

LINDOMAR MARIA DA SILVEIRA

**LEVANTAMENTO SOROLÓGICO DE VÍRUS EM CUCURBITÁCEAS NA  
REGIÃO DO SUBMÉDIO SÃO FRANCISCO E DETERMINAÇÃO DE  
FONTES E HERANÇA DE RESISTÊNCIA EM MELANCIA A ESPÉCIES DE  
POTYVÍRUS**

MOSSORÓ-RN  
2008

# **Livros Grátis**

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

LINDOMAR MARIA DA SILVEIRA

**LEVANTAMENTO SOROLÓGICO DE VÍRUS EM CUCURBITÁCEAS NA  
REGIÃO DO SUBMÉDIO SÃO FRANCISCO E DETERMINAÇÃO DE  
FONTES E HERANÇA DE RESISTÊNCIA EM MELANCIA A ESPÉCIES DE  
POTYVÍRUS**

Tese apresentada à Universidade Federal Rural do  
Semi-Árido como parte das exigências para  
obtenção do título de Doutor em Agronomia:  
Fitotecnia.

ORIENTADOR:

Prof. PhD. MANOEL ABILIO DE QUEIRÓZ

MOSSORÓ-RN  
2008

**Ficha catalográfica preparada pelo setor de classificação e  
catalogação da Biblioteca “Orlando Teixeira” da UFERSA**

- S5871 Silveira, Lindomar Maria da.  
Levantamento sorológico de vírus em cucurbitáceas na região do  
Submédio São Francisco e determinação de fontes e herança de  
resistência em melancia a espécies de potyvírus. / Lindomar Maria  
da Silveira. -- Mossoró: 2008.  
129f.: il.
- Tese (Doutorado em Fitotecnia: área de concentração em  
Agricultura Tropical) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido.  
Pró-Reitoria de Pós-Graduação.
- Orientador: Prof.º PhD. Manoel Abilio de Queiróz
- 1.*Citrullus lanatus*. 2.PRSV-W. 3.WMV. 4.Herança da  
resistência. Título.
- CDD:635.615

LINDOMAR MARIA DA SILVEIRA

**LEVANTAMENTO SOROLÓGICO DE VÍRUS EM CUCURBITÁCEAS NA  
REGIÃO DO SUBMÉDIO SÃO FRANCISCO E DETERMINAÇÃO DE  
FONTES E HERANÇA DE RESISTÊNCIA EM MELANCIA A ESPÉCIES DE  
POTYVÍRUS**

Tese apresentada à Universidade Federal Rural do  
Semi-Árido como parte das exigências para  
obtenção do título de Doutor em Agronomia:  
Fitotecnia.

APROVADA EM: \_\_\_\_/\_\_\_\_/\_\_\_\_

---

Prof. PhD. Manoel Abilio de Queiróz – UFERSA  
Orientador

---

Prof. D.Sc. Maria Zuleide de Negreiros – UFERSA  
Conselheira

---

Prof. D.Sc. Rui Sales Junior – UFERSA  
Conselheiro

---

Prof. PhD. José Albérico de Araújo Lima – UFC  
Membro externo

---

Prof. PhD. Gilvan Pio Ribeiro – UFRPE  
Membro externo

MOSSORÓ-RN  
2008

*A meus pais Evaldo e Francisca. A meus irmãos, Liduina, Linardo, Lidineide, Leandro e Lindinalva e Sobrinhos, Felipe, Henrique e Marinara, pela confiança e incentivo, me impulsionando a levantar independente do tamanho do tombo e por representar um porto seguro para onde tenho certeza de que poderei sempre voltar.*

*A Aurélio, meu noivo, amigo e eterno namorado, por entender as ausências e estar sempre presente, me apoiando de forma incondicional, mesmo quando distâncias físicas insistiram em nos separar.*

**Dedico**

*Ao Professor Manoel Abílio, orientador, amigo e mestre, a quem a palavra PROFESSOR pode ser atribuída com todo o seu significado, pois ensina com CIÊNCIA, ARTE E TÉCNICA.*

**Ofereço**

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo amparo nas horas difíceis, pela força para superar obstáculos e por permitir utilizar os erros como ferramenta para aprendizagem, seguindo sempre em frente.

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

À Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFERSA, pelo oferecimento do Curso de Doutorado em Agronomia: Fitotecnia.

À Embrapa Semi-Árido, pelo fornecimento do Germoplasma utilizado para o desenvolvimento dos trabalhos.

Ao Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais da Universidade do Estado da Bahia – UNEB/DTCS, por disponibilizar suas dependências para o desenvolvimento dos trabalhos de campo.

Ao Laboratório de Virologia Vegetal da Universidade Federal do Ceará pelo Espaço cedido para o desenvolvimento dos experimentos de casa de vegetação.

Ao Professor Manoel Abílio de Queiróz, pela confiança, estímulo, exemplo, profissionalismo e principalmente pelas experiências compartilhadas, que me ajudaram a compreender que a Vitória quando conquistada por méritos próprios tem mais valor.

Ao Professor José Albérico de Araújo Lima, pela atenção, conhecimentos transmitidos e valiosas sugestões.

Ao Professor Glauber Henrique de Sousa Nunes, pela atenção dispensada e pelo valioso auxílio nas análises estatísticas.

A Professora Maria Zuleide de Negreiros, pelo apoio, confiança, incentivo e disponibilidade para ajudar em todos os momentos.

Ao professor Francisco Bezerra Neto, por estar sempre pronto a prestar socorro nas horas mais complicadas.



A Professora Andréia, pela participação na Banca de Qualificação e valiosas sugestões para melhoria do trabalho.

Aos amigos e colegas de trabalho, Aline, Everton, Izaías e Luciene, que além a amizade estiveram sempre dispostos a colaborar com o desenvolvimento dos trabalhos.

A seu Gilberto e Joelson pela valiosa ajuda no desenvolvimento dos trabalhos de campo.

Aos colegas do Laboratório de Virologia Vegetal, Fatinha, Ana Lúcia, Marilene, Luiz, Nilce e Cezar. Aos bolsistas de Iniciação Científica da UNEB/DTCS, Ronaldo, Oscar, Márcia e Aline pelo companheirismo e agradável convivência.

Aos meus pais, Evaldo e Francisca e irmãos Liduina, Linardo, Lidineide, Leandro e Lindinalva pela confiança e incentivo, me impulsionando a levantar independente do tamanho do tombo.

A minha tia Lourdes, minha Amiga Sheyla, Rafaela e o pequeno Bernardo, a quem mesmo não apresentando laços sanguíneos posso chamar de família, pela confiança e pela torcida.

A Aurélio Júnior, amigo, noivo e companheiro. Um dos melhores presentes que já aconteceram na minha vida.

A seu Aurélio, dona Yvoni, Nézia, Geraldo e Flávio por me acolherem em sua casa, me oferecendo não apenas um teto, mas me fazendo sentir um membro da família.

Às amigas e colegas de curso, Marilene, Renata, Elizângela e Jailma pelo companheirismo, pelo ombro nas horas de desespero e pela agradável convivência.

À amiga Analice, companheira de república pelo companheirismo e agradável convivência num momento bem complicado.

A seu Antônio, anjo da guarda de muitos, sempre disposto a prestar socorro e ajudar a encontrar soluções.

E como diz a letra de uma música que ouvi: "...sonho que se sonha só, é só um sonho que se sonha só. Mas sonho que se sonha junto é realidade...". Com certeza,

esse sonho não seria possível sem a participação de muita gente. Sendo assim, a todos que, direta e indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

Muito obrigada!

*O Senhor é meu pastor e nada me faltará: Ele faz descansar em campinas verdejantes e me leva a águas tranqüilas. O eterno me dá novas forças, e me guia no caminho certo. Ainda que eu caminhe por vale escuro como a própria morte, não temerei. Pois Deus está comigo, tu me proteges e me diriges, Preparas um banquete para mim na presença dos meus inimigos, sou teu convidado de honra e enches meu copo até a borda. Sei que a tua bondade e o teu perdão estarão comigo enquanto eu viver. E todos os dias da minha vida morarei na tua casa.*

**(Salmo 23)**

## **BIOGRAFIA**

LINDOMAR MARIA DA SILVEIRA, filha de Evaldo Napolião da Silveira e Francisca Maria da Silveira, nascida no dia 30 julho de 1975 em Mauriti (CE), ingressou no curso de Engenharia Agrônômica da Universidade do Estado na Bahia – UNEB, concluindo o curso em 2002. Em fevereiro do mesmo ano ingressou no curso de Mestrado em Agronomia: Fitotecnia, da antiga Escola Superior de Agricultura de Mossoró - ESAM, atualmente Universidade Federal Rural do Semi-Árido-UFERSA, como bolsista da CAPES, recebendo o grau de mestre em fevereiro de 2004. Em 2005 ingressou no Doutorado em Agronomia: Fitotecnia da UFERSA.

## RESUMO

SILVEIRA, Lindomar Maria. **Levantamento sorológico de vírus em cucurbitáceas na região do Submédio São Francisco e determinação de fontes e herança de resistência em melancia a espécies de potyvirus.** 126f. Tese (Doutorado em Agronomia: Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró-RN, 2008.

A melancia é uma das cinco hortaliças mais importantes no Brasil com uma área plantada em torno dos 82.000 ha e uma produção de frutos de 1.850 mil t gerando um agronegócio de cerca de 500 milhões de reais. No entanto, as cultivares disponíveis são suscetíveis às principais doenças que atacam a cultura, principalmente as viroses. Com o objetivo de obter informações sobre os vírus que ocorrem em cucurbitáceas na região do Submédio São Francisco foram coletadas amostras de folhas e frutos de forma sistemática por cinco anos consecutivos em campos de melancia e outras espécies de cucurbitáceas afetados por viroses na região, as quais foram analisadas em laboratório. Mais de mil amostras foram avaliadas para os potyvirus vírus da mancha anelar do mamoeiro estirpe melancia (*Papaya ring spot virus*, type watermelon - PRSV-W), vírus do mosaico da melancia (*Watermelon mosaic virus* - WMV) e vírus do mosaico amarelo da abobrinha de moita (*Zucchini yellow mosaic virus* - ZYMV), o cucumovirus vírus do mosaico do pepino (*Cucumber mosaic virus* - CMV) e o comovirus vírus do mosaico da abóbora (*Squash mosaic virus* - SqMV). As avaliações foram feitas no Laboratório de Virologia Vegetal da Universidade Federal do Ceará (LabVVeg/UFC) em Fortaleza-CE utilizando-se o teste de ELISA indireto contra anticorpos específicos para os respectivos vírus. Os potyvirus predominaram em 99% das coletas nas áreas amostradas e ocorreram de forma simultânea e consistentemente em todos os anos considerados, indicando que um programa de melhoramento para resistência a viroses nessa região deve considerar esses três vírus. As fontes de resistência utilizadas foram provenientes dos seguintes acessos de melancia: para PRSV-W, 91-080 e 87-019; para WMV, 87-019, 91-043 e PI 244019 e para o ZYMV, 87-029. Essas progênies foram obtidas através de autofecundação e caracterizadas morfológicamente utilizando-se os descritores cor externa e interna, teor de sólidos solúveis (°Brix) e formato. A cada ciclo de seleção as fontes foram avaliadas em condições controladas mediante inoculação artificial de isolados puros dos vírus no LabVVeg/UFC e em campo na presença de vetores e dos vírus no Campo Experimental do DTCS/UNEB em Juazeiro-BA. Durante as avaliações de campo, foram realizadas coletas de folhas e frutos, de plantas com e sem sintomas de viroses, para serem avaliadas em laboratório por ELISA indireto permitindo observar a

ocorrência dos vírus em campo, bem como se as plantas selecionadas em condições controladas mantinham a resistência observada na fase juvenil. Foram realizados cruzamentos entre a cultivar comercial Crimson Sweet (CS), suscetível aos três potyvírus e a fonte L26, proveniente do acesso PI 244019, resistente a PRSV-W e WMV para obtenção da população  $F_1$  e populações segregantes ( $F_2$ ,  $RC_{11}$  e  $RC_{21}$ ), para estudos de herança. Foram inoculados dois conjuntos de populações, um para cada vírus. Realizou-se avaliação sintomatológica através de escala de notas, bem como avaliação sorológica contra anti-soros específicos para os respectivos vírus através do teste ELISA indireto. A hipótese de herança monogênica foi testada sob diferentes graus médios de dominância bem como, pelo método da máxima verossimilhança. As estimativas das variâncias das populações  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_{11}$  e  $RC_{21}$  foram utilizadas para obtenção das variâncias genética ( $\sigma^2_G$ ), ambiental ( $\sigma^2_E$ ), fenotípica ( $\sigma^2_{F2}$ ), aditiva ( $\sigma^2_A$ ) e de dominância ( $\sigma^2_D$ ) e das herdabilidades no sentido amplo ( $h^2_a$ ) e restrito ( $h^2_r$ ). Para as avaliações foram consideradas três variáveis (nota de sintomas, absorvância e nota de absorvância). As linhas avaliadas apresentaram variabilidade para cor externa (verde claro, verde médio e verde escuro com e sem listras), cor interna (branca, branca com rosa em volta das sementes, amarela, amarela com rosa em volta das sementes, rosa claro e intenso e vermelho), teor de sólidos solúveis (2,0 a 7,6° Brix) e formato (frutos arredondados e alongados), indicando a possibilidade de se selecionar linhas resistentes a PRSV-W, WMV e ZYMV para atender a diferentes mercados. Foram selecionadas vinte e seis linhas com frequência elevada de plantas livres de vírus (sete para PRSV-W, sete para WMV e 12 para ZYMV), podendo as mesmas serem utilizadas em programas de melhoramento de melancia para resistência a esses vírus na região do Submédio São Francisco. Quando se estudou uma das linhas obtidas, L26, a distribuição de frequência de plantas resistentes nas populações segregantes para PRSV-W e WMV diferiram de uma distribuição baseada em herança monogênica para todos os graus médios de dominância presumidos, de modo que a hipótese de herança monogênica foi rejeitada tanto para resistência a PRSV-W quanto para WMV, mostrando que essa característica é controlada por mais de um gene maior com a presença de modificadores. O modelo aditivo-dominante foi adequado para explicar o tipo de ação gênica envolvida, e, portanto, os efeitos epistáticos não foram importantes na expressão da resistência. Para PRSV-W e WMV, a estimativa do grau médio de dominância indicou efeito de dominância completa. As herdabilidades, considerando as três variáveis analisadas, no sentido amplo foram altas para PRSV-W (66; 57 e 80%), porém, baixas para WMV (14; 7 e 4%). Esperam-se ganhos genéticos com a seleção de plantas resistentes em populações segregantes provenientes do cruzamento de CS com L26 maiores para PRSV-W do que para WMV, uma vez que neste último a influência ambiental foi bem mais acentuada.

**Palavras-chave:** *Citrullus lanatus*, PRSV-W, WMV, ZYMV, Herança da resistência.

SILVEIRA, Lindomar Maria da. **Serological survey of virus in cucurbits in the Lower Middle São Francisco River Basin and determination sources and resistance inheritance in watermelon to same potyvirus species.** 126 l. Thesis (D.Sc. in Agronomy: Plant Science) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró-RN, 2008.

The watermelon is one of the five vegetables most important in the country and has an area of 80,000 hectares and fruit production of 1,850 thousand which gives rise to an agribusiness of \$ 277 millions. However, the available cultivars are susceptible to the main watermelon diseases, particularly viruses. In order to get information about the cucurbit viruses in the Lower Submiddle São Francisco River Basin leaf and fruit samples of different cucurbit species were collected, systematically during five years. More than one thousand of samples were evaluated for the *Papaya ring spot virus* type watermelon – PRSV-W, *watermelon mosaic virus* – WMV, *Zucchini yellow mosaic virus* – ZYMV, *Cucumber mosaic virus* – CMV and *Squash mosaic virus* – SqMV. The evaluations were carried out in the Laboratory of Plant Virology at the Federal University of Ceará (LabVVeg/UFC) in Fortaleza-CE using indirect Enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA). The potyviruses PRSV-W, WMV and ZYMV were predominant in 99% of the collected samples and they occurred simultaneously and consistently in all the years considered, indicating that a cucurbit breeding program for resistance to potyviruses must consider the viruses. For this reason, in order to select advanced watermelon lines with high homozygosity for the three potyviruses, progenies from promising accessions of the Watermelon Germplasm Bank were chosen. The sources of resistance to PRSV-W came from 91-080 and 87-019; the sources of resistance to WMV came from the accessions 87-019, 91-43 and PI 244019 and the sources of resistance to ZYMV came from the accession 87-029. The progenies were obtained by selfing and the morphological descriptors (internal and external color, soluble solids - °Brix and fruit shape) were used. In each cycle of selection the sources were evaluated under green house conditions using artificial inoculations with pure virus isolates at the LabVVeg/UFC. Under field conditions the viruses and their vectors were present. The trials were carried out at the Experiment Station of the DTCS/UNEB at Juazeiro-BA. During the field evaluations leaf and fruit samples from symptoms and symptomless plants were sent to the LabVVeg/UFC to be tested by indirect ELISA allowing to detect the viruses present in the field as well as the plants which maintained the resistance of the young phase. Crosses of the commercial cultivar Crimson Sweet, susceptible to the three viruses and the source of resistance to PRSV-W and WMV, L26 originated from the accession PI 244019 in order to obtain the F<sub>1</sub> population and segregating populations (F<sub>2</sub>, RC<sub>11</sub> and RC<sub>21</sub>) for inheritance studies were made. Two sets of populations, one for each virus, were inoculated. Evaluation of the symptoms using a graded scale as well as serological evaluations against antisera specific for PRSV-W and WMV using indirect

ELISA were performed. The hypothesis of monogenic inheritance was tested considering different average degree of dominance as well as using maximum likelihood method. The variances of populations were used to estimate the genetic variances ( $\sigma^2_G$ ), environmental ( $\sigma^2_E$ ), phenotypic ( $\sigma^2_{F2}$ ), additive ( $\sigma^2_A$ ) and dominance ( $\sigma^2_D$ ), as well as broad sense heritability ( $h^2_b$ ) and narrow heritability ( $h^2_n$ ). The absorbance was used as a variable as such and as a graded scale (1- negative plants; 2- absorbance less than 1,000; 3- absorbance between 1001 and 2,000; and, 4- absorbance above 2,000). Different fruit patterns for flesh color (white and white with pink color around the seeds; the same for yellow flesh color; light and dark pink, and red color), rind color (light, medium and dark green with and without stripes), soluble solids (2 to 7.6 °Brix) and fruit shape (rounded and elongated) were found indicating the possibility to select resistant lines to PRSV-W, WMV and ZYMV to reach the requirements of different markets. Twenty six lines, representing all evaluated accessions (seven to PRSV-W, seven to WMV and twelve to ZYMV) presented 100% of virus-free plants in the field experiment. These lines can be used in a watermelon breeding program for virus resistance in the Lower Submiddle São Francisco River Basin. When the resistant line L26 was studied the frequency distribution of plants in the segregating populations to PRSV-W and WMV differed from a distribution based on monogenic inheritance for all average degree of dominance. Therefore, the hypothesis of monogenic dominance was rejected for both PRSV-W and WMV, indicating that this character is controlled for more than one major gene with modifiers. The additive-dominant genetic model was adequate to explain the gene action involved and, therefore, the epistatic effects were not important for the expression of the resistance. It was found, for PRSV-W and WMV, complete dominance. The broad sense heritability, considering the three variables analyzed, were higher (66, 57 and 80%) for PRSV-W, but much lower (14, 7 and 4%) for WMV. It is expected genetic gains in the selection of resistant plants in segregating populations from the cross of Crimson Sweet and L26 higher for PRSV-W than for WMV since the influence of the environment is much higher than in PRSV-W.

