuais de germinação, verificando valores acima de 90%.

As emascações das flores femininas de melões foram realizadas no dia anterior à hibridação, quando se encontravam no estágio de botão floral. As flores emasculadas foram protegidas com sacos de papel, presos com um grampo, para prevenir contaminações com pólen de outras plantas, por insetos polinizadores. Antes e durante a realização das hibridações artificiais realizou-se a esterilização das mãos e dos materiais utilizados com álcool a 90%, para evitar possíveis contaminações.

O pólen utilizado na hibridação foi retirado de flores recém-abertas das plantas do genitor masculino (doador de pólen), as quais, de forma semelhante às flores femininas emasculadas, foram protegidas no estágio de botão floral, com sacos de papel, presos com grampo, no dia anterior à polinização, para evitar contaminação do pólen. Para cada flor feminina emasculada, foi utilizada a relação de 3 flores masculinas, para a realização da polinização. Realizou-se a hibridação artificial entre os genitores contrastantes para a resistência à *M. incognita*.

Após a hibridação, no pedúnculo da flor polinizada, foi amarrada uma linha colorida, com uma etiqueta, que continha a data da polinização e a identificação do cruzamento realizado. A cada, aproximadamente, três dias, realizou-se a contagem dos frutos fixados, para melhor controle dos cruzamentos realizados.

A partir do momento da fixação dos frutos da geração F_1 , realizaram-se monitoramentos para a determinação do momento da colheita.

A colheita dos frutos da geração F_1 foi realizada de acordo com o ciclo da cultura (cerca de 70 dias após o transplante), na qual se observaram frutos bem desenvolvidos.

No momento da colheita, os frutos foram devidamente identificados com o respectivo cruzamento e levados ao laboratório de Melhoramento de Hortaliças do Departamento de Produção Vegetal, UNESP-FCAV, para a extração das sementes.

Os frutos foram cortados ao meio, e as sementes foram extraídas com o auxílio de uma colher, sendo colocadas em peneira para posterior lavagem em água corrente. Em seguida, realizou-se a secagem natural das sementes (que durou cerca de dez dias), em local fresco e ventilado. Após a secagem, as sementes foram acondicionadas em sacos de papel identificados, para posterior uso na obtenção das gerações F_2 e dos retrocruzamentos.

3.2 Obtenção da geração segregante F_2 e dos retrocruzamentos (RC_1P_1 e RC_1P_2)

Os retrocruzamentos foram obtidos a partir dos cruzamentos RC_1P_1 ($F_1 \times P_1$) e RC_1P_2 ($F_1 \times P_2$), obedecendo à mesma metodologia realizada na obtenção do híbrido F_1 . As sementes dos parentais (resistentes e suscetíveis) e da geração F_1 , obtida anteriormente do cruzamento entre os parentais contrastantes para a resistência, foram semeadas no dia 21-11-2012. Para a obtenção da geração segregante F_2 , as flores femininas das plantas F_1 foram autofecundadas.

Atingindo o ponto de colheita dos frutos, eles foram conduzidos ao laboratório, para a realização da retirada de suas sementes e posterior realização de secagem das mesmas.

Durante a condução de todas as gerações, houve a incidência de mosca-branca *Bemisia argentifolli* Bellows & Perring. O controle foi realizado por meio de inseticidas registrados para a cultura, no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento- MAPA. No início da frutificação das plantas, houve a presença de oídio causado por *Sphaerotheca fuliginea* (Schltld.) Pollacci, sendo que o controle foi realizado utilizando fungicidas também registrados para a cultura.

3.3 Obtenção, identificação e multiplicação de *M. incognita*

Uma população de *M. incognita*, utilizada no estudo, foi recuperada de raízes de algodoeiro (*Gossypium hirsutum* L.), procedente de Barreiras - BA. A espécie foi identificada no Laboratório de Nematologia da UNESP-FCAV, examinando-se, ao microscópio óptico, os caracteres morfológicos do padrão perineal, preparado conforme Taylor e Netscher (1974), e a morfologia da região labial dos machos (EISENBACK et al., 1981).

A população foi mantida e multiplicada em plantas de berinjela 'Napolitana', por 150 dias. Os nematoides foram extraídos das raízes pelo método de Hussey e Barker (1973). A seguir, a população do nematoide foi estimada, utilizando o microscópio fotônico, com auxílio da câmara de contagem de Peters segundo Southey (1970), ajustada para a concentração de 300 ovos e juvenis de segundo estágio (J2)/mL, e reservada para ser inoculada.

3.4 Herança da resistência

Obtidas as sementes das gerações envolvidas no estudo, ou seja, dos genitores (P_1 resistente e P_2 suscetível), do híbrido (F_1), da geração segregante (F_2), bem como dos retrocruzamentos (RC_1P_1 e RC_1P_2), procedeu-se à realização do teste de resistência para *M. incognita*.

O inóculo utilizado no ensaio foi obtido a partir de raízes de plantas de berinjela com galhas, que foram cultivadas para a multiplicação do inóculo, as quais tinham sido previamente inoculadas com populações puras do nematoide em estudo.

As sementes foram semeadas em bandeja contendo substrato Bioplant[®] para a obtenção das mudas das gerações em estudo. O transplante das mudas de todas as gerações foi realizado para vasos que se encontravam acondicionados em casa de vegetação do Setor de Olericultura e Plantas Aromático-Medicinais da UNESP-FCAV, no dia 23-02-2013. No período de condução do experimento, foram verificadas temperaturas internas da casa de vegetação, variando desde a máxima de 31°C até a mínima de 19,5°C.

Considerou-se uma população de 30 plantas de cada genitor (P_1 e P_2) e híbrido F_1 , 210 plantas da geração segregante F_2 e 120 plantas de cada retrocruzamento (RC_1P_1 e RC_1P_2).

Adotou-se o delineamento experimental em blocos ao acaso, distribuindo aleatoriamente as parcelas (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1P_1 e RC_1P_2), em três blocos.

Foram utilizados vasos de barro, com capacidade de 3 L, contendo como substrato uma mistura de 3:1 (areia grossa:solo), previamente autoclavado (120°C e 1 atm de pressão, por 1 hora).

No ato do transplante, com o auxílio de uma pipeta automática, cada vaso foi inoculado com 3.000 ovos e juvenis de segundo estágio de *M. incognita*, sendo essa população designada como inicial (P_i).

Para aferir a influência de fatores externos, como viabilidade do inóculo e temperatura, sobre o desenvolvimento do nematoide, foram transplantadas e inoculadas dez plantas de tomateiro (*Solanum lycopersicon* L.), cultivar Santa Cruz Kada, da Empresa de Sementes Isla, suscetível a *M. incognita*, e dez plantas de tomateiro resistente, cultivar Ap 529, da Empresa Seminis.

Foram observados, nas plantas de tomateiro resistente e suscetível, fatores de reprodução do nematoide de 1,16 e 58,12, respectivamente, indicando dessa forma que o inóculo estava perfeitamente viável para a realização do estudo.

O inóculo foi preparado pela técnica de Hussey e Barker (1973), com as modificações introduzidas por Bonetti e Ferraz (1981) e Oliveira (2007). A estimativa da população de ovos e juvenis, presentes na suspensão, foi realizada com o auxílio da câmara de contagem de Peters, ao microscópio fotônico, com posterior ajuste da concentração para 300 ovos e juvenis de segundo estágio/mL e inoculação de 10 mL dessa suspensão por muda.

Durante o crescimento e o desenvolvimento das plantas, após a inoculação, foram realizadas irrigações manuais diárias de forma a manter a turgescência celular. As adubações de cobertura foram feitas de acordo com o recomendado para a cultura (RAIJ et al., 1997). Os tratamentos fitossanitários foram realizados para o controle do inseto mosca-branca e do fungo *Sphaerotheca fuliginea*, causador do oídio.

3.5 Avaliação das plantas inoculadas com *M. incognita*

Após 70 dias do transplante e da inoculação dos nematoides, todas as plantas inoculadas das gerações foram analisadas. Realizou-se a separação das plantas em duas partes: aéreas e raízes.

Todas as raízes foram retiradas dos vasos, seguindo-se a lavagem das mesmas, para eliminar o excesso de solo. Em seguida, as raízes foram processadas para a extração de ovos e outros estádios de desenvolvimento do nematoide, de acordo com a técnica de Hussey e Barker (1973).

A população final (Pf) de cada suspensão, oriunda dos sistemas radiculares individualmente processados, foi utilizada para a determinação do fator de reprodução (FR), onde plantas com $FR < 1$ foram consideradas resistentes ao nematoide, e com $FR \geq 1$ foram consideradas suscetíveis ao nematoide, conforme Oostenbrink (1966).

3.6 Análise dos dados

Os dados foram submetidos tanto a uma avaliação qualitativa, como a uma quantitativa. Para a análise qualitativa, as plantas de cada geração foram separadas em resistentes (R) ou suscetíveis (S), de acordo com os resultados do fator de reprodução (FR). Foi utilizado o teste de qui-quadrado (χ^2) para verificar a hipótese de herança monogênica (3R:1S) com dominância. O qui-quadrado calculado (χ_c^2) foi estimado na geração F₂, por meio da expressão:

$$\chi_c^2 = \sum (f_o - f_e)^2 / f_e$$

Em que:

f_o = frequência observada;

f_e = frequência esperada.

A decisão de aceitar ou não a hipótese de nulidade (H_0), ou seja, de herança monogênica, foi tomada a partir da comparação de χ^2 calculado, com o χ^2 tabelado ao nível de 1% de significância, e grau de liberdade $n - 1 = 1$.

As análises genéticas quantitativas foram efetivadas, utilizando-se do programa computacional GENES, desenvolvido pela Universidade Federal de Viçosa (UFV), com base em modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético, por meio de procedimentos de análise de gerações (CRUZ; REGAZZI, 1994). Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos: as variâncias (aditiva, dominante, ambiental e genética), a herdabilidade no sentido amplo e restrito, o grau médio de dominância, o ganho por seleção e o número de genes.