**Palavras-chaves:** *Citullus lanatus*, PRSV-W, WMV, ZYMV, Inheritance of resistance.



## LISTA DE TABELAS

<b>CAPÍTULO II -</b>	<b>LEVANTAMENTO SOROLÓGICO DE VÍRUS EM ESPÉCIES DE CUCURBITÁCEAS NA REGIÃO DO SUB-MÉDIO SÃO FRANCISCO.....</b>	<b>44</b>
<b>Tabela 1</b>	- Levantamento da presença dos vírus: <i>Papaya ringspot virus</i> , type watermelon (PRSV-W), <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV), <i>Zucchini yellow mosaic virus</i> (ZYMV), <i>Cucumber mosaic virus</i> (CMV) e <i>Squash mosaic virus</i> (SqMV) e espécies de cucurbitáceas coletadas em Petrolina – PE e Juazeiro – BA. UNEB-DTCS, Juazeiro - BA / Laboratório de Virologia Vegetal - UFC, Fortaleza-CE, 1º semestre de 2002 a 2º semestre de 2007.....	49
<b>Tabela 2</b>	- Amostras com infecção mista de um ou mais dos vírus: <i>Cucumber mosaic virus</i> (CMV), <i>Papaya ringspot virus</i> type watermelon (PRSV-W), <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV) e <i>Zucchini yellow mosaic virus</i> (ZYMV). Levantamento de viroses em Cucurbitáceas em Petrolina – PE e Juazeiro – BA. UNEB-DTCS, Juazeiro - BA / Laboratório de Virologia Vegetal - UFC, Fortaleza-CE, 2º semestre de 2002 a 1º semestre de 2007.....	52
<b>CAPÍTULO III -</b>	<b>FONTES DE RESISTÊNCIA EM MELANCIA A VÍRUS DO GÊNERO <i>POTYVIRUS</i>.....</b>	<b>56</b>
<b>Tabela 1</b>	- Caracterização morfológica de progênies de melancia ( <i>Citrullus lanatus</i> ) para seleção de linhas resistentes a <i>Papaya ringspot virus</i> , type watermelon (PRSV-W), <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV) e <i>Zucchini yellow mosaic virus</i> (ZYMV). UNEB-DTCS, Juazeiro - BA 1º semestre de 2005.....	69
<b>Tabela 2</b>	- Avaliação de linhas de melancia ( <i>Citrullus lanatus</i> ) para resistência a <i>Papaya ringspot virus</i> , type watermelon (PRSV-W) em condições controladas de casa de vegetação. Laboratório de Virologia Vegetal - UFC, Fortaleza-CE, 2º semestre de 2005.....	70

<b>Tabela 3</b>	- Avaliação de linhas de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) para resistência a <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV) em condições controladas de casa de vegetação. Laboratório de Virologia Vegetal - UFC, Fortaleza-CE, 1º semestre de 2005.....	71
<b>Tabela 4</b>	- Avaliação de linhas de melancia ( <i>Citrullus lanatus</i> ) para resistência a <i>Zucchini yellow mosaic virus</i> (ZYMV) em condições controladas de casa de vegetação. Laboratório de Virologia Vegetal - UFC, Fortaleza-CE, 1º semestre de 2005.....	73
<b>Tabela 5</b>	- Avaliação de linhas de melancia ( <i>Citrullus lanatus</i> ) para resistência a <i>Papaya ringspot virus</i> , type watermelon (PRSV-W) em condições de campo. UFERSA, Mossoró (RN), 2008. UNEB-DTCS, Juazeiro – BA, 2º semestre de 2005.....	77
<b>Tabela 6</b>	- Avaliação de linhas de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) para resistência a <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV) em condições de campo. UNEB-DTCS, Juazeiro – BA, 2º semestre de 2005.....	78
<b>Tabela 7</b>	- Avaliação em de linhas de melancia ( <i>Citrullus lanatus</i> ) para resistência a <i>Zucchini yellow mosaic virus</i> (ZYMV) em condições de campo. UNEB-DTCS, Juazeiro – BA, 2º semestre de 2005.....	78
<b>CAPÍTULO IV -</b>	<b>HERANÇA DA RESISTÊNCIA EM UM GENÓTIPO DE MELANCIA AO PAPAYA RINGSPOT VIRUS TYPE WATERMELON (PRSV-W) E WATERMELON MOSAIC VIRUS (WMV).....</b>	<b>86</b>
<b>Tabela 1</b>	- Médias de populações de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) P <sub>1</sub> , P <sub>2</sub> , F <sub>1</sub> , F <sub>2</sub> , RC <sub>11</sub> , RC <sub>21</sub> e componentes de média para reação ao <i>Papaya ringspot virus</i> type watermelon (PRSV-W). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	109
<b>Tabela 2</b>	- Variâncias de populações de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) P <sub>1</sub> , P <sub>2</sub> , F <sub>1</sub> , F <sub>2</sub> , RC <sub>11</sub> , RC <sub>21</sub> , e herdabilidade no sentido amplo para reação ao <i>Papaya ringspot virus</i> type watermelon (PRSV-W). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	110

<b>Tabela 3</b>	- Testes de hipótese de herança monogênica por meio da função de máxima verossimilhança para resistência ao <i>Papaya ringspot virus</i> type watermelon (PRSV-W) em melancia ( <i>Citrullus</i> spp.). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	111
<b>Tabela 4</b>	- Médias de populações de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) P <sub>1</sub> , P <sub>2</sub> , F <sub>1</sub> , F <sub>2</sub> , RC <sub>11</sub> , RC <sub>21</sub> e componentes de média para reação ao <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	118
<b>Tabela 5</b>	- Variâncias de populações de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) P <sub>1</sub> , P <sub>2</sub> , F <sub>1</sub> , F <sub>2</sub> , RC <sub>11</sub> , RC <sub>21</sub> , e herdabilidade no sentido amplo para reação ao <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	120
<b>Tabela 6</b>	- Testes de hipótese de herança monogênica por meio da função de máxima verossimilhança para resistência ao <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV) em melancia ( <i>Citrullus</i> spp.). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	122

## LISTA DE FIGURAS

<b>CAPÍTULO III - FONTES DE RESISTÊNCIA EM MELANCIA A VÍRUS DO GÊNERO <i>POTYVIRUS</i>.....</b>	<b>56</b>
<b>Figura 1</b> - Diferentes fenótipos para cor externa de frutos de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) de linhas resistentes a potyvírus. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	67
<b>Figura 2</b> - Diferentes fenótipos para cor de polpa de frutos de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) de linhas resistentes a potyvírus. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	67
<b>CAPÍTULO IV - HERANÇA DA RESISTÊNCIA EM UM GENÓTIPO DE MELANCIA AO <i>PAPAYA RINGSPOT VIRUS</i> TYPE WATERMELON (PRSV-W) E <i>WATERMELON MOSAIC VIRUS</i> (WMV).....</b>	<b>86</b>
<b>Figura 1</b> - Esquema utilizado para obtenção de populações de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) utilizados em estudo de herança da resistência a <i>Papaya ringspot virus</i> , type watermelon (PRSV-W) e <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV). UNEB-DTCS, Juazeiro – BA, 1º e 2º semestre de 2006.....	92
<b>Figura 2</b> - Distribuição de freqüências para reação de genótipos de melancia ( <i>Citrullus lanatus</i> spp.) a <i>Papaya ringspot virus</i> type watermelon (PRSV-W), referentes a notas de sintomas. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	102
<b>Figura 3</b> - Distribuição de freqüências para reação de genótipos de melancia ( <i>Citrullus lanatus</i> spp.) a <i>Papaya ringspot virus</i> type watermelon (PRSV-W), referentes a sorologia em ELISA indireto (absorbâncias). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	103
<b>Figura 4</b> - Distribuição de freqüências para reação de genótipos de melancia ( <i>Citrullus lanatus</i> spp.) a <i>Papaya ringspot virus</i> type watermelon (PRSV-W), referentes a notas de absorbâncias. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	104

<b>Figura 5</b>	- Valores de Qui-quadrado observados para teste de hipótese de herança monogênica sob diferentes graus médios de dominância presumidos, para reação de genótipos de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) ao <i>Papaya ringspot virus</i> type watermelon (PRSV-W), considerando a variável notas de sintomas. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	105
<b>Figura 6</b>	- Valores de Qui-quadrado observados para teste de hipótese de herança monogênica sob diferentes graus médios de dominância presumidos, para reação de genótipos de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) ao <i>Papaya ringspot virus</i> type watermelon (PRSV-W), considerando sorologia em ELISA indireto (absorbâncias). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	106
<b>Figura 7</b>	- Valores de Qui-quadrado observados para teste de hipótese de herança monogênica sob diferentes graus médios de dominância presumidos, para reação de genótipos de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) ao <i>Papaya ringspot virus</i> type watermelon (PRSV-W), considerando a variável notas de absorbâncias. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	106
<b>Figura 8</b>	- Distribuição de freqüências para reação de genótipos de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) a <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV), referentes a notas de sintomas. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	113
<b>Figura 9</b>	- Distribuição de freqüências para reação de genótipos de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) a <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV), referentes a sorologia em ELISA indireto (absorbâncias). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	114
<b>Figura 10</b>	- Distribuição de freqüências para reação de genótipos de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) a <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV), referentes a notas de absorbâncias. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	115
<b>Figura 11</b>	- Valores de Qui-quadrado observados para teste de hipótese de herança monogênica sob diferentes graus médios de dominância presumidos, para reação de genótipos de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) ao <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV), considerando a variável notas de sintomas. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	116

<b>Figura 12</b>	- Valores de Qui-quadrado observados para teste de hipótese de herança monogênica sob diferentes graus médios de dominância presumidos, para reação de genótipos de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) ao <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV), considerando em ELISA indireto (absorbâncias). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	117
<b>Figura 13</b>	- Valores de Qui-quadrado observados para teste de hipótese de herança monogênica sob diferentes graus médios de dominância presumidos, para reação de genótipos de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.) ao <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV), considerando a variável notas de absorbâncias. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.....	117

## LISTA DE QUADROS

<b>CAPÍTULO IV -</b>	<b>HERANÇA DA RESISTÊNCIA EM UM GENÓTIPO DE MELANCIA AO <i>PAPAYA RINGSPOT VIRUS</i> TYPE WATERMELON (PRSV-W) E <i>WATERMELON MOSAIC VIRUS</i> (WMV).....</b>	<b>86</b>
<b>Quadro 1</b>	- Modelos de herança utilizados pelo programa Monogen 1.0 e seus respectivos parâmetros.....	100

## SUMÁRIO

<b>CAPÍTULO I – INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>24</b>
1 CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	24
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	27
2.1 Aspectos Gerais da Cultura da Melancia.....	27
2.2 Aspectos Gerais do Gênero <i>Potyvirus</i> .....	28
2.3 Fontes de Resistência a Vírus do gênero <i>Potyvirus</i> .....	30
2.4 Herança da Resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV.....	34
3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	36
<b>CAPÍTULO II – LEVANTAMENTO SOROLÓGICO DE VÍRUS EM ESPÉCIES DE CUCURBITÁCEAS NA REGIÃO DO SUB- MÉDIO SÃO FRANCISCO .....</b>	<b>44</b>
RESUMO.....	44
ABSTRACT.....	45
1 INTRODUÇÃO.....	46
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	47
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	48
4 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	53
<b>CAPÍTULO III – FONTES DE RESISTÊNCIA EM MELANCIA A VÍRUS DO GÊNERO <i>POTYVIRUS</i>.....</b>	<b>56</b>
RESUMO.....	56
ABSTRACT.....	58
1 INTRODUÇÃO.....	59
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	61
2.1 Genótipos utilizados para seleção.....	61
2.2 Multiplicação e caracterização morfológica das progênies.....	62
2.3 Avaliação dos genótipos para resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV.....	63
2.3.1 Avaliação em condições controladas de casa de vegetação.....	63
2.3.2 Avaliação em condições de campo.....	65
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	66
3.1 Caracterização morfológica de linhas de melancia para seleção de	



fontes de resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV.....	66
3.2 Avaliação de linhas de melancia para resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV, em condições controladas de casa de vegetação.....	69
3.3 Avaliação de linhas de melancia para resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV em condições de campo.....	76
4 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	81

**CAPÍTULO IV – HERANÇA DA RESISTÊNCIA EM UM GENÓTIPO DE MELANCIA AO *PAPAYA RINGSPOT VIRUS* TYPE WATERMELON (PRSV-W) E WATERMELON MOSAIC VIRUS (WMV).....**

85

RESUMO.....	85
ABSTRACT.....	87
1 INTRODUÇÃO.....	88
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	90
2.1 Material genético.....	90
2.2 Avaliação das populações fixas e segregantes.....	91
2.2.1 Inoculações e avaliações.....	92
2.3 Teste da hipótese de herança monogênica.....	93
2.4 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos.....	95
2.5 Teste de modelos genéticos utilizando a função de máxima verossimilhança.....	96
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	100
3.1 Herança da resistência ao <i>Papaya ringspot virus</i> type watermelon (PRSV-W) em melancia.....	100
3.1.1 Teste da hipótese de herança monogênica da resistência ao <i>Papaya ringspot virus</i> type watermelon (PRSV-W) em melancia.....	100
3.1.2 Estimativa de parâmetros genéticos.....	106
3.1.3 Testes de hipótese de herança monogênica por meio da função de máxima verossimilhança para resistência ao <i>Papaya ringspot virus</i> type watermelon (PRSV-W) em melancia.....	109
3.2 Herança da resistência a <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV) em melancia.....	111
3.2.2 Estimativa dos parâmetros genéticos.....	117
3.2.3 Testes de hipótese de herança monogênica por meio da função de máxima verossimilhança para resistência ao <i>Watermelon mosaic virus</i> (WMV) em melancia.....	120
4 REFERÊNCIAS BIBLIIOGRÁFICAS.....	122
ANEXOS.....	127

## CAPÍTULO I

### INTRODUÇÃO GERAL

#### 1 CONSIDERAÇÕES GERAIS

Entre as cucurbitáceas de importância econômica no Brasil, a melancia [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai], se destaca, estando entre as cinco hortaliças mais importantes, sendo que em 2005 a área plantada com a cultura e a produção foram em torno de 82.000 ha e 1.850.000 t, respectivamente (AGRIANUAL, 2007), gerando um agronegócio em torno de 500 milhões de reais. No Nordeste brasileiro, mesmo no foco de grandes empresas produtoras e exportadoras de frutas, a produção de melancia ainda é bastante praticada por pequenos produtores em regime de agricultura familiar, conferindo à cultura além de importância econômica, uma grande importância social. Os genótipos de melancia utilizados nos cultivos, com pouquíssimas exceções, foram desenvolvidos para condições diferentes daquelas existentes no Brasil e enfrentam sérios problemas com o ataque de pragas e doenças, em particular as viroses ocasionadas por vírus do gênero *Potyvirus*. Embora outros vírus tenham sido relatados infectando cucurbitáceas no Nordeste brasileiro, os vírus da família *Potyviridae*, gênero *Potyvirus*: vírus da mancha anelar do mamoeiro, tipo melancia (*Papaya ringspot virus*, type watermelon – PRSV-W), vírus do mosaico da melancia (*Watermelon mosaic virus* – WMV), vírus do mosaico amarelo da abobrinha de moita (*Zucchini yellow mosaic virus* – ZYMV) são os mais frequentes (LIMA et al., 1997; CRUZ et al., 1999; OLIVEIRA et al., 2000; MOURA et al., 2001; SILVEIRA et al., 2006), embora os estudos de levantamentos de viroses tenham sido esporádicos.

Esses vírus se destacam por causarem sérios danos e serem de difícil controle, em razão de serem transmitidos por vetores e infectarem as plantas de forma sistêmica. O controle químico dos vetores, além de pouco eficiente, onera os custos de produção e pode trazer riscos ao ambiente e ao consumidor, sendo a resistência genética a maneira mais segura e eficiente para o controle desses patógenos. Embora existam relatos de fontes de resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV em cucurbitáceas (PROVVIDENTI, 1986; GILLASPIE JR. e WRIGHT, 1993; OLIVEIRA et al., 2002), torna-se necessária a investigação de novas fontes em razão desses vírus apresentarem grande variabilidade genética, na forma de estirpes (ZERBINI e MACIEL-ZAMBOLIM, 1999; DESBIEZ et al., 2002) e seus hospedeiros apresentarem comportamento diferenciado para as mesmas, podendo um genótipo se apresentar resistente a uma determinada estirpe e se tornar suscetível quando na presença de outra (BHARGAVA e BHARGAVA, 1976; ANAGNOSTOU et al., 2000). Esse fato deve ser considerado na avaliação de genótipos para resistência a estes vírus, sendo que os inóculos utilizados para seleção em condições controladas devem ser provenientes de isolados que ocorram na região onde as referidas fontes irão ser utilizadas. Do contrário, a seleção realizada em condições controladas poderá não ter eficiência em condições de campo. De outra parte, existe uma dificuldade em realizar seleção em ambiente controlado com os mesmos isolados dos campos onde se pretende utilizar determinado genótipo, uma vez que os isolados disponíveis em bancos ativos de vírus de plantas não conseguem representar todas as estirpes de um determinado vírus. Essa situação pode ser contornada ao se selecionar os genótipos em condições controladas e em seguida submetê-los a condições de campo na presença de vetores e dos vírus (SILVEIRA et al., 2005). Embora tenham sido identificadas fontes de resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV em germoplasma de melancia coletado no Nordeste brasileiro (OLIVEIRA et al., 2002) e se iniciado um processo de seleção visando aumentar a homozigose das fontes de resistência em diferentes acessos por conta das mesmas apresentarem segregação (SILVEIRA et al., 2005), e assim, torna-se

necessário continuar a seleção de fontes de resistência a vírus. Ademais, quanto maior a variabilidade das fontes de resistência utilizadas no desenvolvimento de genótipos resistentes e com características comerciais, mais eficiente e estável será o controle das viroses. Torna-se importante conhecer o controle genético dessa resistência visando orientar a estratégia a ser seguida para a sua transferência para genótipos comerciais. Mesmo que a literatura apresente estudos sobre o controle genético da resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV em diversas cucurbitáceas, não se deve extrapolar esses resultados para outras fontes, uma vez que o controle genético da característica de resistência a esses potyvírus pode variar dependendo da fonte utilizada (WANG et al., 1984; SITTOLIN et al., 2000; BESERRA JÚNIOR et al., 2006).

Dessa forma, o presente trabalho teve como objetivo realizar o levantamento sorológico de vírus que infectam cucurbitáceas na Região do Submédio São Francisco, selecionar linhas de melancia resistentes e homozigotas para isolados de PRSV-W, WMV e ZYMV e estudar o controle genético da resistência em melancia a PRSV-W e WMV.

## 2 REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 Aspectos Gerais da Cultura da Melancia

A melancia pertence à família Cucurbitaceae, gênero *Citrullus* e é cultivada em vários países, tendo seu centro de origem na África (PURSEGLOVE, 1974). Estudos afirmam que sua introdução no Brasil ocorreu em dois momentos, tendo sido o primeiro no século XVII durante o ciclo econômico da cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) através dos escravos que eram trazidos da África para trabalhar nas lavouras canavieiras. Os escravos traziam suas próprias sementes e cultivavam hortas ao redor das senzalas no litoral canavieiro do Nordeste (ROMÃO, 1995). O segundo momento de introdução da melancia no Brasil foi marcado pela utilização de cultivares melhoradas de origem americana e japonesa em São Paulo (COSTA e PINTO, 1977), sendo que nos últimos anos se difundiu para todas as regiões e estados do país, contribuindo de forma significativa para o agronegócio brasileiro.

Os principais estados brasileiros produtores dessa cultura são Rio Grande do Sul (28,5%), Bahia (12%), Goiás (9,8%), São Paulo (7,6%); Tocantins (6,9%), Rio Grande do Norte (4,8%), e Pernambuco (4,5%) (IBGE, 2008). A sua produção é quase que totalmente destinada ao consumo interno, embora sua exportação já seja realizada por algumas empresas da região. Especificamente nos estados do Rio Grande do Norte e Ceará, o cultivo de melancia deixou de ser uma cultura explorada apenas no período das chuvas, onde a produção era destinada a mercados locais, sem a utilização de tecnologia para ser uma atividade tecnificada, praticada por pequenos e médios produtores e empresas, cuja produção é destinada a grandes mercados como CEAGESP-SP e mais recentemente o mercado externo (GRANGEIRO et al., 2006). No entanto, no Nordeste brasileiro, a produção de melancia ainda é bastante praticada por pequenos produtores em regime de agricultura familiar, conferindo à cultura além de importância econômica grande importância social.

Entre as principais doenças que se manifestam sobre a cultura da melancia no NE brasileiro estão o oídio [(*Podospaera xanthii*) syn. *Sphaerotheca fuliginea* (Schlecht ex. Fr.) Poll], o crestamento gomoso do caule [*Didymella bryoniae* (Aversw.) Rehm], a alternariose [*Alternaria cucumerina* (Ellis & Everh) Elliott] e as viroses ocasionadas pelos potyvírus PRSV-W, WMV e ZYMV. Os vírus são responsáveis por sérios danos econômicos à cultura, tornando-se fatores limitantes à produção em determinadas épocas. Por outro lado, o Banco de Germoplasma de cucurbitáceas, localizado na Embrapa Semi-Árido em Petrolina – PE, armazena uma grande variabilidade para a cultura da melancia, sendo que já foram identificadas fontes de resistência a *P. xanthii*, *A. cucumerina* e aos vírus do gênero *Potyvirus* (DIAS et al., 1999; OLIVEIRA et al., 2002; QUEIROZ et al., 2002; LIMA NETO et al., 2006).

Excetuando-se alguns genótipos como a cv. BRS Opara, liberada recentemente pela Embrapa Semi-Árido, resistente a *P. xanthii* e adaptada às condições do Submédio São Francisco (DIAS et al., 2007), os genótipos utilizados nos cultivos não foram desenvolvidos para condições existentes no Brasil e em especial no Nordeste brasileiro, sendo que apresentam problemas com adaptação e suscetibilidade, principalmente, ao ataque de pragas e à manifestação de doenças.

## **2.2 Aspectos Gerais do Gênero *Potyvirus***

O gênero *Potyvirus* representa o mais importante grupo de vírus de plantas, sendo responsáveis por perdas em espécies cultivadas, superiores às perdas causadas por todos os vírus de plantas em conjunto (ZERBINI e MACIEL-ZAMBOLIM, 1999). Os potyvírus possuem partículas alongadas, flexuosas, com 690-760 nm de comprimento por 11-16 nm de diâmetro. São transmitidos por afídeos e seu genoma é composto por uma única molécula de RNA de fita simples, sentido positivo, com aproximadamente 10.000 nucleotídeos (SHUKLA et al., 1994). O RNA viral é envolto

por aproximadamente 2.200 cópias de uma proteína capsidial com peso molecular de aproximadamente 34 kDa.

Os potyvírus podem ser encontrados em todas as regiões do globo, infectando mais de 2.000 espécies de plantas de mais de 550 gêneros em 81 famílias botânicas (BRUNT et al., 1996). A maioria dos potyvírus possui gama de hospedeiros natural e experimental restrita a espécies dentro de um gênero ou gêneros relacionados. Porém, existem exceções como por exemplo o WMV, que infecta cerca de 178 espécies de plantas dentro de 79 gêneros em 27 famílias, incluindo Amaranthaceae, Chenopodiaceae, Cruciferae, Cucurbitaceae, Malvaceae, Solanaceae, e Umbeliferae (PURCIFULL et al., 1984a). O PRSV por outro lado, está restrito a algumas espécies dentro das famílias Caricaceae, Chenopodiaceae, Cucurbitaceae e Leguminosae-Papilionidae (PURCIFULL et al., 1984b). Experimentalmente, o ZYMV conseguiu infectar 11 famílias de dicotiledôneas, porém a infecção natural com esse vírus tem sido relatada principalmente em espécies de cucurbitáceas, constituindo um dos vírus economicamente mais importantes para essa família (DESBIEZ e LECOQ, 1997).

O PRSV-W é um dos vírus mais importantes e freqüentes no Brasil. É transmitido por 24 espécies de afídeos em 15 gêneros, sendo o *Myzus persicae* Sulser (Hemiptera: Aphididae), *Aphis craccivora* Koch (Hemiptera: Aphididae) e *Macrosiphum euforbiae* Thomas (Hemiptera: Aphididae), os principais vetores (PURCIFULL et al., 1984b; PINTO et al., 2001). Não existem relatos de transmissão do PRSV-W por semente e o mesmo pode ser facilmente transmitido através da inoculação mecânica (BRUNT et al., 1996).

O WMV, embora em menor intensidade que o PRSV-W já foi detectado em várias regiões do país (DUSI et al., 1990; 1991; SÁ e KITAJIMA 1991; OLIVEIRA et al., 2000). É transmitido por cerca de 29 espécies de afídeos, é facilmente transmitido por inoculação mecânica e não é transmitido por sementes (BRUNT et al., 1996).

O ZYMV, embora tenha sido caracterizado pela primeira vez em 1981 (LECOQ et al., 1981; LISA et al., 1981) seu primeiro relato no Brasil data de 1992 nos

estados de São Paulo e Santa Catarina (CANNER et al, 1992; VEGA et al., 1995). Desde então o vírus foi encontrado nos estados do Rio Grande do Norte e Ceará (LIMA et al., 1996; 1997; OLIVEIRA et al., 2000), no Sub-Médio São Francisco (SILVA et al., 2000), nos estado do Pará (POLTRONIERI et al., 2000), Mato Grosso do Sul (STANGARLIN et al., 2000), Maranhão (MOURA et al., 2001) e Roraima (HALFELD-VIEIRA et al., 2004).

### **2.3 Fontes de Resistência a Vírus do gênero *Potyvirus***

O termo resistência, aqui utilizado, está relacionado com a resposta da planta à infecção por vírus. Para descrever os vários tipos de resposta de plantas à inoculação com vírus, em razão da confusão com o uso de alguns termos, Cooper e Jones (1983) sugeriram um uso unificado, sendo que introduziram o termo infectível como oposto de imune. Hull (2002), seguindo a sugestão de Cooper e Jones (1983) classifica as plantas conforme sua resposta a infecção por vírus em Imune ou não hospedeiro e Infectível ou hospedeiro. Na resposta do tipo imune o vírus não se replica em protoplastos nem em células intactas da planta, mesmo em células inicialmente inoculadas. Quando a resposta é do tipo infectível ou hospedeiro, podem ocorrer respostas de três tipos: resistente com extrema hipersensibilidade, resistente com hipersensibilidade e suscetível. Resistente com extrema hipersensibilidade, quando a multiplicação do vírus é limitada às células inicialmente infectadas, devido a ineficiência viral na codificação da proteína de movimento; Resistente com hipersensibilidade ocorre infecção localizada, normalmente com a formação de lesões locais necróticas. As plantas apresentam resistência de campo. Na resposta do tipo suscetível, ocorre a replicação viral, com movimento sistêmico, sendo que as plantas que apresentam esse tipo de resposta podem ser classificadas em sensíveis e tolerantes. No primeiro caso, as plantas reagem com a doença de forma mais ou menos severa,



enquanto que no segundo, o vírus dá origem a infecções latentes, com pouco ou nenhum efeito visível na planta.

As plantas infectadas por potyvírus podem apresentar uma série de sintomas, podendo incluir mosqueado, mosaico, necrose, deformações foliares e de frutos e até mesmo infecções latentes (sem sintomas macroscópicos), sendo que esses sintomas podem variar com a estirpe do vírus e o genótipo hospedeiro (LECOQ et al., 1981; PROVVIDENTI et al., 1984). Enquanto alguns potyvírus como *Bean yellow mosaic virus* (BYMV) e *Turnip mosaic virus* (TuMV) causam variação em flores, outros, como PRSV, WMV e ZYMV induzem mosaico severo e deformações de folhas e frutos, sendo que a estirpe P do PRSV além de deformações, induz a formação de anéis cloróticos nos frutos de plantas de mamoeiro (*Carica papaya* L.) infectadas (PURCIFULL et al., 1984a). A expressão dos sintomas ocasionados por potyvírus pode ser bastante influenciada pelo ambiente, sendo que em temperaturas elevadas são quase imperceptíveis, enquanto que em baixas temperaturas manifestam-se de forma acentuada (LE ROMANCER e NEDELLEC, 1997).

Dependendo da combinação vírus-hospedeiro, diferentes fatores virais e do hospedeiro podem contribuir para a manifestação dos sintomas, uma vez que a infecção sistêmica da planta por potyvírus requer uma série de interações compatíveis entre o vírus e fatores do hospedeiro (co-fatores para a replicação viral, fatores de iniciação da tradução, proteínas que auxiliam no movimento célula-a-célula do vírus e outros), de forma a permitir a replicação do RNA viral, o movimento célula-a-célula do vírus, podendo a indução de sintomas ser consequência de apenas uma etapa de um desses processos ou de um conjunto de etapas (CHU et al., 1997; NADERI e BERGER 1997).

As proteínas codificadas pelos potyvírus possuem caráter multifuncional, onde praticamente todas aquelas cujas funções já foram determinadas atuam em mais de um processo do ciclo de infecções, sendo que as mais estudadas com suas funções já atribuídas, são a “*Helper component proteinase*” (HC-Pro) e a “*Capsid protein*” (CP).

A HC-Pro atua como componente auxiliar na transmissão por afídeos e como proteinase; é fator auxiliar na replicação do RNA viral; é fator acessório nos movimentos célula-a-célula e a longa distância; é fator de transmissão por semente e inibidor da resposta da planta. CP é a unidade protéica de formação do capsídeo, sendo responsável pela transmissão por afídeos, movimentos célula-a-célula e a longa distância e é, também, fator auxiliar na replicação do RNA viral (ZERBINI e MACIEL-ZAMBOLIM, 1999).

Entre as espécies de vírus que infectam as cucurbitáceas já foram relatadas no Nordeste brasileiro: Família *Potyviridae*, gênero *Potyvirus*: vírus da mancha anelar do mamoeiro, tipo melancia (*Papaya ringspot virus*, type watermelon – PRSV-W); vírus do mosaico da melancia (*Watermelon mosaic virus* – WMV); vírus do mosaico amarelo da abobrinha de moita (*Zucchini yellow mosaic virus* – ZYMV); Família *Bromoviridae*, gênero *Cucumovirus*: vírus do mosaico do pepino (*Cucumber mosaic virus* – CMV); Família *Comoviridae*, gênero *Comovirus*: vírus do mosaico da abóbora (*Squash mosaic virus* – SqMV) (OLIVEIRA et al., 2000; MOURA et al., 2001) e vírus do amarelão, cuja etiologia ainda não está definida, possivelmente um novo vírus da família *Flexiviridae*, gênero *Carlavirus* (NAGATA et al., 2003; 2005) ou da família *Closteroviridae*, gênero *Crinivirus* (LIMA et al., 2002).

Os vírus mencionados foram identificados através de levantamentos realizados de forma esporádica (ARAÚJO LIMA et al., 1997; LIMA et al., 1997; CRUZ et al., 1999; OLIVEIRA et al., 2000; MOURA et al., 2001) sendo que as informações são insuficientes para inferir sobre a predominância de cada um, assim como sobre a ocorrência em épocas distintas uma vez que a ocorrência de vírus depende de vários fatores como a época do ano bem como a presença e preferência de vetores.

Quando considerada a cultura da melancia, atenção maior tem sido dispensada aos potivírus PRSV-W, WMV e ZYMV por representarem fatores limitantes ao cultivo em diversas regiões do país. As viroses ocasionadas por esses vírus são de difícil controle, em razão da forma sistêmica de infecção dos mesmos e sua disseminação por

vetores, de modo que o uso de resistência genética constitui o método mais recomendado para o seu controle.

Fontes de resistência a potyvírus têm sido relatadas em diversas cucurbitáceas (SILVA e COSTA, 1978; PROVVIDENTI, 1986; GILLASPIE JR. e WRIGHT, 1993; OLIVEIRA et al., 2002), no entanto, o comportamento de cada uma delas pode variar conforme o ambiente em que são utilizadas ou conforme os isolados de vírus presentes no local, bem como, com o nível de homozigose com relação a um determinado vírus e o tipo de ação gênica dos alelos que controlam a resistência, indicando a necessidade de cautela no uso em programas de melhoramento, sem um estudo prévio das mesmas, inclusive sobre a forma da herança da resistência. Hojo (1989) realizou triagem de cultivares e híbridos de melancia para resistência a PRSV-W, sendo incluída uma introdução procedente da África e considerada resistente, porém quando testada para isolados locais só apresentou tolerância. Bhargava e Bhargava (1976) avaliaram a reação de 80 cultivares de 19 espécies de cucurbitáceas para diferentes estirpes de WMV e constataram que as cultivares não reagiram de forma similar para todas as estirpes testadas, sendo que apenas seis cultivares foram resistentes a todas as estirpes testadas.

Boyhan et al. (1992) avaliaram germoplasma de melancia para resistência a ZYMV, sendo incluído entre os genótipos avaliados, fontes já descritas bem como cultivares comerciais e linhas melhoradas. Foram identificadas fontes promissoras entre o material analisado, porém PI 494532 descrito anteriormente como resistente a ZYMV (PROVVIDENTI, 1986) não confirmou a resistência nessa avaliação. Segundo Provvidenti (1986), provavelmente devido às condições de temperatura em que foi avaliado. Silveira et al. (2005) avaliando acessos de melancia relatados como fontes de resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV, bem como progênies endogâmicas obtidas desses acessos, observaram comportamento diferenciado dos mesmos, sendo que as progênies apresentaram segregação para a característica de resistência, com frequências de plantas resistentes variando de 0 a 100%. Dessa forma, evidencia-se a

necessidade de se realizar seleção de fontes de modo que as mesmas fiquem em estado homozigoto para a característica de resistência a vírus e assim possam ser utilizadas em diferentes estratégias de melhoramento. De outra parte, a existência de uma maior diversidade de fontes de resistência constitui, também aspecto relevante na estratégia de melhoramento, principalmente na existência de fontes com diferentes padrões de planta e frutos.

#### **2.4 Herança da Resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV**

Não basta que as fontes de resistência sejam homozigotas aos vírus em foco para que se tenha uma orientação segura dos procedimentos a serem adotados no melhoramento visando incorporar resistência a uma determinada virose. Também é necessário o conhecimento sobre a natureza da ação gênica envolvida na herança da resistência que se pretende trabalhar, a fim de permitir a orientação da estratégia de sua transferência para genótipos comerciais. A herança da resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV tem sido estudada em várias espécies de cucurbitáceas, conforme suas fontes são identificadas. Porém, o controle genético da resistência a esses potyvírus pode variar de acordo com a fonte que apresenta a resistência, sendo variável mesmo quando considerada a mesma espécie.

Wang et al. (1984) relataram a resistência a PRSV-W na cultivar de pepino (*Cucumis sativus* L.) Surinam como sendo monogênica recessiva, enquanto Wai e Grumet (1995) relataram essa resistência também em pepino, na linha TMG-1 como monogênica dominante. Hojo (1989) relatou que a herança da tolerância a PRSV-W em melancia é devida a dois pares de genes, enquanto que Azevedo (2001) constatou que a resistência a esse vírus, também em melancia, era do tipo oligo ou poligênica, com ação predominantemente aditiva.

Para resistência a WMV, há relatos de controle monogênico dominante em melão (GILBERT et al., 1994); resistência controlada por dois genes recessivos em

melancia (SITTOLIN et al., 2000; XU et al., 2004) e controle poligênico também em melancia (BESERRA JÚNIOR et al., 2006).

Pitrat e Lecoq (1984) relataram a resistência a ZYMV na introdução de melão PI 414723 como sendo monogênica dominante, enquanto que Danin-Poleg et al. (1997), estudando a herança a ZYMV na mesma introdução, relataram ser o controle dessa resistência devido a três genes dominantes e complementares, sendo que a expressão do fenótipo resistente é dependente do genótipo suscetível utilizado nos cruzamentos. Nas duas avaliações foram utilizados isolados diferentes de ZYMV, bem como amostras diferentes do mesmo acesso, o que pode explicar os resultados diferentes, uma vez que acessos geralmente são muito heterogêneos, e diferentes linhas selecionadas de um mesmo acesso podem apresentar genótipos com resposta diferenciada ao mesmo vírus ou estirpe. A discrepância também pode ser explicada pela diferença na virulência das estirpes que foram utilizadas. Daning-Poleg et al. (1997) utilizaram uma estirpe altamente virulenta enquanto que Pitrat e Lecoq (1984) utilizaram um isolado com virulência moderada. Em melancia, há relatos de resistência a ZYMV com controle monogênico recessivo (PROVVIDENTI, 1991; XU et al., 2004), bem como resistência controlada por dois genes, também recessivos (SITTOLIN et al., 2000).

Os relatos expostos acima evidenciam a necessidade de se investigar o controle genético da resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV nas fontes que se pretende utilizar, não podendo se utilizar resultados obtidos para outros acessos, mesmo que de melancia.

### 3 REFERÊNCIAS

AGRIANUAL. **Anuário da agricultura brasileira**. São Paulo: IFNP Instituto Consultoria & Comércio, 2007. p. 395-399.

ANAGNOSTOU, K.; JAHN, M.; PERL-TREVES, R. Inheritance and linkage analysis of resistance to zucchini yellow mosaic virus, watermelon mosaic virus, papaya ringspot virus and powdery mildew in melon. **Euphytica**, Wageningen, v. 116, n. 3, p. 265-270, 2000.

ARAÚJO LIMA, J. A. A.; VALE, C. C.; OLIVEIRA, V. B. Viruses that infect cucurbits in the Northeast of Brazil. **Vírus: Reviews and Research**, São Paulo, v. 2, n.2, p. 128-130, 1997.

AZEVEDO, S. M. **Herança da resistência ao vírus da mancha anelar do mamoeiro, estirpe melancia (PRSV-W) em melancia [Citrullus lanatus (Thumb.) Matsumara e Nakai]**. 2001. 53 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Fitotecnia)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2001.

BESERRA JÚNIOR, J. E. A.; MALUF, W. R.; FIGUEIRA, A. R.; BARGUIL, B. M. Herança da resistência ao Watermelon mosaic vírus em Melancia (*Citrullus lanatus* L.). **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 3, p. 302-305, 2006.

BHARGAVA, B.; BHARGAVA, K. S. Reaction of some cucurbit cultivars to seven strains of Watermelon mosaic virus. **Indian Phytopathology**, New Delhi, v. 29, n.4, p. 446-447, 1976.