De acordo com Ramalho, Santos e Zimmermann (1993), as variâncias, devido serem parâmetros estatísticos de segundo grau, apresentam vantagens quando comparadas com a média, pois, em algumas ocasiões, esta pode não representar o que realmente está acontecendo. A razão disto é que, com a utilização das médias, o que se obtém ao final é uma soma algébrica de cada um dos locos individualmente, podendo ocorrer, desta maneira, a presença de genes dominantes, mas que atuam no sentido oposto nos vários lócus; com isso, o efeito final é pequeno ou nulo, dando, portanto, uma ideia inexata do que ocorre. Com a utilização da variância, essa desvantagem é eliminada, pois os efeitos individuais de cada loco são elevados ao quadrado, não havendo possibilidade de eles se cancelarem. Então, com base no esquema proposto por Warner (1952), foram estimadas as variâncias aditivas (α_A^2), de dominância (α_D^2), ambiental (α_E^2) e genotípica (α_G^2), bem como a herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) e no sentido restrito (h_r^2), por meio das seguintes expressões:

$$\alpha_A^2 = 2\alpha_{F_2}^2 - \alpha_{RC1P1}^2 - \alpha_{RC1P2}^2 \quad (\text{Var. Aditiva})$$

$$\alpha_D^2 = \alpha_{F_2}^2 - \alpha_A^2 - \alpha_E^2 \quad (\text{Var. Dominância})$$

$$\alpha_G^2 = \alpha_{F_2}^2 - \alpha_E^2 \quad (\text{Var. Genotípica})$$

$$\alpha_E^2 = \frac{\alpha_{P_1}^2 + \alpha_{P_2}^2 + 2\alpha_{F_1}^2}{4} \quad (\text{Var. Ambiental})$$

$$h_a^2 = \frac{\alpha_G^2}{\alpha_{F_2}^2} \quad (\text{Herdabilidade Ampla})$$

$$h_r^2 = \frac{\alpha_A^2}{\alpha_{F_2}^2} \quad (\text{Herdabilidade Restrita})$$

Segundo Cruz e Regazzi (1994), a herdabilidade é a proporção da variância fenotípica atribuída a causas genéticas, e, de acordo com os referidos autores, quando se dispõe apenas dos dados das gerações P_1 , P_2 , F_1 e F_2 , é possível estimar a h_a^2 . Por outro lado, tendo-se o conhecimento das variâncias das populações RC_1P_1 e RC_1P_2 , pode-se estimar o componente de variância aditiva e, conseqüentemente, obter-se também a h_r^2 , que é definido como o quociente da variância genética aditiva e a variância fenotípica de um caráter.

Para Falconer e Mackay (1996), a h_r^2 é um dos parâmetros genéticos mais importantes para os caracteres quantitativos, uma vez que indica a proporção de variância fenotípica atribuída ao efeito médio dos genes e, finalmente, orienta o melhorista sobre a quantidade da variância genética que é utilizável no melhoramento. Já a h_a^2 expressa o grau em que os fenótipos dos indivíduos são determinados pelos genótipos, sendo de interesse mais teórico do que prático.

Pela sua importância, a herdabilidade deve ser conhecida para a condução de um programa de melhoramento, e muitas decisões práticas são tomadas em função de sua magnitude. A predição do ganho com seleção antes de sua realização, servindo de subsídio para a definição da estratégia de seleção, é uma utilidade direta do valor da herdabilidade no sentido restrito (FEHR, 1987; RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993).

O coeficiente de herdabilidade, tanto no sentido restrito como no sentido amplo, pode variar de zero a um. No caso de $h^2 = 1$, as diferenças fenotípicas entre os indivíduos são causadas unicamente por diferenças genéticas entre os mesmos.

Quando $h^2 = 0$, significa que a variabilidade do caráter não tem origem genética. Neste caso, não existe correlação entre valor genético e valor fenotípico da

unidade de seleção (ALLARD, 1971). Segundo Stansfield (1974), valores de herdabilidade maiores que 0,5 são considerados altos, e valores compreendidos entre 0,2 e 0,5 e menores que 0,2 são considerados herdabilidades de valores médios e baixos, respectivamente.

Segundo Vencovsky (1969), o grau médio da dominância (GMD) também é um parâmetro importante, pois expressa as contribuições relativas aos efeitos aditivo e de dominância dos genes que controlam os caracteres.

No presente trabalho, o GMD e o número estimado de genes (η), envolvido no caráter estudado, foram estimados conforme Cruz e Regazzi (1994), pelas seguintes expressões:

$$\text{Grau médio de dominância baseado em variâncias: } GMD = \frac{d}{a} = \frac{\sqrt{2\alpha_D^2}}{\sqrt{\alpha_A^2}}$$

$$\text{Número mínimo de Genes: } \eta = \frac{R^2(1+0,5.GMD^2)}{8\alpha_G^2}$$

Em que:

R = amplitude entre as médias dos genitores ($R = P_1 - P_2$).

O ganho previsto por seleção (ΔG) foi calculado pela seguinte expressão:

$$\Delta G = D_s \times h_F^2,$$

$$D_s = \bar{X}_s - \bar{X}_o$$

Em que:

D_s = diferencial de seleção;

\bar{X}_s = média dos indivíduos selecionados em F_2 ;

\bar{X}_o = média observada da população F_2 ;

h_F^2 = herdabilidade restrita.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foi realizado o teste de qui-quadrado (χ^2) para testar a hipótese de herança monogênica, governado por 1 gene com dominância (3R:1S). O qui-quadrado calculado (χ_c^2) obtido em F₂ foi de 150,32, sendo maior que o qui-quadrado tabelado ($\chi_t^2 = 6,64$) ao nível de 1% de significância (Tabela 1). Logo, rejeita-se a hipótese formulada de herança monogênica, indicando que mais genes estão envolvidos no controle da característica de resistência a *M. incognita* do melão 'gaúcho redondo'.