BOYHAN, G.; NORTON, J. D.; JACOBSEN, B. J.; ABRAHAMS, B. R. Evaluation of Watermelon and Germ Plasm for Resistance to Zucchini Yellow Mosaic Virus. **Plant Disease**, St. Paul, v. 76, n. 3, p. 251-252, 1992.

BRUNT, A. A.; CRABTREE, K.; DALLWITZ, M. J.; GIBBS, A. J.; WATSON, L.; ZURCHE, R, E. J. 1996. **Plant Viruses online**: descriptions and lists from the Vide Database. Versão: 20/08/1997. Disponível em: < <http://biology.anu.edu.au/Groups/MES/vide/>>. Acesso em: 01 mai. 2008.

CANNER, J.; CALLETI, S. R.; LOTZ, I. P. M.; OLIVEIRA, J. M. Natural infection of cucumber (*Cucumis sativus*) by Zucchini yellow mosaic virus in Santa Catarina, Brasil. In: ENCONTRO NACIONAL DE VIROLOGIA, 1992, São Lorenço. **Anais ...** São Lourenço: Sociedade Brasileira de Virologia, 1992.

CHU, M.; LOPEZ MOYA, J. J.; LLAVE CORREAS, C.; PIRONE, T. P. Two Separate Regions in the Genome of the Tobacco Etch Virus Contain Determinants of the Wilting Response of Tabasco Pepper. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, St. Paul, v. 10, n. 4, p. 472-80, 1997.

COOPER, J. I.; JONES, A. T. Responses of plants to viruses: proposals for the use of terms. **Phytopathology**, St Paul, v.73, n.2, p. 127-128, 1983.

COSTA, C. P.; PINTO, C. A. B. P. **Melhoramento de hortaliças**. 2. ed. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade do Estado de São Paulo, Piracicaba, 1977. 319p.

CRUZ, E. S; PAZ, C. D.; PIO-RIBEIRO, G.; BATISTA, D. C.; PEREIRA FILHO, G. G.; ANDRADE, G. P. Levantamento de viroses em melancia e melão no Submédio São Francisco. In: CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA, 22, 1999, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: Sociedade do Grupo Paulista de Fitopatologia, 1999. p. 21.

DANIN-POLEG, Y. PARIS, H. S.; COHEN, S.; RABINOWITCH, H. D.; KARCHI, Z. Oligogenic inheritance of resistance to zucchini yellow mosaic virus in melons. **Euphytica**, Dordrecht, v. 93, n. 3, p. 331-337, 1997.

DESBIEZ, C.; WIPF-SCHEIBEL, C.; LECOQ, H. Biological and serological variability, evolution and molecular epidemiology of Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV, Potyvirus) with special reference to Caribbean islands. **Virus Research**, Shannon, v. 85, n. 1, p.5-16, 2002.

DESBIEZ, C.; LECOQ. Zucchini yellow mosaic virus. **Plant Pathology**, Wageningen, v. 46, p. 809-829, 1997. (Review).

DIAS, R. C. S.; QUEIROZ, M. A.; COSTA, N. D; ALMEIDA, M. C. B.; ARAUJO, H. M.; LIBERALINO FILHO, J.; PEREIRA, A. B.; BAHIA, J.; LIMA, R. N. S.; ANJOS, J. B.; PEREIRA, F. A.; ALVES, D. C.; ARAUJO, J. P. **BRS Opara: melancia resistente ao Oídio**. MAPA/EMBRAPA. folder, 2007.

DIAS, R. C. S.; QUEIROZ, M. A.; MENEZES, M.; BORGES, R. M. E. Avaliação de resistência a *Sphaerotheca fuliginea* e a *Didymella bryoniae* em melancia. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 17, n. 2, p. 13-19, 1999 (Suplemento).

DUSI, A. N.; TAKESHI, N. Y.; DIAS, R. C. S. Ocorrência de WMV-2 em cucurbitáceas no Submédio São Francisco. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 16, n.1, p. 26, 1991.

DUSI, A. N.; PESSOA, H. B. S. U.; GAMA, M. I. C. S. Ocorrência de viroses em pepino industrial no município de Janaúba-MG. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 15, n.1, p. 89-90, 1990.

GILBERT, R. Z.; KYLE, M. M.; MUNGER, H. M. Inheritance of resistance watermelon mosaic virus in *Cucumis melo* L. **HortScience**, Alexandria, v. 29, n. 2, p. 107-194, 1994.

GILLASPIE JR., A. G.; WRIGHT, J. M. Evaluation of *Citrullus* sp. Germ Plasm for Resistance to Watermelon Mosaic Virus 2. **Plant Disease**, St. Paul, v. 77, n. 4, p. 552-554, 1993.



GRANGEIRO, L. C.; MEDEIROS, J. F.; NEGREIROS, M. Z. **Cultivo de melancia no nordeste brasileiro**. Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró (RN), 2006, 58p. (Apostila de curso)

HALFELD-VIEIRA, B. A.; RAMOS, N. F.; RABELO FILHO, F. A. C.; GONÇALVES, M. F. B.; NECHET, K. L.; PEREIRA, R. R. V. S.; LIMA, J. A. A. Identificação sorológica de potyvirus em melancia no Estado de Roraima. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 29, n.6, p. 687-689, 2004.

HOJO, H. **Triagem de população e herança da resistência ao vírus do mosaico da melancia-1 (WMV-1) em melancia (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf)**. 1989. 97 f. Dissertação (Mestrado em Proteção de Plantas)–Faculdade de Ciências Agronômicas de Botucatu, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 1989.

HULL, R. **Matthew's Plant Virology**. Elsevier Academic Press, New York, 4<sup>th</sup> edition, 2002, 1001p.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção nacional de melancia em 2006**. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/estadosat/>>. Acesso em: 23 abr. 2008.

LECOQ, H.; PITRAT, M.; CLEMENT, M. Identification et caracterization d'un potyvirus provoquant la meladie du rubougressement jaune du melon. **Agronomie**, Paris, v. 1, n.4, p. 827-834, 1981.

LE ROMANCER, M.; NEDELLEC, M. Effect of plant genotype, virus isolate and temperature on the expression of the potato tuber necrotic ringspot disease (PTNRD). **Plant Pathology**, Wageningen, v. 46, n.1, p. 104-11, 1997.

LIMA, J. A. A.; RAMOS, N. F.; SALES JUNIOR, R.; LIMA, R. C. A.; MATSUOKA, K. **Estudos preliminares do vírus amarelão do meloeiro**. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.27, p:207-207, 2002 (Suplemento).

LIMA, J. A. A.; VALE, C. C.; MIRANDA, A. C. M. M.; OLIVEIRA, V. B. Identificação sorológica do zucchini yellow mosaic virus em plantios de melão do Rio Grande do Norte. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 21, p. 426, 1996.

LIMA, M. F.; QUEIRÓZ, M. A.; DIAS, R. C. S. Avaliação de germoplasma de melancia a viroses no Submédio do Vale do São Francisco. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 17, n. 2, p. 20-22, 1997. (Suplemento).

LIMA NETO, I. S.; QUEIRÓZ, M. A.; PEIXOTO, A. R.; BORGES, I. V.; SILVEIRA, L. M.; SILVA, M. L. Reação de acessos de melancia à queima de *Alternaria*. In. CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 46, 2006, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Associação Brasileira de Horticultura, 2006. CD-ROM.

LISA, V.; BOCARD, G.; DAGOSTINO.; DELAVALLE, G.; D'AQUILLO, M. Characterization of potyvirus that causes zucchini yellow mosaic. **Phytopathology**, St. Paul, v. 71, n.7, p. 668-672, 1981.

MOURA, M. C. C. L.; LIMA, J. A. A.; OLIVEIRA, V. B.; GONÇALVES, M. F. B. Identificação sorológica de espécies de vírus que infetam cucurbitáceas em áreas produtoras do Maranhão. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 26, n.1, p. 90-92, 2001.

NADERI, M.; BERGER, P. H. 1997. Effects of chloroplast targeted potato virus Y coat protein on transgenic plants. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, London, v. 50, n.2, p. 67-83, 1997.

NAGATA, T.; ALVES, D. M. T.; INOUE-NAGATA, A. K.; TIAN, T. Y.; KITAJIMA, E. W.; CARDOSO, J. E.; ÁVILA, A. C. A novel melon flexivirus transmitted by whitefly. **Archives of Virology**, Viena, v.150, n.2, p.379-387, 2005.

NAGATA, T.; KITAJIMA, E. W.; ALVES, D. M. T.; CARDOSO, J. E.; INOUE-NAGATA, A. K.; OLIVEIRA, R. V.; ÁVILA, A. C. Isolation of a novel carlavirus from melon in Brazil. **Plant Pathology**, Wageningen, v.52, n. 6, p.797-797, 2003.

OLIVEIRA, V. B.; QUEIRÓZ, M. A.; LIMA, A. A. Fontes de resistência aos principais potyvirus isolados de cucurbitáceas no Nordeste brasileiro. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 4, p. 589-592, 2002.

OLIVEIRA, V. B.; LIMA, J. A. A.; VALE, C. C.; PAIVA, W. O. Caracterização biológica e sorológica de isolados de potyvirus obtidos de cucurbitáceas no Nordeste brasileiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 25, n. 4, p. 628-636, 2000.

PINTO, Z. V. ; REZENDE, J. A. M.; YUKI, V. A. Transmissão do Papaya ringspot virus – type W (PRSV-W), Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) e Cucumber mosaic virus (CMV), sós ou em mistura por três espécies de afídeos. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 26, p. 518-519, 2001 (Suplemento).

PITRAT, M.; LECOQ, H. Inheritance of zucchini yellow mosaic virus in *Cucumis melo* L. **Euphytica**, Dordrecht, v. 33, n.1, p. 57-61, 1984.

POLTRONIERI, L. S.; NOVAES, Q. S.; DIAS, P. R. P.; REZENDE, J. A. M.; TRINDADE, D. R.; ALBUQUERQUE, F. C. & KITAJIMA, E. W. Constatação do *Zucchini yellow mosaic virus* em cucurbitáceas no Estado do Pará. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 25, n. 3, p. 669, 2000.

PROVVIDENTI, R. Inheritance of resistance to the Florida strain of zucchini yellow mosaic virus in watermelon. **HortScience**, Alexandria, v. 26, n 4, p. 407-408, 1991.

PROVVIDENTI, R. Reactions of accessions of *Citrullus colocynthis* from Nigéria to Zucchini yellow mosaic virus and other cucurbit viruses. **Cucurbit Genetic Cooperative Report**, Maryland, v. 9, n.9, p. 82-83, 1986.

PROVVIDENTI, R.; GONSALVES, D.; HUMAYDAN, H. S. Occurrence of Zucchini yellow mosaic virus in cucurbits from Connecticut, New York, Florida, and California. **Plant Disease**, St. Paul, v.68, n.3, p.443-446, 1984.

PURCIFULL, D.; HIEBERT, E.; EDWARDSON, J. **Watermelon mosaic virus 2**. Kew, England, CMI/ABB. 1984a. 7p. (Descriptions of plant viruses n° 293.)

PURCIFULL, D. J.; EDWARDSON, J.; HIEBERT, E.; GONSALVES, D. **Watermelon mosaic 1 potyvirus.** Kew, England, CMI/AAB. 1984b. 5p. (Descriptions of plant viruses n° 292).

PURSEGLOVE, J. W. **Tropical Crops – Dicotyledons.** Longman, London, 1974, 719p.

QUEIRÓZ, M.A.; SILVEIRA, L.M.; TAVARES, S.C. de H.; COSTA, N.D. Identificação de fonte de resistência à queima das folhas por *Alternaria*. In: ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, 16, 2002, São Luis. **Anais...** São Luis: SBG-MA, 2002. p.114.

ROMÃO, R. L. **Dinâmica Evolutiva e Variabilidade de Populações de Melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum & Nakai em Três Regiões do Nordeste Brasileiro.** 53f. Dissertação (Mestrado em Genética) – ESALQ, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1995.

SÁ, P. B.; KITAJIMA, E. W. Characterization of an isolate of Watermelon mosaic virus 2 (WMV-2) from Brazil. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 16, n.3, p. 217-223. 1991.

SHUKLA, D. D.; WARD, C. W.; BRUNT, A. A. **The Potyviridae.** CAB International, Wallingford, England. 1994. 516p.

SILVA, B. R.; PAZ, C. D.; LIMA, J. A. A.; PIO-RIBEIRO, G.; NASCIMENTO, A. R. P.; JUNIOR, A. R. A. Detecção de viroses em melancia no Submédio São Francisco, **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 25, p. 448, 2000 (Suplemento).

SILVA, N.; COSTA, C. P. Triagem de cultivares e híbridos de pepino (*Cucumis sativus* L.) para resistência a WMV-1 (Watermelon mosaic vírus-1). **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v.4, n.1, p. 71-75, 1978.

SILVEIRA, L. M.; QUEIROZ, M. A.; LIMA, J. A. A.; NEGREIROS, M. Z.; RAMOS, N. F.; NASCIMENTO, A. K. Q. Seleção de acessos e Progenies de *Citrullus* spp. para resistência a três potyvirus. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 4, p. 394-399, 2005.

SILVEIRA, L. M.; QUEIRÓZ, M. A.; LIMA, J. A. A.; NASCIMENTO, A. K. Q.; SILVA, M. L.; LIMA NETO, I. S. Avaliação de incidência de espécies de cucurbitáceas infetadas com vírus em campo irrigado do Sub-Médio São Francisco. In. CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 46, 2006, Goiânia. **Anais...** Goiânia: Associação Brasileira de Horticultura, 2006. CD-ROM.

SITTOLIN, I. M.; PAVAN, M. A.; SILVA, N. da. Herança da tolerância de melancia aos vírus do mosaico amarelo da abobrinha-de-moita e do mosaico da melancia-2. **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v. 26, n. 2, p. 210-214, 2000.

STANGARLIN, O. S.; DIAS, P. R. P.; BURIOLLA, J. E.; REZENDE, J. A. M. Incidência de viroses em ensaios de avaliações de genótipos de abóboras e de pepino na região de Dourados/MS. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.26, p. 526, 2001 (Suplemento).

VEGA, J.; REZENDE, J. A. M.; YUKI, V. A. Detecção do Vírus do mosaico amarelo da abobrinha de moita no Brasil: Caracterização parcial de um isolado encontrado em São Paulo. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 20, p.72-79, 1995.

WAI, G.; GRUMET, R. Inheritance of resistance to the watermelon strain of papaya ringspot virus in Cucumber line TMG-1. **HortScience**, Alexandria, v. 30, n. 2, p.338-340, 1995.

WANG, Y. J.; PROVVIDENTI, R.; ROBINSON, R. W. Inheritance of resistance to Watermelon mosaic virus 1 in cucumber. **HortScience**, Alexandria, v. 19, n. 4, p. 588, 1984.

XU, Y.; KANG, D.; SHI, Z.; SHEN, H.; WEHNER, T. Inheritance of Resistance to Zucchini Yellow Mosaic Virus and Watermelon Mosaic Virus in Watermelon. **Journal of Heredity**, Washington, v. 95, n. 6, p. 498-502, 2004.

ZERBINI, F. M.; MACIEL-ZAMBOLIM, E. A família *Potyviridae*: parte I. **Revisão Anual de Patologia de Plantas**, v. 7, p.1-66, 1999.

## CAPÍTULO II

### LEVANTAMENTO SOROLÓGICO DE VÍRUS EM ESPÉCIES DE CUCURBITÁCEAS NA REGIÃO DO SUB-MÉDIO SÃO FRANCISCO

#### RESUMO

Com o objetivo de se ter informações sobre os vírus que ocorrem, com mais frequência, em cucurbitáceas na região do Sub-Médio São Francisco, foram coletadas amostras foliares de plantas com e sem sintomas de infecção ocasionados por vírus em áreas irrigadas de Petrolina-PE e Juazeiro-BA, durante os anos de 2002 a 2007. Foram amostradas áreas de produtores assim como áreas experimentais. Realizaram-se amostragens no primeiro e segundo semestre de cada ano. Coletaram-se amostras foliares das seguintes espécies: *Benincasa hispida*, *Citrullus lanatus*, *C. lanatus* var. *citroides*, *Cucurbita* spp., *Cucumis melo*, *Cucumis metuliferus*, híbridos F<sub>1</sub> de *C. lanatus* com *C. lanatus* var. *citroides*, *Lacgenaria* sp. e *Momordica charantia*. As amostras foram testadas por enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) indireto contra anti-soros específicos para *Papaya ringspot virus*, type watermelon (PRSV-W), *Watermelon mosaic virus* (WMV), *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV) e *Cucumber mosaic virus* (CMV) e por Dupla Difusão em Agar contra anti-soro específico para *Squash mosaic virus* (SqMV), no Laboratório de Virologia Vegetal da Universidade Federal do Ceará. Foram analisadas amostras de 1.162 plantas, das quais 754 estavam infectadas. De 125 amostras assintomáticas, 42 estavam infectadas. O PRSV-W predominou na maioria das avaliações. O WMV ocorreu em proporções variadas, porém, com maior frequência que o ZYMV na maioria das plantas avaliadas. O CMV foi detectado em apenas amostras de duas plantas. Não foi detectada a existência de plantas infectadas com SqMV. Exceto em *M. charantia* e *C. metuliferus*, os potyvírus PRSV-W, WMV e ZYMV foram detectados em amostras de todas as espécies vegetais, ocorrendo infecção mista em todas elas. Os potyvírus predominaram nas áreas amostradas e ocorreram de forma simultânea e consistentemente em todos os anos considerados, indicando que um programa de melhoramento para resistência a viroses deve considerar os três potyvírus.

**Palavras-Chave:** *Citrullus lanatus*, Sorologia, Potyvírus, Infecção mista.

## ABSTRACT

### SEROLOGICAL SURVEY OF VIRUS IN CUCURBIT SPECIES IN THE LOWER MIDDLE SÃO FRANCISCO RIVER BASIN

Aiming to get informations about the virus that infect cucurbit plants in the Lower Middle São Francisco River Basin, leaf samples from plants with and without symptoms were collected in irrigated areas of Petrolina-PE and Juazeiro-BA during the period of 2002 to 2007. Experimental and farmers areas were surveyed. The samples were collected in the first and in the second semester of each year. The following cucurbit species were sampled: *Benincasa hispida*, *Citrullus lanatus*, *C. lanatus* var. *citroides*, *Cucurbita* spp., *Cucumis metuliferus*, *C. melo*, *Lagenaria* sp., *Momordica charantia* and also some F<sub>1</sub> hybrids of *C. lanatus* with *C. lanatus* var. *citroides*. The samples were tested by indirect enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) against antisera specific for *Papaya ringspot virus*, type watermelon (PRSV-W), *Watermelon mosaic virus* (WMV), *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV) and *Cucumber mosaic virus* (CMV), and by Agar Double Diffusion against antiserum specific for *Squash mosaic virus* (SqMV). The work was carried out in the Plant Virus Laboratory from the Universidade Federal do Ceará. Leaf samples from 1,162 plants were analyzed and the results showed that 754 of them were infected. Among 125 samples from symptomless plants, 42 were infected. The PRSV-W was predominant in most of the evaluations. The WMV occurred in different proportions, but, in a higher frequency than ZYMV in most of the surveyed areas. The CMV was detected only in the samples of two plants and SqMV was not found in neither of the leaf samples analyzed. Except for *M. charantia* and *C. metuliferus*, plants infected with PRSV-W, WMV and ZYMV were observed in all cucurbit species surveyed. Mixed infections occurred in all infected species and the potyviruses were predominant in the surveyed areas, occurring simultaneously and consistently in all the years considered. This is an indication that a breeding program for virus resistance must consider the three potyviruses.

**Keywords:** *Citrullus lanatus*, Serology, Virus incidence, Potyvirus, Mixed infection.

## 1 INTRODUÇÃO

Entre as famílias de plantas utilizadas para a produção de alimentos, as cucurbitáceas ocupam lugar de destaque em importância econômica e social, em particular para o Nordeste brasileiro onde seu cultivo é praticado por pequenos produtores em regime de agricultura familiar, assim como por empresas exportadoras de frutas. Entre as espécies de importância econômica para o Nordeste brasileiro destacam-se o melão (*Cucumis melo* L.), sendo a região o maior produtor nacional, com a produção concentrada nos estados do Rio Grande do Norte e Ceará, a melancia [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai] e as abóboras (*Cucurbita* spp.). Embora o melão e a melancia já estejam no foco de empresas produtoras e exportadoras de frutas, localizadas em áreas de irrigação, um grande volume dessas e outras cucurbitáceas é produzido por pequenos produtores em condições de sequeiro. Estes, por outro lado são pouco competitivos, uma vez que essas culturas apresentam frutos sem características comerciais, embora apresentem variabilidade genética para vários caracteres que podem ser utilizadas no melhoramento das culturas. As variedades utilizadas nos cultivos irrigados não foram desenvolvidas para as condições climáticas prevalentes no Nordeste brasileiro, em particular para a melancia e o melão e, portanto são suscetíveis a várias doenças sendo que entre aquelas que se manifestam nas cucurbitáceas, é dado um destaque às viroses, por causarem sérios danos e serem de difícil controle, em razão da forma sistêmica de infecção dos vírus e sua disseminação por vetores.

Entre as espécies de vírus que infectam as cucurbitáceas já foram relatadas no Nordeste brasileiro: Família *Potyviridae*, gênero *Potyvirus*: vírus da mancha anelar do mamoeiro, tipo melancia (*Papaya ringspot virus*, type watermelon – PRSV-W); vírus do mosaico da melancia (*Watermelon mosaic virus* – WMV); vírus do mosaico amarelo da abobrinha de moita (*Zucchini yellow mosaic virus* – ZYMV); Família *Bromoviridae*, gênero *Cucumovirus*: vírus do mosaico do pepino (*Cucumber mosaic*



*virus* – CMV); Família *Comoviridae*, gênero *Comovirus*: vírus do mosaico da abóbora (*Squash mosaic virus* – SqMV) (OLIVEIRA et al., 2000; MOURA et al., 2001) e vírus do amarelão, cuja etiologia ainda não está definida, possivelmente um novo vírus da família *Flexiviridae*, gênero *Carlavirus* (NAGATA et al., 2003; 2005) ou da família *Closteroviridae*, gênero *Crinivirus* (LIMA et al., 2002).

As plantas infectadas por vírus podem apresentar mosaico, redução do limbo foliar, deformação nas folhas e frutos, podendo a sintomatologia variar conforme o hospedeiro infectado, assim como com a ocorrência de infecções mistas (RAMOS et al., 2003). Os vírus mencionados já foram identificados através de levantamentos realizados de forma esporádica, sendo que as informações são insuficientes para inferir sobre a predominância de cada um, assim como sobre a ocorrência em épocas distintas uma vez que a ocorrência de viroses depende de vários fatores como a época do ano, a presença e preferência de vetores. Desta forma, tornou-se necessário monitorar a ocorrência de vírus em campos irrigados de cucurbitáceas do Sub-Médio São Francisco em Petrolina (PE) e Juazeiro (BA), com o objetivo de se ter informações sobre a predominância de vírus na região e sua distribuição nos campos de culturas, nas diferentes épocas do ano, para possibilitar o direcionamento dos programas de melhoramento sobre resistência e identificação de possíveis novos vírus ainda não identificados.

## **2 MATERIAL E MÉTODOS**

Durante os anos de 2002 a 2007 foram coletadas amostras foliares de cucurbitáceas com e sem sintomas de infecção por vírus em áreas irrigadas de Petrolina e Juazeiro na região do Sub-Médio São Francisco. Coletaram-se amostras nas localidades de Bebedouro, localizada a 40 km de Petrolina, Catinguinha, distrito de Petrolina, localizado a 25 km da sede, no campo experimental do Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais da Universidade do Estado da Bahia (UNEB/DTCS) em

Juazeiro e na localidade de Maniçoba, localizada a 50 km de Juazeiro. As amostras foram coletadas em áreas de produtores assim como em áreas experimentais. Além de plantas exibindo sintomas de viroses também foram coletadas amostras de plantas sem sintomas aparentes de infecção por vírus que foram testadas para verificar a possível ocorrência de plantas que não expressam sintomas mesmo quando infectadas por vírus. As coletas foram realizadas, de modo sistemático, no primeiro e segundo semestres de cada ano, com o número de amostras variando conforme o surgimento de plantas com sintomas em campo, sendo coletadas amostras das seguintes espécies vegetais: *Benincasa hispida* Thunb., *C. lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai, *C. lanatus* var. *citroides* (L. H. Bailey) Mansf., *Cucumis melo* L., *Cucurbita* spp., híbridos F<sub>1</sub> de *C. lanatus* com *C. lanatus* var. *citroides*, *Lagenaria* sp. e *Momordica charantia* L. As amostras foram enviadas ao Laboratório de Virologia Vegetal da Universidade Federal do Ceará, onde foram testadas por “enzyme-linked immunosorbent assay” (ELISA) indireto (ALMEIDA, 2001) contra anti-soros específicos para CMV, PRSV-W, WMV e ZYMV. Todas as amostras também foram testadas por dupla difusão em agar contra anti-soro específico para SqMV, que não apresenta resultados confiáveis em ELISA indireto (Informações pessoais, José Albérico de Araújo Lima).

### **3 RESULTADOS E DISCUSSÃO**

No decorrer de cinco anos foram analisadas amostras de 1162 plantas de cucurbitáceas, das quais 754 estavam infectadas com vírus (Tabela 1). Das amostras avaliadas, 125 não apresentavam sintomas de infecção por vírus, sendo que dessas, 42 estavam infectadas. Embora sem sintomas aparentes, essas plantas podem ser fontes potenciais de inóculo, uma vez que permitem a multiplicação do vírus sem expressar sintomas. Além disso, podem levar a resultados falso-negativos em estudos onde apenas as plantas que apresentam sintomas são testadas sorologicamente. Em diversos estudos realizados para identificação de vírus em cucurbitáceas em regiões brasileiras,

**Tabela 1** – Levantamento da presença dos vírus: *Papaya ringspot virus*, type watermelon (PRSV-W), *Watermelon mosaic virus* (WMV), *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV), *Cucumber mosaic virus* (CMV) e *Squash mosaic virus* (SqMV) e espécies de cucurbitáceas coletadas em Petrolina – PE e Juazeiro – BA. UNEB-DTCS, Juazeiro - BA / Laboratório de Virologia Vegetal - UFC, Fortaleza-CE, 1º semestre de 2002 a 2º semestre de 2007.

Ano / semestre	Número de Plantas			Número de plantas infectadas com vírus			
	Avaliadas*	Infect.	Com infec. mistas	CMV	PRSV-W	WMV	ZYMV
2002/2	38	18	05	-	13	06	-
2003/1	41	33	07	-	08	10	20
2003/2	49	44	05	-	42	09	-
2004/1	47	35	08	01	34	16	09
2004/2	20	16	17	-	12	10	11
2005/1	157	111	45	-	62	47	42
2005/2	10	06	01	-	06	01	01
2006/1	232	117	53	-	51	61	65
2006/2	317	210	48	-	143	108	54
2007/1	143	79	50	01	61	42	23
2007/2	108	85	26	-	77	27	06
<b>Total</b>	<b>1162</b>	<b>754</b>	<b>265</b>	<b>02</b>	<b>509</b>	<b>337</b>	<b>231</b>
Espécies de cucurbitáceas							
<i>Benincasa hispida</i>	03	03	02	-	02	-	03
<i>Citrullus lanatus</i>	835	586	186	02	405	265	176
<i>Citrullus lanatus</i> var. <i>citroides</i>	138	41	06	-	03	16	18
<i>Cucumis melo</i>	17	07	06	-	06	05	03
<i>Cucumis metuliferus</i>	03	01	-	-	-	01	-
<i>Cucurbita</i> sp.	11	09	09	-	09	09	4
Híbridos <i>C. lanatus</i> x <i>C. lanatus</i> var. <i>citroides</i>	144	101	52	-	82	39	24
<i>Momordica charantia</i>	04	-	-	-	-	-	-
<i>Lagenaria</i> sp.	07	06	04	-	02	02	03
<b>Total</b>	<b>1162</b>	<b>754</b>	<b>265</b>	<b>02</b>	<b>509</b>	<b>337</b>	<b>231</b>

\* Plantas avaliadas por ELISA indireto contra anti-soros específicos para os potyvírus PRSV-W, WMV e ZYMV; para o cucumovírus CMV e por dupla difusão em ágar para o comovírus SqMV.

tem-se utilizado testes sorológicos, porém em algumas situações, apenas plantas com sintomas têm sido envolvidas nas amostragens (OLIVEIRA et al., 2000; MOURA et al., 2001; HALFELD-VIEIRA et al., 2004), de forma que plantas com infecções latentes não têm sido consideradas. Mesmo com as amostras assintomáticas, o número de plantas não infectadas pelos vírus avaliados foi bastante elevado. Esse fato pode ser explicado em razão das amostragens terem contemplado áreas experimentais onde se cultivavam germoplasma de cucurbitáceas com frequências elevadas de alelos para resistência a vírus.

O PRSV-W predominou na maioria das avaliações, excetuando-se o primeiro semestre de 2003 e 2006, onde predominou a presença de ZYMV. Por outro lado, mesmo em menor proporção que ZYMV, o PRSV-W esteve presente em 24 e 43% das amostras infectadas (Tabela 1). O WMV ocorreu em proporções variadas, com número de amostras infectadas superior a ZYMV, estando presente em todas as avaliações, exceto no segundo semestre de 2002 e 2003 (Tabela 1). O CMV foi detectado em apenas duas avaliações, no primeiro semestre de 2004 e 2007 (Tabela 1), sendo detectado em infecções mistas com os potyvírus PRSV-W, WMV e ZYMV (Tabela 2). Não foram identificadas infecções com SqMV, indicando a ausência ou baixa prevalência desse comovírus na Região. De outra parte, a ausência do SqMV nas avaliações pode ser justificada pelo fato de somente algumas estirpes desse vírus infectarem a melancia (LIMA e VIEIRA, 1992) espécie que mais predominou entre as amostras coletadas (Tabela 1). Quando consideradas as espécies individualmente, mesmo aquelas com um pequeno número de amostras avaliadas, das oito, apenas *M. charantia* não apresentou infecção por nenhum dos vírus analisados, podendo se caracterizar em uma fonte de resistência ou imunidade (Tabela 1). Por outro lado, pode ter ocorrido “escape”, uma vez que a transmissão de vírus em campo é influenciada por fatores como condições ambientais e preferência alimentar de vetores. *Cucumis metuliferus* foi infectado apenas com WMV (Tabela 1). Nas demais espécies, foi possível observar infecções por PRSV-W, WMV e ZYMV, sendo que, em todas as

espécies foram observadas infecções mistas (Tabela 1). Em *C. lanatus*, além desses três vírus também foram encontradas infecções por CMV (Tabela 1). O elevado índice de infecções mistas pode ser explicado pelo fato desses vírus serem transmitidos de forma não persistente por várias espécies de afídeos. A transmissão de vários potyvírus é dependente da presença de uma proteína não estrutural, denominada componente auxiliar “Helper Component-Protein”(HC-Pro) (FROISSART et al., 2002). Esta proteína está presente em plantas infectadas e ausente em plantas saudáveis (PIRONE, 1981). Lecoq e Pitrat (1985) demonstraram a eficiência do HC-Pro na transmissão de PRSV-W, WMV e ZYMV para melão através de *Myzus persicae* Sulzer (Hemiptera: Aphididae), onde HC-Pro de PRSV-W permitiu alta transmissão de PRSV-W mas não foi eficiente para ZYMV, enquanto que HC-Pro de WMV permitiu alto índice de transmissão para os três vírus e HC-Pro de ZYMV, embora eficiente para WMV e ZYMV, foi significativamente baixa para PRSV-W.

A baixa incidência do CMV nos campos avaliados pode ser explicada pela inibição ou interferência na sua transmissão pela presença de outros vírus. Pinto (2003) verificou a interferência dos potyvírus PRSV-W e ZYMV na transmissão do CMV por *Aphis gossypii* (Glover, 1877) (Hemiptera: Aphididae) e *M. persicae* para abobrinha de moita (*Cucurbita pepo* L.). Essa interferência pode ser a causa da baixa incidência do CMV nas amostragens realizadas, uma vez que o PRSV-W e/ou o ZYMV estiveram presentes em todas as avaliações.

No Brasil, PRSV-W, WMV e ZYMV são os vírus mais importantes em cultivos de cucurbitáceas, com predominância do PRSV-W. Por outro lado, o WMV e o ZYMV têm sido detectados em vários Estados do país (OLIVEIRA et al., 2000; MOURA et al., 2001; HALFELD-VIEIRA et al., 2004). No Nordeste brasileiro, foram encontrados além desses potyvírus o cucumovírus CMV e o comovírus SqMV, porém sempre em baixa incidência e causando poucos danos (OLIVEIRA et al., 2000; MOURA et al., 2001). Em levantamento realizado em campos irrigados de melão e

**Tabela 2** – Amostras com infecção mista de um ou mais dos vírus: *Cucumber mosaic virus* (CMV), *Papaya ringspot virus* type “watermelon” (PRSV-W), *Watermelon mosaic virus* (WMV) e *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV). Levantamento de viroses em Cucurbitáceas em Petrolina – PE e Juazeiro – BA. UNEB-DTCS, Juazeiro - BA / Laboratório de Virologia Vegetal - UFC, Fortaleza-CE, 2º semestre de 2002 a 1º semestre de 2007.

Ano / semestre	Nº. de amostras com infecção mista	Número de amostras infectadas com dois ou mais vírus					
		CMV e PRSV-W	CMV, PRSV-W, WMV e ZYMV	PRSV-W, WMV e ZYMV	PRSV-W e WMV	PRSV-W e ZYMV	WMV e ZYMV
2002/2	05	-	-	-	05	-	-
2003/1	07	-	-	01	-	06	-
2003/2	05	-	-	-	03	02	-
2004/1	08	-	-	02	06	-	-
2004/2	17	01	-	01	13	02	-
2005/1	45	-	-	16	18	02	09
2005/2	01	-	-	-	01	-	-
2006/1	53	-	-	22	25	02	04
2006/2	48	-	-	07	30	07	04
2007/1	50	-	01	07	31	10	01
2007/2	26	-	-	03	18	04	01
<b>Total</b>	<b>265</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>59</b>	<b>150</b>	<b>35</b>	<b>19</b>

\* Plantas avaliadas por ELISA indireto contra anti-soros específicos para os potyvírus PRSV-W, WMV e ZYMV; para o cucumovírus CMV e por dupla difusão em ágar para o comovírus SqMV.

melancia no Submédio São Francisco em 1997 foram avaliadas 269 amostras de cucurbitáceas com sintomas de viroses, tendo ocorrido a predominância de PRSV-W, enquanto que em levantamento realizado em 1999 predominaram as amostras infectadas com WMV. Nos levantamentos realizados anteriormente as amostras não foram avaliadas para ZYMV (LIMA et al., 1997; CRUZ et al., 1999). De outra parte, levantamentos realizados no Nordeste brasileiro mais recentemente têm mostrado um crescente aumento na presença do ZYMV (OLIVEIRA et al., 2000; MOURA et al., 2001), que apresenta sintomas mais severos que o PRSV-W e o WMV, podendo causar maiores prejuízos, em especial quando ocorre em infecção mista (RAMOS et al., 2003). Considerando os danos causados por viroses em cucurbitáceas e a ineficiência do controle dos vetores, a melhor maneira de conviver com essas doenças ainda é o uso de resistência genética. Contudo, é possível constatar que os potyvírus PRSV-W, WMV e ZYMV predominam nas áreas amostradas e ocorreram de forma simultânea e

consistentemente em todos os anos e épocas considerados, de forma que os programas de melhoramento de cucurbitáceas que buscam o desenvolvimento de híbridos e/ou cultivares resistentes, para cultivo nessa região, devem, sempre, considerar estes três potyvírus.

#### 4 REFERÊNCIAS

ALMEIDA, A. M. R. Detecção e quantificação de vírus pelo teste Elisa. In: ALMEIDA, A. M. R.; LIMA, J. A. A. (Eds.) **Princípios e técnicas de diagnose aplicados em fitovirologia**. Londrina: Embrapa Soja / Sociedade Brasileira de Fitopatologia. 2001.p. 63-94.

CRUZ, E. S; PAZ, C. D.; PIO-RIBEIRO, G.; BATISTA, D. C.; PEREIRA FILHO, G. G.; ANDRADE, G. P. Levantamento de viroses em melancia e melão no Submédio São Francisco. In: CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA, 22, 1999, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: Grupo Paulista de Fitopatologia, 1999. p. 21.

FROISSART, R.; MICHALAKIS, Y.; BLANC, S. Helper Component-Transcomplementation in the Vector Transmission of Plant Viruses. **Phytopathology**, St. Paul, v. 92, n.6, p. 576-579, 2002.

HALFELD-VIEIRA, B. A.; RAMOS, N. F.; RABELO FILHO, F. A. C.; GONÇALVES, M. F. B.; NECHET, K. L.; PEREIRA, R. R. V. S.; LIMA, J. A. A. Identificação sorológica de potyvirus em melancia no Estado de Roraima. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 29, n.6, p. 687-689, 2004.

LECOQ, H.; PITRAT, M. Specificity of the helper-component mediated aphid transmission of three potyviruses infecting muskmelon. **Phytopathology**, St. Paul, v. 75, n.8, p. 890-893, 1985.

LIMA, J. A. A.; RAMOS, N. F.; SALES JUNIOR, R.; LIMA, R. C. A.; MATSUOKA, K. Estudos preliminares do vírus amarelão do meloeiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v.27, p:207-207, 2002 (Suplemento).

LIMA, M. F; QUEIROZ, M. A.; DIAS, R. C. S. Avaliação de germoplasma de melancia a viroses no Submédio do Vale do São Francisco. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 17, n. 2, p. 20-22, 1997 (Suplemento).



LIMA, J. A. A.; VIEIRA, A. C. Distribuição do vírus do mosaico da abóbora em municípios cearenses e gama de hospedeiras de um isolado. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 17, n.1, p. 112-114, 1992.

MOURA, M. C. C. L.; LIMA, J. A. A.; OLIVEIRA, V. B.; GONÇALVES, M. F. B. Identificação sorológica de espécies de vírus que infetam cucurbitáceas em áreas produtoras do Maranhão. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 26, n.1, p. 90-92, 2001.

NAGATA, T.; ALVES, D. M. T.; INOUE-NAGATA, A. K.; TIAN, T. Y.; KITAJIMA, E. W.; CARDOSO, J. E.; ÁVILA, A. C. A novel melon flexivirus transmitted by whitefly. **Archives of Virology**, Viena, v.150, n.2, p.379-387, 2005.