Tabela 1. Número de plantas resistentes e suscetíveis das gerações e o teste do qui-quadrado (χ^2) em populações de *Cucumis melo* inoculadas com *Meloidogyne incognita*. UNESP-FCAV, Jaboticabal-SP, 2013.

Gerações	Nº de plantas			χ^2 calculado
	Total	Resistentes	Suscetíveis	
P ₁	26	26	0	
P ₂	29	0	29	
F ₁	30	2	28	
F ₂	209	80	129	150,32
RC ₁ P ₁	118	28	90	
RC ₁ P ₂	115	12	103	

χ_t^2 (1gl) = 6,64 ($\alpha = 1\%$)

As médias dos fatores de reprodução (FR) do nematoide, para os indivíduos parentais, foram contrastantes para a resistência ao *M. incognita* (Tabela 2). O parental melão gaúcho redondo (P₁) teve a reprodução do nematoide substancialmente reduzida, podendo ser caracterizado como resistente ao ataque do patógeno, enquanto o parental JAB 20 (P₂), ao contrário, foi suscetível.

A média do genitor P₁ (0,68) foi a menor em todas as gerações observadas, confirmando sua resistência ao nematoide. Além de menor média, o genitor P₁ apresentou a menor variância, provavelmente por ser o único genótipo resistente. Nas gerações F₁, F₂, RC₁P₁ e RC₁P₂, foram observados valores médios de fator de

reprodução do nematoide, próximos ao do genitor suscetível, indicando, dessa forma, maior suscetibilidade nessas gerações (Tabela 2).

A média dos genitores (2,80) foi menor que a média obtida na geração F₁ (3,66), ao passo que a média observada da geração F₂ (2,97) foi superior à média dos genitores, porém inferior à média da geração F₁ (Tabela 2). Com base nesses resultados, pode-se concluir que existe certo grau de dominância do(s) alelo(s) que confere a resistência a *M. incognita*.

Tabela 2. Número de plantas de melão inoculadas com *Meloidogyne incognita*, utilizadas por geração, e médias do fator de reprodução (FR) para número de ovos e juvenis (J2). UNESP-FCAV, Jaboticabal-SP, 2013.

Gerações	Nº de Plantas	Média de FR ⁽¹⁾	Variância	Desvio-Padrão
P ₁ ^(a)	26	0,68	0,44	0,66
P ₂ ^(b)	29	4,93	10,73	3,28
F ₁	30	3,66	4,79	2,19
F ₂	209	2,97	22,04	4,69
RC ₁ P ₁	118	2,81	6,42	2,53
RC ₁ P ₂	115	4,49	21,74	4,66

⁽¹⁾Valores baixos indicam níveis maiores de tolerância ao *Meloidogyne incognita*

^(a)Melão gaúcho redondo (resistente ao nematoide)

^(b)Linhagem de melão JAB 20 (susceptível ao nematoide)

Houve segregação transgressiva na geração F₂, tanto para a suscetibilidade, quanto para a resistência, sendo que algumas plantas apresentaram fator de reprodução máximo de 27,87, e outras plantas, com fator de reprodução mínimo de 0,08. Isto evidencia valores de média de fator de reprodução fora dos limites superiores e inferiores de resistência dos genitores, o que sugere ocorrência de epistasia.

Nota-se que a variância na geração F₂ foi superior à variância observada nos genitores (Tabela 2), o que pode ser explicado pela presença de plantas com valores de fator de reprodução altos, indicando alta suscetibilidade, bem como plantas de valores de fator de reprodução baixos, indicando resistência, além da presença de recombinação de genes característicos dessa geração.

A herança da característica de resistência ao nematoide pode ser definida como poligênica, tendo em vista ter sido estimada a presença de 6,07 genes no controle da mesma (Tabela 3).

A herdabilidade no sentido amplo foi de 76,91%, e no sentido restrito foi de 72,17%, indicando que a característica de resistência ao nematoide *M. incognita* é determinada em maior grau pela ação gênica aditiva, de modo que deve responder favoravelmente à seleção com base nos indivíduos de menores FR (Tabela 3). No entanto, sugere que existem pequenos efeitos de dominância e do ambiente, influenciando na característica em questão.

Neste estudo, o grau médio de dominância foi de 0,36, indicando interação alélica de dominância incompleta dos genes que conferem resistência ao nematoide no genitor P₁ (Tabela 3).

A variância genotípica observada na geração F₂ pode ser atribuída principalmente aos efeitos de aditividade dos genes, já que as estimativas de variância deste efeito foram substancialmente maiores que a variância de dominância (Tabela 3). Pode-se observar, também, que o ganho previsto por seleção na geração F₂, com base nas plantas superiores quanto à resistência ao nematoide, é de -63,99% (Tabela 3), sendo que o valor negativo indica que a seleção ocorre para os menores valores de fator de reprodução do nematoide, cuja média predita para o primeiro ciclo após seleção em F₂ é de 1,07 de FR.

Tabela 3. Estimativas dos parâmetros genéticos obtidos mediante análise das variâncias para resistência a *Meloidogyne incognita* na população F₂. UNESP-FCAV, Jaboticabal-SP, 2013.