NAGATA, T.; KITAJIMA, E. W.; ALVES, D. M. T.; CARDOSO, J. E.; INOUE-NAGATA, A. K.; OLIVEIRA, R. V.; ÁVILA, A. C. Isolation of a novel carlavirus from melon in Brazil. **Plant Pathology**, Wageningen, v.52, n.6, p.797-797, 2003.

OLIVEIRA, V. B.; LIMA, J. A. A.; VALE, C. C.; PAIVA, W. O. Caracterização biológica e sorológica de isolados de potyvirus obtidos de cucurbitáceas no Nordeste brasileiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 25, n.4, p. 628-636, 2000.

PINTO, Z. V. **Efeito da origem dos isolados do *Cucumber mosaic virus* (CMV) e da presença de dois potyvirus na transmissão do CMV para abobrinha de moita por meio de duas espécies de afídeos**. 2003. 47 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Fitopatologia)-Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

PIRONE, T. P. Efficiency and selectivity of the helper-component-mediated aphid transmission of purified potyviruses. **Phytopathology**, St. Paul, v. 71, n.6, p. 922-924, 1981.

RAMOS, N. F.; LIMA, J. A. A.; GONÇALVES, M. F. B. Efeitos da interação de potyvirus em híbridos de meloeiro, variedades de melancia e abobrinha. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 28, n.2, p. 199-203, 2003.

### CAPÍTULO III

#### FONTES DE RESISTÊNCIA EM MELANCIA A VÍRUS DO GÊNERO *POTYVIRUS*

##### RESUMO

Entre as principais doenças que infectam a cultura da melancia se destacam as viroses ocasionadas pelos potyvírus, vírus da mancha anelar do mamoeiro estirpe melancia (*Papaya ringspot virus*, type watermelon – PRSV-W), vírus do mosaico da melancia (*Watermelon mosaic virus*) e vírus do mosaico amarelo da abobrinha de moita (*Zucchini yellow mosaic virus* - ZYMV), são responsáveis por perdas consideráveis na produção de melancia em todo o país. Com o objetivo de selecionar linhas avançadas de melancia com elevada homozigose para resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV, e apresentando diferentes características de planta e fruto, foram desenvolvidos experimentos no Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais da Universidade do Estado da Bahia (DTCS/UNEB) e no Laboratório de Virologia Vegetal da Universidade Federal do Ceará (LabVVeg/UFC). As fontes selecionadas foram provenientes de acessos do BAG de melancia do Nordeste Brasileiro. Foram usados os acessos 91-080 e 87-019 como fontes de resistência a PRSV-W; 87-019, 91-043 e PI 244019 como fontes de resistência a WMV e 87-029 como fonte de resistência a ZYMV. Progênieis endogâmicas obtidas desses acessos foram caracterizadas morfológicamente em experimentos de campo e também foram utilizadas para obtenção de novas progênieis endogâmicas. Foram utilizados os descritores cores interna e externa, teor de sólidos solúveis (°Brix) e formato do fruto. Foram avaliadas 79 linhas dos diferentes acessos em condições controladas de casa de vegetação mediante inoculação artificial com isolados dos respectivos vírus. As plantas negativas indicadas pelo ELISA indireto no experimento de casa de vegetação foram avaliadas em condições naturais na presença dos vírus e seus vetores. Foram observados diferentes padrões de fruto com variação para cor de polpa (branca, branca com rosa em volta das sementes, amarela, amarela com rosa em volta das sementes, rosa claro e intenso e vermelho), cor externa (verde claro, verde médio e verde escuro com e sem listras), teor de sólidos solúveis (2,0 a 7,6° Brix) e formato (frutos arredondados e alongados), indicando a possibilidade de se selecionar linhas resistentes a PRSV-W, WMV e ZYMV para atender a exigências de diferentes mercados. A frequência de linhas no experimento de casa de vegetação variou de zero a 100%. Apenas 46 linhas completaram o ciclo em condições naturais devido a problemas de excesso de chuvas. A frequência de plantas que não permitiram a multiplicação do vírus em campo também variou de zero a 100%. Vinte e seis linhas representantes de todos os acessos avaliados (sete para PRSV-W, sete para WMV e 12 para ZYMV)

apresentaram 100 % de plantas desse tipo, podendo as mesmas, caso não sejam escapes, se encontrar em homozigose para a característica de resistência a viroses e, assim poderão ser utilizadas em programas de melhoramento de melancia para resistência a viroses na região do Submédio São Francisco.

**Palavras-Chave:** *Citrullus lanatus*, PRSV-W, WMV, ZYMV, Resistência em campo.

## ABSTRACT

### SOURCES OF RESISTANCE TO VIRUSES OF THE GENUS *POTYVIRUS* IN WATERMELON

Among the watermelon main diseases the viruses caused by *Papaya ringspot virus*, type watermelon – PRSV-W, *Watermelon mosaic virus* – WMV and *Zucchini yellow mosaic virus* – ZYMV are responsible by high losses in watermelon production in the country. In order to select advanced watermelon lines with high homozygosity for resistance to PRSV-W, WMV and ZYMV and different plant and fruit characteristics, experimental trials were developed at the Department of Technology and Social Sciences (DTCS/UNEB), Juazeiro-BA and also in the Laboratory of Virology at the Federal University of Ceará (LabVVeg/UFC). The selected sources came from the Watermelon Germplasm Bank of the Brazilian Northeast. Accessions 91-080 and 87-019 to PRSV-W; 87-019, 91-043 and PI 244019 to WMV and 87-029 to ZYMV were used. Selfing progenies from these accessions were characterized using morphological descriptors. New generations of selfed progenies were also derived from these original progenies. The experiments were carried out at the DTCS/UNEB. The morphological descriptors were: internal and external fruit color; soluble solid contents (°Brix) and fruit shape. Seventy nine lines from different accessions were evaluated under greenhouse using artificial inoculations with pure virus isolates. The negative plants indicated by indirect enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) in the green house trial were evaluated in field conditions where the viruses and their vectors were present. Different fruit patterns for flesh color (white and white with pink color around the seeds; the same for yellow flesh color; light and dark pink, and red color), rind color (light, medium and dark green with and without stripes), soluble solid contents (2 to 7.6 °Brix) and fruit shape (rounded and elongated) were found, indicating the possibility to select resistant lines to PRSV-W, WMV and ZYMV to reach the requirements of different markets. The frequency of resistant lines in the green house trials ranged from zero to 100% (only five lines). Only forty six lines selected in green house completed the cycle in the field experiment due to excess of rains. The frequency of plants, in field, which did not allow the virus multiplication also ranged from zero to 100%. Twenty six lines, representing all evaluated accessions (seven to PRSV-W, seven to WMV and twelve to ZYMV) presented plants of this type. These lines, if not scapes, may be homozygous for the trait resistance to viruses, and, therefore, can be used in watermelon breeding programs for virus resistance in the Lower Middle São Francisco River Basin.

**Keywords:** *Citullus lanatus*, PRSV-W, WMV, ZYMV, field resistance.

## 1 INTRODUÇÃO

A melancia [*Citrullus lanatus* (Thumb.) Matsum. & Nakai] é uma importante hortaliça para o agronegócio brasileiro, tendo gerado rendimentos em torno de R\$ 500 milhões em 2005 (AGRIANUAL 2007). Porém, em virtude dos poucos genótipos utilizados nos cultivos terem sido desenvolvidos para condições diferentes daquelas existentes no Brasil, os mesmos são suscetíveis a várias pragas e doenças.

Entre as principais doenças que infetam a cultura da melancia se destacam as viroses ocasionadas pelos vírus do gênero *Potyvirus*, vírus da mancha anelar do mamoeiro, estirpe melancia (*Papaya ringspot virus*, type watermelon – PRSV-W), vírus do mosaico da melancia (*Watermelon mosaic virus*) e vírus do mosaico amarelo da abobrinha de moita (*Zucchini yellow mosaic virus* - ZYMV), responsáveis por perdas consideráveis na produção de melancia em todo o país.

Em levantamentos realizados de forma sistemática nos últimos cinco anos, os potyvírus PRSV-W, WMV e ZYMV foram constatados em cultivos de cucurbitáceas na região do Submédio São Francisco, confirmando sua importância, em especial para a cultura da melancia (Dados não publicados).

Por serem transmitidos por afídeos de forma não persistente, as tentativas de controle, através da aplicação de produtos químicos para o controle dos vetores, têm sido ineficientes considerando que quando o vetor é controlado já transmitiu o vírus. Além de ineficiente, essa estratégia apresenta limitações, como o aumento no custo de produção, ocorrência de impactos ambientais, podendo ocasionar a morte de predadores naturais, além de favorecer a seleção de vetores resistentes e o risco de resíduos para os consumidores. Por outro lado, a produção de alimentos saudáveis e produzidos sem agressão ao meio ambiente tem sido cada vez mais exigida pelos consumidores, de forma que o uso de resistência genética para controlar doenças de plantas ainda é a maneira mais eficiente e recomendada.

Existem relatos de fontes de resistência a esses vírus em diversas espécies de cucurbitáceas, a exemplo de resistência ao PRSV-W em pepino (*Cucumis sativus* L.) (SILVA e COSTA, 1978), resistência ao PRSV-W em abóbora (*Cucurbita maxima* Duch) (MALUF e SOUZA, 1984) e resistência dupla a WMV e ZYMV em *Citrullus colocynthis* (L.) Schrad. (PROVVIDENTI, 1986).

Em melancia foram relatadas fontes de resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV (BOYHAN et al., 1992; GILASPIE JR. e WRIGHT, 1993; OLIVEIRA et al., 2002; SVOBODA e POLÁK, 2004; GUNER e WEHNER, 2004). Em virtude dos potyvírus apresentarem uma grande variabilidade de estirpes e seus hospedeiros apresentarem comportamento diferenciado na presença das mesmas, é de fundamental importância a identificação de novas fontes de resistência a esses potyvírus. É importante salientar a necessidade de se realizar seleção em condições controladas com isolados provenientes do local onde se pretende utilizar as fontes, uma vez que, do contrário, a seleção pode não ser eficiente. Considerando que os isolados disponíveis nos bancos de vírus não conseguem representar todas as estirpes de um determinado vírus, essa situação pode ser contornada ao se selecionar genótipos em condições controladas e em seguida submetê-los a condições de campo em presença de vetores e dos vírus (SILVEIRA et al., 2005).

Para se utilizar uma fonte de resistência em um programa de melhoramento de forma eficiente é necessário que a mesma apresente elevada homozigose para essa característica. Oliveira et al. (2002) ao avaliarem germoplasma de melancia coletado na agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, bem como germoplasma introduzido dos Estados Unidos, identificaram fontes de resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV. Por outro lado, Silveira (2004), ao avaliar uma amostra dos acessos testados por esses autores pôde observar que essas fontes estavam segregando para resistência e suscetibilidade, impossibilitando seu uso direto em programas de melhoramento e evidenciando a necessidade de selecionar fontes homozigotas a partir dos mesmos. Em sua maioria, os acessos são heterogêneos para várias características, de modo que

aqueles avaliados por Oliveira et al. (2002) e Silveira (2004) podem também apresentar variabilidade para características de planta e fruto, o que poderá possibilitar a seleção de fontes de resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV com diferentes padrões de planta e frutos, podendo essas fontes serem utilizadas nas estratégias de melhoramento para atender diferentes mercados.

O presente trabalho teve como objetivo selecionar linhas avançadas de melancia com elevada homozigose para resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV, apresentando diferentes características de planta e fruto.

## **2 MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 Genótipos utilizados para seleção**

Para seleção de fontes de resistência a PRSV-W foram utilizadas as progênies cinco e nove, selecionadas por Silveira et al. (2005) e provenientes dos acessos 91-080 e 87-019 do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, localizado na Embrapa Semi-Árido em Petrolina (PE).

As fontes de resistência a WMV foram selecionadas a partir das progênies dois e três, selecionadas por Silveira et al. (2005) e provenientes dos acessos 87-019 e 91-043 pertencentes ao BAG de Cucurbitáceas para o NE brasileiro.

As fontes de resistência a ZYMV foram selecionadas a partir de progênies endogâmicas obtidas do cruzamento do acesso 87-029 com a cultivar comercial Crimson Sweet. Foram selecionadas quatro progênies: Z1 e Z2 (provenientes, respectivamente da população  $F_1$  e do retrocruzamento para CS) e Z3 e Z4 (provenientes da população  $F_2$ ).

Também foram selecionadas duas progênies do acesso PI 244019 relatado como fonte de resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV (SILVEIRA, 2004), também pertencentes ao BAG de Cucurbitáceas.

As progênies apresentam endogamia diferenciada, sendo que a cinco e a nove avaliadas para resistência a PRSV-W e a dois para resistência a WMV, constituíram progênies S4; a progênie três avaliada para resistência a WMV, bem como Z3 e Z4 avaliadas para resistência a ZYMV constituíram progênies S3, e as progênies obtidas de PI 244019 avaliadas para resistência a WMV, bem como Z1 e Z2 avaliadas para resistência a ZYMV constituíram progênies S2.

Os acessos 87-019, 91-080, 91-043 e 87-029 são da espécie *C. lanatus* e foram coletados na agricultura tradicional do Nordeste brasileiro nos estados de Pernambuco, Maranhão, Bahia e Piauí, respectivamente. O acesso PI 244019 é da espécie *Citrullus lanatus* (Thumb.) Mansf. var. *citroides* (Bailey) Mansf. e foi introduzido a partir do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (SILVEIRA, 2004).

## **2.2 Multiplicação e caracterização morfológica das progênies**

Na fase inicial da seleção as progênies cinco e nove, resistentes a PRSV-W, as progênies dois e três resistentes a WMV e as progênies Z1, Z2, Z3 e Z4, resistentes a ZYMV foram multiplicadas em campo para serem caracterizadas morfológicamente, assim como para abertura de linhas e obtenção de mais uma geração de autofecundação.

O experimento foi conduzido no Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais da Universidade do Estado da Bahia – UNEB/DTCS. Cada progênie foi semeada em bandeja contendo substrato para hortaliças e mantida em casa de vegetação até o surgimento da primeira folha definitiva, quando foram transplantadas para campo. Cada progênie foi alocada em uma parcela, sendo transplantadas 15 plantas por parcela. O espaçamento utilizado foi de 3,00 m entre fileiras e 0,80 m entre plantas. Os tratos culturais foram àqueles utilizados normalmente para a cultura da melancia. Todas as plantas foram submetidas a polinizações controladas para obtenção de progênies endogâmicas. As progênies foram caracterizadas morfológicamente



utilizando-se os seguintes descritores: cores externa e interna, através de avaliação visual, teor de sólidos solúveis (°Brix) e formato. A classificação do formato foi feita de acordo com escala adaptada de Lopes (1982), com base na razão entre o diâmetro longitudinal e transversal do fruto (RF), como segue: comprimido ( $RF < 0,9$ ), esférico ( $0,9 \leq RF \leq 1,1$ ), arredondado ( $1,1 < RF \leq 1,4$ ) e alongado ( $RF > 1,4$ ).

As progênies foram colhidas individualmente, sendo que cada planta deu origem a uma linha. Essas linhas foram avaliadas em laboratório tendo início à seleção de linhas de melancia resistentes a PRSV-W, WMV e ZYMV.

### **2.3 Avaliação dos genótipos para resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV**

Foram avaliadas as linhas descritas anteriormente e as linhas provenientes do acesso PI 244019. A avaliação dos genótipos consistiu de avaliações em condições controladas de casa de vegetação e avaliações em condições de campo na presença de vetores e dos vírus.

#### **2.3.1 Avaliação em condições controladas de casa de vegetação**

As avaliações foram realizadas na casa de vegetação do Laboratório de Virologia Vegetal da Universidade Federal do Ceará (LabVVeg/UFC). Sementes de cada linha foram semeadas em vasos de polietileno contendo substrato composto de solo e esterco na proporção de duas partes de solo para uma de esterco, esterilizado a 120 °C por 2 h. Para cada linha foram semeadas 16 sementes, excetuando-se as progênies provenientes do acesso PI 244019 que foram semeadas 20. Após a germinação foram cultivadas quatro plantas por vaso, com o número de plantas por linha variando conforme a germinação. Como testemunha suscetível, foram utilizadas a cultivar comercial de melancia Crimson Sweet e a cultivar comercial Caserta de

abobrinha (*Cucurbita pepo* L.). Para PRSV-W foram avaliadas 23 linhas; para WMV 25 linhas (23 de *C. lanatus* e 02 de *C. lanatus* var. *citroides*) e para ZYMV, 31 linhas.

Após a germinação as plantas foram inoculadas mecanicamente com cada um dos vírus para o qual estavam sendo selecionadas. Uma primeira inoculação foi realizada na fase inicial de desenvolvimento das plantas, antes do surgimento da primeira folha definitiva, oito a dez dias após a semeadura. Foram utilizados como inóculos, isolados obtidos em campos de produção de melão e/ou melancia dos Estados do Ceará (PRSV-W), Bahia e Pernambuco (WMV) e Rio Grande do Norte (ZYMV) os quais são mantidos no Banco Ativo de Vírus do LabVVeg/UFC (OLIVEIRA et al., 2000).

As inoculações foram realizadas utilizando-se extratos de plantas de abobrinha Caserta sistemicamente infectadas com cada vírus, preparadas na presença de solução tampão 0,05 M de fosfato e potássio, pH 7,5, através da maceração de tecido foliar infectado na proporção de 1,0 g de tecido para 2,0 ml de solução.

Quinze dias após a primeira inoculação, foi realizada uma avaliação sintomatológica e sorológica através do teste “Enzyme-linked immunosorbent assay” (ELISA) indireto contra anti-soros específicos para PRSV-W, WMV e ZYMV. As plantas que não apresentaram sintomas e se apresentaram negativas em ELISA foram submetidas a uma segunda inoculação, sendo novamente avaliadas através de sintomatologia e sorologia 15 dias após a segunda inoculação. A avaliação sintomatológica considerou os seguintes sintomas: mosaico, bolhosidade, distorção e deformação foliar, podendo os mesmos ocorrer separados ou em conjunto e em intensidades diferentes dependendo do vírus inoculado e da linha avaliada. Uma planta foi considerada negativa em ELISA quando apresentou valor de absorbância inferior ou igual a duas vezes e meia a média das absorbâncias das plantas sadias.

As plantas que permaneceram sem sintomas e negativas em ELISA após a segunda inoculação foram enviadas a UNEB/DTCS para serem avaliadas em condições de campo.

### 2.3.2 Avaliação em condições de campo

As avaliações em condições de campo consistiram em levar as plantas selecionadas em laboratório para a área experimental do UNEB/DTCS e cultivá-las sem o uso de inseticidas, permitindo a visitação e alimentação dos insetos vetores. O espaçamento utilizado variou conforme o número de plantas contido nos vasos, uma vez que as plantas de um mesmo vaso foram transplantadas para a mesma cova para evitar danos no sistema radicular. Dessa forma o espaçamento variou de 0,80 m a 2,00 m entre plantas por 3,0 m entre fileiras, uma vez que as covas que continham mais de uma planta necessitavam ter seus ramos separados para evitar enganos quando da realização de polinizações controladas. Os tratos culturais foram àqueles utilizados normalmente para a cultura da melancia na região.

Durante o período de desenvolvimento das plantas em campo, foram coletadas amostras foliares para avaliação em laboratório contra anti-soros específicos para PRSV-W, WMV e ZYMV, além de outros vírus que ocorrem em cucurbitáceas, vírus do mosaico da abóbora (*Squash mosaic virus* - SqMV) família *Comoviridae*, gênero *Comovirus* e o vírus do mosaico do pepino (*Cucumber mosaic virus* - CMV) família *Bromoviridae*, gênero *Cucumovirus*. As amostras foram coletadas no início e no final do desenvolvimento das plantas, próximo à colheita. Esse monitoramento permitiu verificar a presença dos vírus em campo, assim como se as plantas selecionadas em laboratório mantiveram a resistência em campo. As plantas foram submetidas a polinizações controladas para obtenção de mais um ciclo de autofecundação, produzindo progênies endogâmicas onde: das linhas provenientes das progênies cinco e nove, avaliadas para resistência a PRSV-W e das linhas provenientes da progênie dois, avaliada para resistência a WMV, foram obtidas progênies S5; das linhas provenientes da progênie três, avaliada para resistência a WMV e das linhas provenientes de Z3 e Z4 avaliadas para resistência a ZYMV foram obtidas progênies S4; das linhas provenientes de PI 244019 avaliadas para resistência a WMV e das

linhas provenientes de Z1 e Z2 avaliadas para resistência a ZYMV foram obtidas progênies S3.

### **3 RESULTADOS E DISCUSSÃO**

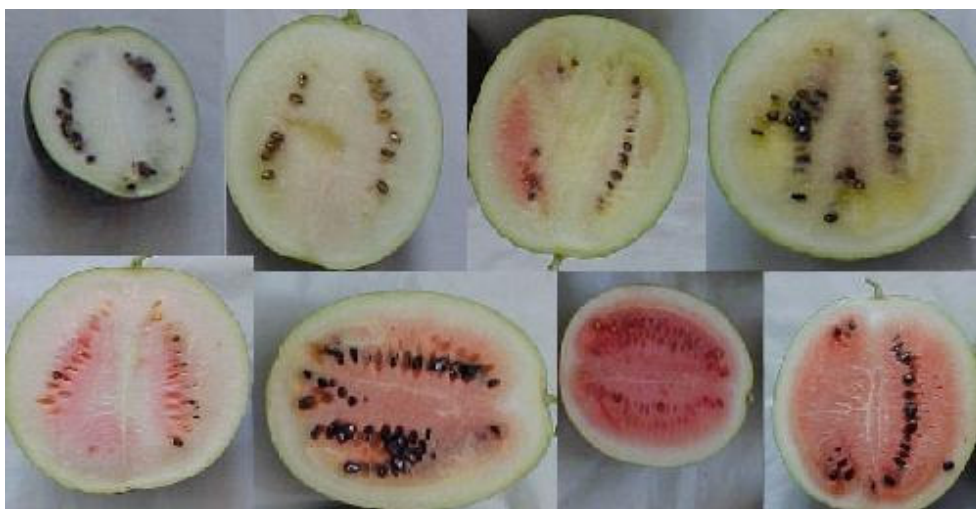
#### **3.1 Caracterização morfológica de linhas de melancia para seleção de fontes de resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV**

Quando consideradas as oito progênies utilizadas para abertura de linhas, foi possível observar variabilidade para todas as características avaliadas. Para cor externa, foram observados os fenótipos verde claro (Vc), verde médio (Vm) e verde escuro (Ve), com listras (L) e sem listras (La). Quando observada a cor interna, ocorreram polpas nas cores: branca (Br), branca com rosa em volta das sementes (Rs), rosa claro (Rc), rosa intenso (Ri), amarela (A), branca com amarela em volta das sementes (Ars) e vermelha (V). O teor de sólidos solúveis variou de 2,0 a 7,6 °Brix e a relação comprimento sobre diâmetro variou de 0,92 (frutos arredondados) a 3,17 (frutos alongados) (Tabela 1 e Figuras 1 e 2).

Quando consideradas as progênies individualmente, algumas se mostraram homogêneas para algumas características. As progênies três, cinco e Z4 apresentaram apenas frutos de cor externa Vc/L e a progênie nove apenas frutos de cor externa Vm/L. As progênies Z1, Z2 e Z3 apresentaram variabilidade para esta característica, sendo que Z1 apresentou frutos Vc/L e Ve/L, Z2 apresentou frutos Vc/L, Vm/L e Ve/L e Z3 apresentou frutos Vc/L, Vc/La, Ve/L, Ve/La (Tabela 1). Para a característica de cor interna, as progênies dois, três e Z2 apresentaram as cores Br e Rc, as progênies cinco e nove apresentaram as cores Br, Br com Rs, Rc e Ri. Na progênie Z1 foram observadas plantas com frutos de polpa Br, Rc, Ri, A e Br com Ars e na progênie Z3 frutos com polpa semelhante às cores observadas em Z1, exceto pela ausência de frutos com polpa Ri.



**Figura 1** – Diferentes fenótipos para cor externa de frutos de melancia (*Citrullus* spp.) de linhas avaliadas para resistência a potyvírus. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.



**Figura 2** – Diferentes fenótipos para cor de polpa de frutos de melancia (*Citrullus* spp.) de linhas avaliadas para resistência a potyvírus. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

Na progênie Z4 observou-se a polpa de cor Br com Rs, R e V (Tabela 1). Embora tenham ocorrido teores de sólidos solúveis igual a 2,0 °Brix (progênie 03 e

Z4), em todas as progênies ocorreram teores iguais ou superior a 5,0 °Brix, sendo que nas progênies cinco, Z1, Z3 e Z4 foram observados os valores 7,2, 7,6, 7,2 e 7,0 °Brix, respectivamente (Tabela 1). O teor de açúcar em melancia apresenta efeito gênico predominantemente aditivo (FERREIRA et al., 2000) e pode portanto ser melhorado através de seleção, uma vez que Z1, Z2, Z3 e Z4 representam tipos segregantes de cruzamento com CS. No entanto, para as demais progênies torna-se necessário o cruzamento com uma fonte que apresente alto teor de açúcar.

Os dados obtidos com a caracterização preliminar dessas linhas permitem observar que existe a possibilidade de selecionar linhas resistentes aos potyvírus PRSV-W, WMV e ZYMV com características para atender os diferentes mercados, uma vez que foram observados diferentes padrões de cores de casca e de polpa, bem como de formato de frutos.

Produtos diferenciados como hortaliças de cores diferentes têm conseguido despertar o interesse dos consumidores. O controle genético do padrão da casca em melancia tem sido relatado como controlado por uma série tripla-alélica, mas parece variar conforme o genótipo estudado (GUSMINI e WEHNER, 2005). Dessa forma, mesmo as progênies que parecem estar homozigotas para essa característica podem apresentar segregação nos próximos ciclos de seleção, permitindo selecionar linhas variáveis para essa característica. Cores de polpa diferenciadas também podem despertar o interesse de mercados específicos, como a melancia de polpa amarela, que já apresenta algumas variedades disponíveis no mercado. Embora, a cor de polpa branca tenha aparecido em todas as linhas avaliadas, não impede que as mesmas sejam utilizadas em programas de melhoramento para resistência a essas viroses, desde que se utilize uma estratégia adequada, uma vez que a cor da polpa em melancia tem sido relatada como controlada por uma série alélica (HENDERSON et al., 1998), de modo que cruzamentos do parental de polpa branca com parentais diferentes podem levar ao surgimento de cores diferentes, conforme observado por Queiróz et al. (2007), ao estudarem populações  $F_1$  de melancia, obtidas do cruzamento de uma linha de

melancia proveniente do acesso PI 244019 com as cultivares Crimson Sweet, Charleston Gray, Sugar Baby e Smile sendo que os autores observaram as cores de polpa branca para o F<sub>1</sub> com a cultivar Crimson Sweet e a amarela para os F<sub>1</sub>s com as demais cultivares.

**Tabela 1** - Caracterização morfológica de progênies de melancia (*Citrullus lanatus*) para seleção de linhas resistentes a *Papaya ringspot virus*, type watermelon (PRSV-W), *Watermelon mosaic virus* (WMV) e *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV). UNEB-DTCS, Juazeiro - BA 1º semestre de 2005.

Progênie	Acesso de origem	Resistência <sup>1</sup>	Variabilidade de característica avaliada			
			Cor externa <sup>2</sup>	Cor interna <sup>3</sup>	TSS (°Brix) <sup>4</sup>	C/D (cm) <sup>5</sup>
02	87-019	WMV	Vc, Vm / L	Br -Rc	3,4 – 5,2	0,92 – 1,14
03	91-043	WMV	Vc / L	Br, Rc	2,0 – 5,0	0,92 – 1,04
05	91-080	PRSV-W	Vc / L	Br, Rc, Ri, Rs	2,8 – 7,2	1,29 – 3,17
09	87-019	PRSV-W	Vm / L	Br, Rc, Ri, Rs	3,2 – 5,2	0,89 – 3,17
Z1 <sup>6</sup>	87-029	ZYMV	Vc, Ve / L	Br, Rc, Ri, A, Ars	4,0 – 7,6	1,05 – 1,28
Z2 <sup>6</sup>	87-029	ZYMV	Vc, Vm, Ve /L	Br, Rs	3,8 – 6,2	0,87 – 1,11
Z3 <sup>6</sup>	87-029	ZYMV	Vc, Vê / L, La	Br, Rc, A, Ars	5,0 – 7,2	0,97 – 1,19
Z4 <sup>6</sup>	87-029	ZYMV	Vc / L	Rs, Rc, V	2,0 – 7,0	1,10 – 1,36

<sup>1</sup>Vírus para o qual a progênie foi selecionada; <sup>2</sup> Vc = verde claro, Vm = verde médio, Ve = verde escuro, L = presença de listras, La = ausência de listras; <sup>3</sup> Br = branco, Rc = rosa claro, Ri = rosa intenso, Rs = branco com rosa em volta das sementes, A = amarelo, Ars = amarelo com rosa em volta das sementes, V = vermelho; <sup>4</sup>Teor de sólidos solúveis; <sup>5</sup> Relação comprimento/diâmetro; <sup>6</sup> provenientes de populações obtidas do cruzamento entre o acesso e a cultivar comercial Crimson Sweet (Z1 progênie endogâmica de F<sub>1</sub>, Z2 progênie endogâmica de RC para Crimson Sweet e Z3 e Z4 progênies endogâmicas de F<sub>2</sub>).

### 3.2 Avaliação de linhas de melancia para resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV, em condições controladas de casa de vegetação

As linhas avaliadas em condições controladas de casa de vegetação apresentaram comportamento diferenciado para reação aos vírus, sendo que o número de plantas avaliadas em cada linha variou conforme a disponibilidade de sementes germinadas (Tabelas 2, 3 e 4).

Foram avaliadas 23 linhas para resistência a PRSV-W (12 provenientes do acesso 91-080 e 11 provenientes do acesso 87-019). As linhas apresentaram frequências variadas de plantas resistentes (0 a 100%), sendo que nas linhas do acesso

91-080, embora na linha L28 não tenha ocorrido frequência de plantas resistentes, sete linhas apresentaram frequência de plantas resistentes igual ou superior a 50% (L30, L32, L33, L35, L37, L38 e L39), com as demais variando de 13 a 33% (Tabela 2).

**Tabela 2** – Avaliação de linhas de melancia (*Citrullus lanatus*) para resistência a *Papaya ringspot virus*, type watermelon (PRSV-W) em condições controladas de casa de vegetação. Laboratório de Virologia Vegetal - UFC, Fortaleza-CE, 2º semestre de 2005.

Acesso de origem	Identificação no laboratório*	ELISA indireto**	Plantas resistentes (%)
91-080	L28	5/0	0
91-080	L29	6/2	33
91-080	L30	6/4	67
91-080	L31	7/3	43
91-080	L32	8/5	63
91-080	L33	8/6	75
91-080	L34	8/3	38
91-080	L35	6/4	67
91-080	L36	8/1	13
91-080	L37	8/4	50
91-080	L38	6/5	83
91-080	L39	8/6	75
87-019	L40	7/3	43
87-019	L41	5/3	60
87-019	L42	4/4	100
87-019	L43	4/3	75
87-019	L44	6/5	83
87-019	L45	8/8	100
87-019	L46	8/6	75
87-019	L47	7/7	100
87-019	L48	8/6	75
87-019	L49	6/3	50
87-019	L50	8/8	100

\* As linhas estão com quatro ciclos de autofecundação; \*\* Numerador – número de plantas avaliadas; Denominador – número de plantas resistentes.

Das 11 linhas do acesso 87-019 apenas uma apresentou frequência inferior a 50% (L40, com 43% de plantas resistentes), sendo que quatro linhas desse acesso (L42, L45, L47 e L50) apresentaram 100% de plantas resistentes, com as demais apresentando frequências de 50 a 65% de plantas resistentes (L41, L43, L44, L46, L48 e L49) (Tabela 2).



Para resistência a WMV foram avaliadas 25 linhas (15 provenientes do acesso 87-019, oito do acesso 91-043 e duas do acesso PI 244019). Nas linhas do acesso 87-019, cinco apresentaram freqüências igual ou superior a 50% (L04, L09, L12, L13 e L14), sete linhas apresentaram freqüências variando de 14 a 43% (L02, L03, L05, L06, L08, L10, L11 e L15) e duas linhas não apresentaram freqüência de plantas resistentes (L01 e L07) (Tabela 3).

**Tabela 3** – Avaliação de linhas de melancia (*Citrullus* spp.) para resistência a *Watermelon mosaic virus* (WMV) em condições controladas de casa de vegetação. Laboratório de Virologia Vegetal - UFC, Fortaleza-CE, 1º semestre de 2005.

Acesso de Origem *	Identificação no laboratório**	Sorologia***	Plantas resistentes (%)
87-019	L01	7/0	0
87-019	L02	5/2	40
87-019	L03	6/2	33
87-019	L04	6/5	83
87-019	L05	7/1	14
87-019	L06	7/1	14
87-019	L07	4/0	0
87-019	L08	5/2	40
87-019	L09	7/5	71
87-019	L10	7/3	43
87-019	L11	8/3	38
87-019	L12	8/4	50
87-019	L13	7/5	71
87-019	L14	7/4	57
87-019	L15	8/3	38
91-043	L16	7/3	43
91-043	L17	4/2	50
91-043	L18	2/0	0
91-043	L19	2/0	0
91-043	L21	4/1	25
91-043	L22	1/0	0
91-043	L23	5/2	40
91-043	L24	5/4	80
PI 244019	L25	13/11	85
PI 244019	L26	14/8	57

\* Acessos 87-019 e 91-043 são *Citrullus lanatus* e acesso PI 244019 *C. lanatus* var. *citroides*; \*\* Linhas L1 a L15 estão com quatro ciclos de autofecundação e linhas L16 a L26 com três ciclos; \*\*\*Numerador – número de plantas avaliadas; Denominador – número e plantas resistentes.

Nas linhas do acesso 91-043 as freqüências de plantas resistentes foram de 43, 50, 25, 40 e 80% para as linhas L16, L17, L21, L24 e L25, respectivamente. L18, L19

e L22 não apresentaram frequência de plantas resistentes (Tabela 3). L25 e L26, do acesso PI 244019 apresentaram frequências de plantas resistentes de 85 e 57% respectivamente (Tabela 3).

As 31 linhas do acesso 87-029, avaliadas para resistência a ZYMV, apresentaram comportamento semelhante àquelas para PRSV-W e WMV, com frequências de plantas resistentes variando de 0 a 100% (Tabela 4). Nas linhas obtidas do acesso 87-029<sup>Z1</sup> ocorreu frequência de plantas resistentes variando de 9 a 50% (L52, L53, L54, L55, L56, L57, L58 e L59). Em 89-029<sup>Z2</sup> observou-se frequência de plantas resistentes de 0 a 60%, sendo que em L60, L63, e L66 não se observou plantas resistentes. Para 87-029<sup>Z3</sup> a frequência de plantas resistentes observadas variou de 0 a 100%, porém em apenas L75 não ocorreu frequência de plantas resistentes. Por outro lado, L74 apresentou 100% de plantas resistentes. Em 87-029<sup>Z4</sup>, a frequência de plantas resistentes variou de 33 a 71% (Tabela 4).

A segregação de plantas resistentes e suscetíveis nas linhas avaliadas é esperada, uma vez que as mesmas são provenientes de acessos e esses geralmente são heterozigotos, de modo que linhas diferentes originadas de um mesmo acesso podem apresentar genótipos com reação diferente à infecção pelos potyvírus utilizados nesse estudo. Esse fato pode ser relacionado mesmo com as diferenças de comportamento das linhas do acesso 87-029, embora essas tenham sido selecionadas de populações obtidas do cruzamento desse acesso com a cultivar Crimson Sweet. Mesmo que a cultivar apresente características definidas, o mesmo não ocorre com o acesso, sendo que as linhas originadas desse cruzamento também podem apresentar variabilidade para a característica de resistência. Conforme pode ser observado, nas linhas do acesso 91-080 a maior frequência de plantas resistentes a PRSV-W foi de 83 %, enquanto que nas linhas provenientes do acesso 87-019 quatro linhas apresentaram frequência de plantas resistentes igual a 100% (Tabela 2).

**Tabela 4** – Avaliação de linhas de melancia (*Citrullus lanatus*) para resistência a *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV) em condições controladas de casa de vegetação. Laboratório de Virologia Vegetal - UFC, Fortaleza-CE, 1º semestre de 2005.

Acesso de origem*	Identificação no laboratório**	ELISA indireto***	Plantas resistentes (%)
87-029 <sup>Z1</sup>	L 52	11/1	9
87-029 <sup>Z1</sup>	L 53	10/1	10
87-029 <sup>Z1</sup>	L 54	6/1	17
87-029 <sup>Z1</sup>	L 55	9/2	22
87-029 <sup>Z1</sup>	L 56	6/2	33
87-029 <sup>Z1</sup>	L 57	10/3	30
87-029 <sup>Z1</sup>	L 58	9/2	22
87-029 <sup>Z1</sup>	L 59	8/4	50
87-029 <sup>Z2</sup>	L 60	7/0	0
87-029 <sup>Z2</sup>	L 61	7/4	57
87-029 <sup>Z2</sup>	L 62	10/3	30
87-029 <sup>Z2</sup>	L 63	1/0	0
87-029 <sup>Z2</sup>	L 64	5/3	60
87-029 <sup>Z2</sup>	L 65	5/3	60
87-029 <sup>Z2</sup>	L 66	1/0	0
87-029 <sup>Z3</sup>	L 67	9/3	33
87-029 <sup>Z3</sup>	L 68	7/3	43
87-029 <sup>Z3</sup>	L 69	4/2	50
87-029 <sup>Z3</sup>	L 70	7/1	14
87-029 <sup>Z3</sup>	L 71	5/4	80
87-029 <sup>Z3</sup>	L 72	3/2	67
87-029 <sup>Z3</sup>	L 73	4/2	50
87-029 <sup>Z3</sup>	L 74	4/4	100
87-029 <sup>Z3</sup>	L 75	6/0	0
87-029 <sup>Z4</sup>	L 76	6/2	33
87-029 <sup>Z4</sup>	L 77	7/5	71
87-029 <sup>Z4</sup>	L 78	4/2	50
87-029 <sup>Z4</sup>	L 79	7/4	57
87-029 <sup>Z4</sup>	L 80	7/4	57
87-029 <sup>Z4</sup>	L 81	12/7	58
87-029 <sup>Z4</sup>	L 82	9/6	67

\* Obtida a partir de plantas selecionadas do cruzamento entre o acesso e a cultivar Crimson Sweet: <sup>Z1</sup> seleção de F<sub>1</sub>, <sup>Z2</sup> seleção de RC e <sup>Z3</sup> e <sup>Z4</sup> seleção de F<sub>2</sub>; \*\* L52 a L66 estão com dois ciclos de autofecundação e L67 a L82 com três ciclos; \*\*\* Numerador – número de plantas avaliadas; Denominador – número de plantas resistentes.