Parâmetros genéticos	Estimativas
Variância fenotípica	22,04
Variância ambiental	5,09
Variância genotípica	16,95
Variância aditiva	15,90
Variância de dominância	1,05
Herdabilidade ampla (%)	76,91
Herdabilidade restrita (%)	72,17
Grau médio de dominância	0,36 (Dominância incompleta)
Número de genes	6,07
Ganho previsto por seleção (%)	- 63,99

Os efeitos genéticos, envolvidos na herança da resistência ao nematoide, observados neste estudo, podem ser explicados em grande parte pelo modelo aditivo-dominante, representado pelo somatório dos efeitos da média (m), da ação gênica aditiva (a) e de dominância (d), uma vez que a correlação entre as médias estimadas pelo modelo e as médias obtidas nas gerações foi alta ($r = 0,9745$) (Tabela 4).

O uso do modelo genético aditivo-dominante, nesse estudo, foi satisfatório para explicar o comportamento da média das gerações, em relação ao fator de reprodução (FR) do nematoide.

Tabela 4. Componentes de médias observadas e esperadas das gerações, de acordo com o modelo aditivo-dominante (m= média dos genitores; a= efeitos genéticos aditivos; d= efeitos genéticos de dominância), para os valores de fator de reprodução (FR), em populações de *Cucumis melo* inoculadas com *Meloidogyne incognita*. UNESP-FCAV, Jaboticabal-SP, 2013.

Gerações	Média Observada (\bar{X}_{obs})	Média Esperada (\bar{X}_{esp})
P ₁	0,675	0,681
P ₂	4,933	4,696
F ₁ (P ₁ X P ₂)	3,657	4,055
F ₂ (F ₁ X F ₁)	2,974	3,371
RC ₁ P ₁ (F ₁ XP ₁)	2,811	2,367
RC ₁ P ₂ (F ₁ XP ₂)	4,488	4,375
$r(\bar{X}_{obs}; \bar{X}_{esp}) = 0,9745$		
$R^2 = 0,9497$		

No modelo aditivo-dominante, a média foi o componente de maior efeito, explicando cerca de 60,75% da variabilidade observada. A estimativa do efeito genético de aditividade foi superior ao de dominância (a = 33,96% e d = 5,29%), de acordo com a decomposição não ortogonal da soma de quadrados ajustada de parâmetros estimados (m, a e d) para FR, segundo o modelo aditivo-dominante (Tabela 5). Dessa forma, a porção genética aditiva envolvida na característica estudada é expressiva, de modo que esta responderia positivamente à seleção com base no fenótipo nas gerações segregantes.

Tabela 5. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados (SQ) e coeficiente de determinação (R^2) dos parâmetros (m, a, d) para o modelo aditivo-dominante, com base nas médias de fator de reprodução (FR) das seis gerações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1P_1 e RC_1P_2), em populações de *Cucumis melo* inoculadas com *Meloidogyne incognita*. UNESP-FCAV, Jaboticabal-SP, 2013.

Fonte de variação	SQ	R^2 (%)
m/a,d (média)	120,20	60,75
a/m,d(efeito aditivo)	67,20	33,96
d/m,a(efeito dominante)	10,47	5,29
Total	197,87	100%

Os efeitos genético de aditividade, foi o único significativo de acordo com o teste t para o modelo completo (aditivo-dominante-epistático), onde evidencia a possibilidade de obtenção de materiais homozigóticos superiores, por meio de seleção a partir da geração F_2 , e que os ganhos nos ciclos de seleção serão satisfatórios, uma vez que o componente de natureza aditiva é de elevada magnitude (Tabela 6).

Tabela 6. Estimativa dos parâmetros genéticos, variâncias e teste t para o modelo completo (aditivo-dominante-epistático), ajustado com base nas médias de fator de reprodução (FR) das seis gerações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1P_1 e RC_1P_2), em populações de *Cucumis melo* inoculadas com *Meloidogyne incognita*. UNESP-FCAV, Jaboticabal-SP, 2013.

Efeito genético	Estimativa	Variância	t
m (média)	0,1008	2,7475	0,0608 ^{ns}
a (efeito aditivo)	-2,1288	0,0929	-6,9823 ^{**}
d (efeito dominante)	7,9365	16,4526	1,9566 ^{ns}
aa (aditivo-aditivo)	2,7038	2,6546	1,6595 ^{ns}
ad (aditivo-dominante)	0,9029	1,3394	0,7802 ^{ns}
dd (dominante-dominante)	-4,3799	6,5675	-1,7091 ^{ns}

^{ns} Não-significativo

^{**} Significativo a 5% e a 1% de probabilidade

Também foi verificado, quando da utilização do modelo completo, representado pela soma dos efeitos da média (m), aditivo (a) e de dominância (d), e de suas interações (aa, ad, dd), que o efeito de epistasia contribuiu com 10,67% (R^2) da variabilidade total. Deste total, a maior contribuição deveu-se às epistasias dos tipos aditivo-aditivo (aa), com 4,68%, e dominante-dominante (dd), com 4,96% da variabilidade total (Tabela 7).

Tabela 7. Decomposição não ortogonal da soma de quadrados (SQ) e coeficiente de determinação (R^2) dos parâmetros (m, a, d, aa, ad, dd) para o modelo completo, com base nas médias de fator de reprodução (FR) das seis gerações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1P_1 e RC_1P_2), em populações de *Cucumis melo* inoculadas com *Meloidogyne incognita*. UNESP-FCAV, Jaboticabal-SP, 2013.

Fonte de variação	SQ	R^2 (%)
m/a,d,aa,ad,dd (média)	0,0369	0,0063
a/m,d,aa,ad,dd (efeito aditivo)	48,7534	82,8166
d/m,a,aa,ad,dd (efeito dominante)	3,8284	6,5033
Total	52,6187	89,3262
aa/m,a,d,ad,dd (aditivo-aditivo)	2,7539	4,6779
ad/m,a,d,aa,dd (aditivo-dominante)	0,6087	1,0339
dd/m,a,d,aa,ad (dominante-dominante)	2,9211	4,9619
Total de epistasia	6,2837	10,6737

Em relação à literatura consultada, não foram encontradas referências para o controle genético da resistência a *M. incognita* na cultura do melão, o que evidencia, além de seu pioneirismo, a importância dos resultados aqui apresentados sobre o assunto.

5 CONCLUSÕES

1. Foi verificado efeito aditivo dos genes que controlam a característica de resistência, indicando, dessa forma, resposta favorável ao processo de seleção com base no fenótipo.
2. O controle genético da resistência a *M. incognita*, em *C. melo* L., é de caráter poligênico, governado por seis locos gênicos, com dominância incompleta do alelo de resistência e com a presença de interação gênica de epistasia entre os genes.
3. Observou-se segregação transgressiva na geração F₂ para resistência a *M. incognita*, possibilitando, dessa forma, seleção de progênies altamente resistentes.

6 REFERÊNCIAS

ABAD P.; CASTAGNONE-SERENO P.; ROSSO M. N.; ENGLER, J. A.; FAVERY, B. Invasion, feeding and development. In: PERRY R.; MOENS, M.; STARR, J. L.(Ed.). **Root-knot Nematodes**. Cambridge, USA, CABI International, 2009. p.163-181.

ALBUQUERQUE, A. C.; NASS, L. L. **Informe nacional sobre a situação dos recursos fitogenéticos para a alimentação e a agricultura do Brasil**. Brasília-DF: MAPA, 2008. cap. 5, 155 p.

ALLARD, R. W. **Princípios de melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgard Blücher, 1971. 381p.

BATES, R.; ROBINSON, W. R. Evaluation of restriction fragment length polymorphisms in Cucumis melo. **Theoretical Applied Genetics**, Stuttgart, v. 83, n. 2, p. 379-384, 1995.

BISOGNIN, D. A. Origin and evolution of cultivated cucurbits. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.32, n.5, p.715-723, 2002.

BOERMA, H. R.; HUSSEY, R. S. Breeding plants for resistance to nematodes. **Journal of Nematology**, Florida, v. 24, n. 2, p. 242-252, 1992.

BONETTI, S. I.; FERRAZ, S. Modificações do método de Hussey & Barker para extração de ovos de *Meloidogyne exigua* de raízes de cafeeiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 6, n. 3, p. 553, 1981.

CAMARGO, A. M. M. P.; CAMARGO, F. P.; CAMARGO FILHO, W. P. Distribuição Geográfica da Produção de Hortaliças no Estado de São Paulo: participação no País, concentração regional e evolução no período 1996-2006. **Informações Econômicas**, São Paulo, v.38, n. 1, p. 28-35, 2008.

CASTELLANE, P. D.; ARAÚJO, J. A. C. **Cultivo sem solo: hidroponia**. Jaboticabal: Funep, 1994. 43 p.

CHEN, J. F., ADELBERG, J. Interspecific hybridization in Cucumis-progress, problems, and perspectives. **HortScience**, v. 35, n. 1, p. 11-15, 2000.

COSTA, C. P. DA.; JONES, C. M. Cucumber beetle resistance and mite susceptibility controlled by the bitter gene in *Cucumis sativus* (L.). **Science**, v. 172, n. 3988, p. 1145-1146, 1971.

COYNE, D. L.; NICOL, J. M.; CLAUDIUS-COLE, B. 2007. **Nematologia prática: Um guia de campo e de laboratório**. Cotonou, Benin, 2007. 93 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1994. 390 p.

EISENBACK, J. D.; TRIANTAPHYLLOU, H. H. Root-knot nematode: *Meloidogyne spp.* and races. In: NICKLE, W. R. (Ed). **Manual of agricultural nematology**. New York, USA, 1991. p. 191-274.

EISENBACK, J. D.; HIRSCHMANN, H.; SASSER, J. N.; TRIANTAPHYLLOU, A. C. **A guide to the four most common species of root-knot nematodes (*Meloidogyne species*) with a pictorial key**. Raleigh: The Departments of Plant Pathology and Genetics of North Carolina State University and United States Agency for International Development, 1981. 48p.

EMBRAPA. **Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária**. Disponível em: <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Melao/SistemaProducaoMelao/index.html>. Acesso em 17 maio de 2013.

ENGELS, J. M.; ARORA, R. K.; GUARINO L. **An introduction to germplasm exploration and collection: Planning, methods and procedures. A global follow-up**. IPGRI, Rome, Italy, 1996. cap. 3, p. 31-63.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. Edinburgh: Longman Group Ltda., 1996. 463 p.

FANCELLI, M. Resistência e alternativas de controle de pragas. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO SOBRE BANANICULTURA, 5., 2003, Paracatu. **Anais...** Cruz das Almas: Gráfica e Editora Nova Civilização, 2003. p.127-133.

FAO. **Food and Agriculture Organization of The United Nations**. Disponível em: <http://faostat3.fao.org/home/index.html#VISUALIZE>. Acesso em: 16 maio 2013.

FASKE, T. R. Penetration, post - penetration development, and reproduction of *Meloidogyne incognita* on *Cucumis melo* var. *texanus*. **Journal of Nematology**, Hanover, v. 45, n. 1, p. 58-65, 2013.

FASSULIOTIS, G. Resistance of *Cucumis* spp. to the root-knot nematode, *Meloidogyne incognita acrita*. **Journal of Nematology**, Hanover, v. 2, n. 2, p. 174-178, 1970.

FASSULIOTIS, G. Self-fertilization of *Cucumis metuliferus* Naud. and its cross-compatibility with *C. melo* L. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 102, p. 336-339, 1977.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan Publishing Company, 1987. 536p.

FERY, R. L.; DUKES, P. D. The inheritance of resistance to the Southern root-knot nematode in 'Carolina Hot' Cayenne Peper. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 121. n. 6, p. 1024-1027, 1996.

FILHO, J. L. S. C.; GOMES, L. A. A.; WESTERICH, J. N.; MALUF, W. R.; CAMPOS, V. P.; FERREIRA, S. Inheritance of resistance of 'salinas 88' lettuce to the root-knot nematode *Meloidogyne incognita* (Kofoid & White). **Revista Brasileira Agrociência**, Pelotas, v. 14, n. 2, p. 279-289, 2008.

HAYNES, R. L.; JONES, C. M. Effects of the Bi locus in cucumber on reproduction, attraction and response of the plant to infection by the southern root-knot nematode. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 101, p. 422-424, 1976.

HUSSEY, R. S.; BARKER, K. R. A Comparison of methods of collecting inocula of *Meloidogyne* spp. including a new technique. **Plant Disease Reporter**, Saint Paul, v. 57, p. 1025-1028, 1973.

IBGE. **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/listabl.asp?c=1612&z=p&o=20>. Acesso em 17 maio de 2013.

IBRAF. **Instituto Brasileiro de Frutas**. Disponível em: http://www.ibraf.org.br/estatisticas/Exporta%C3%A7%C3%A3o/Comparativo_das_Ex

porta%C3%A7%C3%B5es_Brasileiras_de_Frutas_frescas_2010-2009.pdf. Acesso em 17 maio de 2013.

ITO, L. A.; GAION, L. A.; GALATTI, F. S.; BRAZ, L. T.; SANTOS, J. M. Resistência a *Meloidogyne incognita* em genótipos de cucurbitáceas. In: Horticultura Brasileira, v. 29, n. 2, 2011, Viçosa. **Anais...Viçosa: ABH, 2011.p. 1320-1326.**

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

KERJE, T.; GRUM, M. The origin of melon, *Cucumis melo*: a review of the literature. **Acta Horticulture**, The Hague, n.510, p.37-44, 2000.

MAI, W. F.; ABAWI, G. S. Interactions among root-knot nematodes and *Fusarium* wilt fungi on host plants. **Annual Reviews Phytopathology**, v. 25, p. 317-338, 1987.

MALLICK, M. F. R.; MASUI, M. Origin, distribution and taxonomy of melos. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 28, n. 3, p. 251-261, 1986.

MENEZES, J. B.; FILGUEIRAS, H. A. C.; ALVES, R. E.; MAIA, C. E.; ANDRADE, G. G. de; ALMEIDA, J. H. S. de; VIANA, F. M. P. Características do melão para exportação. In: Alves, R. E. (Ed). **Melão: pós-colheita**. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnológica, 2000. cap.2, p. 13-22.

MLIKI, A.; STAUB, J. E.; SUN, Z. Y.; GHORBEL, A. Genetic diversity in melon (*Cucumis melo* L.): an evaluation of African germplasm. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v.48, n. 6, p.587-597, 2001.

MOENS, M.; PERRY, R. N.; JAMES, L. S. *Meloidogyne* Species- a diverse group of novel and importante plant parasites. In: PERRY R.; MOENS, M.; STARR, J. L. (Ed.). **Root-knot nematodes**. Texas: CAB Internacional, 2009. p. 1-13.

MOURA, R. M. O gênero *Meloidogyne* e a meloidoginose: Parte II. In: FERNANDES, J. M.; PRESTES, A. M.; PICININI, E. C. **Revisão anual de patologia de plantas**. Passo Fundo: RAPP, 1997. v. 5, p. 281-315.

NORTON, J. D.; GRANBERRY, D. M. Characteristics of progeny from na interspecific cross of *Cucumis melo* with *C. metuliferus*. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 105, p. 174-180, 1980.

NUGENT, P. E.; DUKES, P. D. Root-knot nematode resistance in *Cucumis* species. **HortScience**, v. 32, n. 5, p. 880-881, 1997.

OLIVEIRA, S. K. L. **Viabilidade e armazenamento de grãos de pólen de cultivares de meloeiro (*Cucumis melo* L.)**. 2009. 66 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia- Fitotecnia) – Universidades Federal Rural do Semiárido, Mossoró-RN, 2009.

OLIVEIRA, C. D. **Enxertia de plantas de pimentão em *Capsicum* spp. no mabejo de nematóides de galha**. 2007. 134 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2007.

OOSTENBRINK, M. Major characteristics of the relation between nematodes and plants. **Mededelingen Landbouwhogeschool**, Wageningen, v. 66, n. 4, p.1-46, 1966.

PAIVA, W. O.; LIMA, J. A. A.; BUSO, G. S. C.; SANTOS, A. A.; FILGUEIRAS, H. A. C.; MOSCA, J. L.; DINIZ, F. O.; FILHO, A. B. C.; SOUZA, L. C. **Melhoramento genético do melão cantaloupe na Embrapa Agroindústria Tropical**. Fortaleza: 2004, 75 p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 21).

PINHEIRO, J. B.; AMARO, G. B. **Ocorrência e controle de nematoides nas principais espécies cultivadas de cucurbitáceas**. Brasília-DF: Embrapa: CNPH, 2010. 7 p. (Embrapa-CNPH. Circular Técnica, 88).

RAIJ, B. V; CANTARELLA, J. A.; QUAGGIO, R.; FURLANI, A. M. C. **Recomendação de adubação e calagem para o Estado de São Paulo**. 2. ed. Campinas: Instituto Agrônomo, 1997. 279 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. **Genética Quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: UFG, 1993. 272 p.

RIZZO, A. A. N.; BRAZ, L. T. Características de cultivares de melão rendilhado cultivadas em casa de vegetação. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 19, n. 3, p. 237-240, 2001.

ROBINSON, R. W.; DECKER-WALTERS, D. S. **Cucurbits**. New York: Cab International, 1997, 226 p.

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

SECEX. **Balança comercial**. Disponível em: <http://www.desenvolvimento.gov.br>>. Acesso em: 09 junho 2013.

SIDHU, G.; WEBSTER, J. M. Genetic control of resistance in tomato i. identification of genes for host resistance to *Meloidogyne incognita*. **Nematologica**, Leiden, v.19, n.4, 1973. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1163/187529273X00565>>.

STEPANSKY, A.; KOVALSKI, I.; PERL-TREVES, R. Intraspecific classification of melons (*Cucumis melo*) in view of their phenotypic and molecular variation. **Plant Systemic Evolution**, v.217, n.2, p.313-332, 1999.

SOBRINHO-SOUZA, F.; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; CAMPOS, V. P.; Inheritance of resistance to *Meloidogyne incognita* race 2 in the hot pepper cultivar Carolina Cayenne (*Capsicum annuum* L.). **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 1, n. 3, p. 271-279, 2002.

SOUTHEY, J.F. **Laboratory for work with plant and soil nematodes**, 5 ed. London: Minist. Agric. Fisch. Fd., 1970.148 p.

STANSFIELD, W. D. **Genética**. São Paulo: McGraw-Hill do Brasil, 1974. 958 p.

TIHOHOD, D.; SANTOS, J. M.; FOGLI, M. G. R. *Meloidogyne* spp. limita a produção de melão (*Cucumis melo* L.) na região de Açú, RN. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE NEMATOLOGIA, 17., 1993, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: SBN, 1993. p. 92.

TAYLOR, D. T.; SASSES, J. N. **Biología, identificación y control de los nematodos de nódulo de la raíz (*Meloidogyne* species)**, Raleigh: Universidad del Estado de Carolina del Norte, 1983. 111 p.

TAYLOR, A. L.; NETSCHER, C. An improved technique for preparing perineal patterns of *Meloidogyne* spp. **Nematologica**, Leiden, v. 20, n. 2, p. 268-269, 1974.

VENCOVSKY, R. **Análise de cruzamentos dialélicos entre variedades pelo método de Gardner e Eberhart**. Piracicaba: ESALQ, 1969. p. 99-111.

WALTERS, S. A.; WEHNER, T. C.; DAYKIN, M. E.; BAKER, K. R. Penetration rates of root-knot nematodes into *Cucumis sativus* and *C. metuliferus* roots and subsequent histological changes. **Nematropica**, Florida, v. 36, n. 6, p. 231-242, 2006.

WARNER, D. N. A method for estimating heritability. **Agronomy Journal**, Madison, v. 44, n. 8, p. 427-430, 1952.

WEHNER, T. C.; WALTERS, S. A., BARKER, K. R. Resistance to root-knot nematodes in cucumber and horned cucumber. **Journal of Nematology**, Hanover, v. 23, n. 6, p. 611-614, 1991.

WHITEHEAD, A. G. **Plant nematode control**. New York: CAB International, 1998. 363 p.

ZAMBOLIM, L.; COSTA, H.; LOPES, C. A.; VALE, F. X. R. DO. Doenças de hortaliças em cultivo protegido. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 20, n. 200/201, p. 114-125, 1999.

ZASADA, I. A.; FERRIS, H.; ZHENG, L. Plant sources of Chinese herbal remedies: Laboratory efficacy, suppression of *Meloidogyne javanica* in soil, and phytotoxicity assays. **Journal of Nematology**, Lakeland, v. 34, n. 2, p.124-129, 2002.

ZHANG, Y. X. **Study on inheritance and molecular markers of resistance to the root-knot nematode (*Meloidogyne incognita*) in cucumber introgression lines**. 2011. Dissertação (Mestrado em Olericultura)- Nanjing Agricultural College, 2011.