Considerando que as linhas dos dois acessos estão com o mesmo nível de endogamia, essa diferença na frequência de plantas resistentes pode estar relacionada com o número de genes envolvidos no controle genético dessa característica nas diferentes

linhas, sendo que, aquelas que apresentaram maior nível de homozigose podem ter a característica de resistência controlada por um número de genes menor que as demais, onde foi observada menor frequência de plantas resistentes, mesmo quando consideradas linhas de um mesmo acesso.

As linhas provenientes de 87-019 e avaliadas para resistência a WMV, embora apresente quatro ciclos de autofecundações, apresentou comportamento semelhante às linhas dos acessos 91-043 e PI 244019, também avaliadas para resistência a WMV e que apresentam apenas três ciclos de autofecundações (Tabela 3). A maior frequência de plantas resistentes observada foi de 85 % em L25 de PI 244019, podendo-se inferir que as linhas avaliadas para resistência a WMV não apresentam os mesmos mecanismos de resistência. As linhas do acesso PI 244019 parecem apresentar controle genético mais simples, podendo se obter linhas com um nível elevado de homozigose em menos ciclos de autofecundações que as linhas do acesso 87-019, bem como do 91-043, que também apresentam três ciclos de autofecundações. Porém, das oito linhas avaliadas três não apresentaram frequência de plantas resistentes (Tabela 3).

Considerando as linhas avaliadas para resistência a ZYMV, pode-se observar que nas linhas do acesso 87-029<sup>Z1</sup> a maior frequência de plantas observadas foi de 50 %, porém, mesmo com frequência baixa, todas apresentaram plantas resistentes (Tabela 4). Nas linhas de 87-029<sup>Z2</sup> a maior frequência de plantas resistentes foi de 60 %, porém em L60, L63e L66 não houve frequência de plantas resistentes. Em 87-029<sup>Z3</sup> e 87-029<sup>Z4</sup>, embora estejam com o mesmo número de autofecundações, em L74 de 87-029<sup>Z3</sup> observou-se 100% de plantas resistentes, porém, em L75 não ocorreu frequência de plantas resistentes, enquanto que todas as linhas de 87-029<sup>Z4</sup> apresentaram frequência de plantas resistentes, sendo a maior frequência observada de 60%. A reação das linhas avaliadas para resistência a ZYMV permitem inferir que o controle genético das características nas mesmas pode ser semelhante ao descrito por Danin-Poleg et al. (1997) para resistência a ZYMV em melão, onde a resistência é condicionada por genes complementares, sendo que a ausência de qualquer um desses

genes pode tornar o genótipo suscetível, de modo que a cultivar Crimson Sweet deve ser detentora de algum desses genes.

A variabilidade encontrada nas progênies para reação aos três vírus se torna de extrema importância, uma vez que essa variabilidade pode possibilitar a seleção de várias linhas com a característica de resistência. Os potyvírus apresentam ampla variabilidade de estirpes, de modo que a resposta dessas linhas pode variar, sendo as mesmas resistentes na presença de determinada estirpe e suscetíveis quando expostas a outra (ZERBINI e MACIEL-ZAMBOLIM, 1999; DESBIEZ et al., 2002). Dessa forma, quanto maior o número de fontes identificadas, e maior a diferença nos mecanismos de resistência dessas fontes, mais estável será a resistência originada por elas.

Para os três conjuntos observam-se linhas com frequências altas de plantas resistentes em condições controladas, sendo que cinco linhas apresentaram 100% de plantas resistentes (Tabelas 2, 3 e 4). Essas linhas podem estar mais homozigotas para a característica de resistência a esses vírus em relação àquelas que apresentaram uma menor frequência de plantas resistentes, podendo ser eleitas para dar continuidade à seleção. Por outro lado, é necessário se considerar que mesmo sendo originárias de um mesmo acesso, os mecanismos que conferem resistência a um vírus em determinada linha podem não ser os mesmos quando consideradas linhas diferentes. Além disso, as linhas que estão apresentando maior frequência de plantas resistentes podem ter essa característica controlada monogenicamente, sendo que em poucos ciclos de autofecundação é possível conseguir linhas homozigotas. Por outro lado, se o controle genético for poligênico, mesmo tendo apresentado uma proporção elevada de plantas resistentes nesse ciclo de seleção, após uma autofecundação adicional à seleção, é possível que essa proporção seja alterada devido a mudanças nas frequências dos alelos responsáveis pela expressão da resistência. Vale salientar que as plantas selecionadas em condições controladas de casa de vegetação necessitam ser avaliadas em condições

de campo para verificar se a resistência observada em condições controladas é mantida em condições naturais.

### **3.3 Avaliação de linhas de melancia para resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV em condições de campo**

Das 79 linhas avaliadas em condições controladas, 70 apresentaram frequência de plantas resistentes, sendo que essas foram transplantadas a campo para serem avaliadas em condições naturais. Porém, após o transplântio, muitas plantas morreram devido à ocorrência de fortes chuvas (dados não apresentados), sendo que das linhas selecionadas em laboratório, apenas 47 foram avaliadas em campo. Foram avaliadas 17 linhas para resistência a PRSV-W (oito do acesso 91-080 e nove do acesso 87-019), 11 para resistência a WMV (quatro do acesso 87-019, cinco o acesso 91-043 e duas do acesso PI 244019) e 19 para resistência a ZYMV (sete de 87-029<sup>Z1</sup>, duas de 87-029<sup>Z2</sup>, quatro de 87-029<sup>Z3</sup> e seis de 87-029<sup>Z4</sup>) (Tabelas 5, 6 e 7).

Das linhas avaliadas para resistência a PRSV-W, sete apresentaram 100% de plantas não infectadas quando avaliadas em campo, L34, L37, L38 e L39 do acesso 91-080 e L41, L43 e L44 do acesso 87-019. Nas plantas de L29, L30, L31 e L33 do acesso 91-080 não se observaram plantas sem vírus em condições de campo, enquanto que nas plantas de L46, L47, L48 e L49 do acesso 87-019, também selecionadas para resistência a PRSV-W, houve comportamento diferenciado, ocorrendo plantas infectadas e não infectadas, sendo que L45, L47 apresentaram frequência de 100% de plantas resistentes em condições controladas, bem como L50, onde foram observadas plantas sem vírus em campo (Tabela 5).

Sete linhas selecionadas em condições controladas para resistência a WMV apresentaram frequência de 100% de plantas não infectadas quando avaliadas em campo (L03, L12, L14 e L15 do acesso 87-019; L16 de 91-043 e L26 de PI 244019), porém, quando avaliadas em condições controladas ocorreu segregação para resistência e suscetibilidade (Tabela 6). Em L21, L23 e L24 do acesso 91-043 não ocorreram

plantas livres de vírus quando avaliadas em condições de campo e L25 do acesso PI 244019 apresentou 91% de plantas sem infecção (Tabela 6).

Para resistência a ZYMV 12 linhas apresentaram 100 % de plantas que não apresentaram crescimento do vírus quando avaliadas em campo (L52, L54, L55, L57, L58 e L59 do acesso 87-029<sup>Z1</sup>; L61 e L64 do acesso 87-029<sup>Z2</sup>; L67 do acesso 87-029<sup>Z3</sup> e L78, L79 e L82 do acesso 87-029<sup>Z4</sup>) (Tabela 7). As linhas L72 e L75 de 87-029<sup>Z3</sup> e L77 de 87-029<sup>Z4</sup> não apresentaram plantas resistentes quando avaliadas em campo e as linhas L67 do acesso 87-029<sup>Z3</sup>, L80 e L81 do acesso 87-029<sup>Z4</sup> apresentaram plantas não infectadas e suscetíveis em condições de campo, com 67 % de plantas que não permitiram o crescimento do vírus (Tabela 7).

**Tabela 5** – Avaliação de linhas de melancia (*Citrullus lanatus*) para resistência a *Papaya ringspot virus*, type watermelon (PRSV-W) em condições de campo. UFERSA, Mossoró (RN), 2008. UNEB-DTCS, Juazeiro – BA, 2º semestre de 2005.

Acesso de origem	Identificação no laboratório	ELISA indireto*		Plantas não infectadas em campo (%)
		Casa de vegetação	Campo	
91-080	L 29	6/2	1/0	0
91-080	L 30	6/4	1/0	0
91-080	L 31	7/3	2/0	0
91-080	L 33	8/6	2/0	0
91-080	L 34	8/3	2/2	100
91-080	L 37	8/4	1/1	100
91-080	L 38	6/5	1/1	100
91-080	L 39	8/6	3/3	100
87-019	L 41	5/3	1/1	100
87-019	L 43	4/3	1/1	100
87-019	L 44	6/5	4/4	100
87-019	L 45	8/8	8/6	75
87-019	L 46	8/6	5/3	60
87-019	L 47	7/7	3/1	33
87-019	L 48	8/6	6/5	83
87-019	L 49	6/3	3/2	66
87-019	L 50	8/8	2/0	0

\* Numerador – número de plantas avaliadas; Denominador – número de plantas não infectadas.

**Tabela 6** – Avaliação em de linhas de melancia (*Citrullus* spp.) para resistência a *Watermelon mosaic virus* (WMV) em condições de campo. UNEB-DTCS, Juazeiro – BA, 2º semestre de 2005.

Acesso de origem	Identificação no laboratório*	ELISA indireto**		Plantas não infectadas em campo (%)
		Casa de vegetação	Campo	
87-019	L 03	6/2	1/1	100
87-019	L 12	8/2	1/1	100
87-019	L 14	7/4	3/3	100
87-019	L 15	8/3	2/2	100
91-043	L 16	7/3	1/1	100
91-043	L 17	4/2	1/1	100
91-043	L 21	4/1	1/0	0
91-043	L 23	5/2	1/0	0
91-043	L 24	5/4	4/0	0
PI 244019	L 25	13/11	11/10	90
PI 244019	L 26	14/8	7/7	100

\* L03 a L24 = *Citrullus lanatus*, L25 e L26 = *C. lanatus* var. *citroides*; \*\*Numerador – número de plantas avaliadas; Denominador – número e plantas não infectadas.

**Tabela 7** – Avaliação em de linhas de melancia (*Citrullus lanatus*) para resistência a *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV) em condições de campo. UNEB-DTCS, Juazeiro – BA, 2º semestre de 2005.

Acesso de origem*	Identificação no laboratório	ELISA indireto**		Plantas não infectadas em campo (%)
		Casa de vegetação	Campo	
87-029 <sup>Z1</sup>	L 52	11/1	1/1	100
87-029 <sup>Z1</sup>	L 54	6/1	1/1	100
87-029 <sup>Z1</sup>	L 55	9/2	1/1	100
87-029 <sup>Z1</sup>	L 56	6/2	1/0	0
87-029 <sup>Z1</sup>	L 57	10/3	2/2	100
87-029 <sup>Z1</sup>	L 58	9/2	2/2	100
87-029 <sup>Z1</sup>	L 59	8/4	2/2	100
87-029 <sup>Z2</sup>	L 61	7/4	3/3	100
87-029 <sup>Z2</sup>	L 64	5/3	1/1	100
87-029 <sup>Z3</sup>	L 67	9/3	2/2	100
87-029 <sup>Z3</sup>	L 71	5/4	3/2	66
87-029 <sup>Z3</sup>	L 72	3/2	2/0	0
87-029 <sup>Z4</sup>	L 77	7/5	4/0	0
87-029 <sup>Z4</sup>	L 78	4/2	1/1	100
87-029 <sup>Z4</sup>	L 79	7/4	2/2	100
87-029 <sup>Z4</sup>	L 80	7/4	3/2	66
87-029 <sup>Z4</sup>	L 81	12/7	3/2	66
87-029 <sup>Z4</sup>	L 82	9/6	2/2	100

\* Obtida a partir de plantas selecionadas do cruzamento entre o acesso e a cultivar Crimson Sweet : <sup>Z1</sup> seleção de F<sub>1</sub>, <sup>Z2</sup> seleção de RC e <sup>Z3</sup> e <sup>Z4</sup> seleção de F<sub>2</sub>; \*\* Numerador – número de plantas avaliadas; Denominador – número de plantas não infectadas.



A ocorrência de plantas selecionadas em condições controladas que não mantiveram a resistência quando avaliadas em campo pode estar relacionada com a presença de isolados diferentes daqueles utilizados para seleção em laboratório, considerando que não foi realizada a caracterização molecular dos isolados presentes no campo. Dessa forma, as plantas que repetiram o comportamento apresentado em condições controladas, provavelmente também são resistentes aos diferentes isolados que estão ocorrendo em campo. Por outro lado, conforme apresentado no Capítulo II, foi observada a presença dos três potyvírus em campo durante o processo de seleção. A transmissão de vírus do gênero *Potyvirus* por pulgão está relacionada à presença de uma proteína não estrutural, denominada componente auxiliar “Helper Component-Protein”(HC-Pro) (FROISSART et al., 2002). Esta proteína pode ser encontrada em plantas infectadas e está ausente em plantas sadias (PIRONE, 1981). A HC-Pro atua como componente auxiliar na transmissão por afídeos, como proteinase, sendo, também, fator auxiliar na replicação do RNA viral, e constituindo fator acessório nos movimentos célula-a-célula e à longa distância. A HC-Pro é fator de transmissão por semente e inibidor da resposta da planta (ZERBINI e MACIEL-ZAMBOLIM, 1999). Lecoq e Pitrat (1985) demonstraram a eficiência do componente auxiliar HC-Pro na transmissão de PRSV-W, WMV e ZYMV de meloeiro para meloeiro através de *Mysus persicae* (Sulser, 1976) (Hemíptera: Aphididae), onde HC-Pro de PRSV-W permitiu alta transmissão de PRSV-W mas não foi eficiente para a transmissão do ZYMV, enquanto que a HC-Pro de WMV permitiu alto índice de transmissão para os três vírus e a HC-Pro de ZYMV, embora eficiente para WMV e ZYMV, foi significativamente baixa para PRSV-W. Dessa forma, é possível que a ocorrência de infecções mistas, possa ocasionar interações entre os vírus que provoquem a quebra de resistência em campo. Por exemplo, uma planta que apresentou resistência a WMV em laboratório; ao ser colocada em campo e submetida à presença de ZYMV pode ter sua resistência quebrada possibilitando a infecção pelo WMV, para o qual era resistente. Também se deve considerar a ocorrência de sinergismo em infecções mistas com esses vírus,

podendo ser essa também uma possível causa da quebra de resistência em campo. Vale salientar que, a característica de resistência a vírus é altamente influenciada pelo ambiente, sendo que em alguns genótipos essa característica é altamente dependente da temperatura (LE ROMANCER e NEDELLEC, 1997) e as condições de campo diferentemente daquelas observadas em casa de vegetação, não podem ser controladas.

Considerando as linhas avaliadas para PRSV-W, WMV e ZYMV, 26 delas de diferentes acessos apresentaram frequência de 100% de plantas não infectadas quando avaliadas em condições de campo. Vale salientar que embora estejam aparentemente homocigotas para a característica de resistência, essas linhas necessitam ser melhoradas para características comerciais e para tanto será necessário realizar cruzamentos com variedades comerciais com diferentes padrões de frutos. Para frutos grandes, por exemplo, poderá se utilizar a cultivar Crimson Sweet, como foi iniciado com as linhas do acesso 87-029, resistentes a ZYMV e para frutos pequenos poderão ser realizados cruzamentos com as cultivares Sugar Baby e Smile.

Embora não se tenha realizado inoculação artificial em campo, as análises realizadas durante a avaliação das linhas puderam comprovar a presença dos vírus quando da permanência das mesmas em campo. De outra parte, Silveira et al. (2007) avaliaram a distribuição de viroses em um campo onde se cultivava genótipos de melancia suscetíveis a PRSV-W, WMV e ZYMV na região do Submédio São Francisco e constataram a presença dos três vírus, sendo que a distribuição dos mesmos em campo ocorreu de forma homogênea. Os resultados apresentados no Capítulo II também comprovam a ocorrência constante dos três potyvirus em campo na região. Foram detectadas amostras infectadas por vírus em todo o campo analisado. Os autores observaram ainda a ocorrência de infecções mistas em 76 das 88 amostras infectadas. Dessa forma, a possibilidade das plantas resistentes em campo serem devido a escape pode ser considerada mínima, embora, resultados conclusivos só poderão ser obtidos com inoculação dos vírus em campo. Contudo, para orientar o

processo de seleção dessas linhas é necessário se conhecer o controle genético da característica de resistência apresentado pelas mesmas.

#### 4 REFERÊNCIAS

AGRIANUAL. **Anuário da agricultura brasileira**. São Paulo: IFNP Instituto Consultoria & Comércio, 2007. p. 395-399.

BOYHAN, G.; NORTON, J. D.; JACOBSEN, B. J.; ABRAHAMS, B. R. Evaluation of Watermelon and Germ Plasm for Resistance to Zucchini Yellow Mosaic Virus. **Plant Disease**, St. Paul, v. 76, n. 3, p. 251-252, 1992.

DANIN-POLEG, Y. PARIS, R. S.; COHEN, S.; RABINOWITCH, H. D.; KARCHI, Z. Oligogenic inheritance of resistance to zucchini yellow mosaic virus in melons. **Euphytica**, Dordrecht, v. 93, n. 3, p. 331-337, 1997.

DESBIEZ, C.; WIPF-SCHEIBEL, C.; LECOQ, H. Biological and serological variability, evolution and molecular epidemiology of Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV, Potyvirus) with special reference to Caribbean islands. **Virus Research**, Shannon, v. 85, n. 1, p.5-16, 2002.

FERREIRA, M. A. J. F; BRAZ, L. T.; QUEIRÓZ, M. A.; CHURATA-MASCA, M. G. C.; VENCOVSKY, R. Capacidade de combinação em sete populações de melânica. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 7, p. 963-960, 2000.

FROISSART, R.; MICHALAKIS, Y.; BLANC, S. Helper Component-Transcomplementation in the Vector Transmission of Plant Viruses. **Phytopathology**, St. Paul, v. 92, n.6, p. 576-579, 2002.

GILLASPIE JR., A. G.; WRIGHT, J. M. Evaluation of Citrullus sp. Germ Plasm for Resistance to Watermelon Mosaic Virus 2. **Plant Disease**, St. Paul, v. 77, n. 4, p. 552-554, 1993.

GUNER, N.; WEHNER, T. C. Resistance to a severe strain of zucchini yellow mosaic virus in watermelon. In. LEBEDA, A.; PARIS, H. S. (Eds.): **Progress in Cucurbit Genetics and Breeding Research**. Proceedings of Cucurbitaceae 2004, the 8th

EUCARPIA Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding. Olomouc, p.223-230, 2004.

GUSMINI, G.; WEHNER, T. C. Genes determining rind pattern inheritance in watermelon: a review. **HortScience**, Alexandria, v. 40, n. 6, p. 1928-1930, 2005.

HENDERSON, W. R.; SCOT, G. H.; WEHNER, T. C. Interaction of Flesh Collor genes in Watermelon. **Journal of Heredity**, Washington, v. 89, n. 1, p. 50-53, 1998.

LECOQ, H.; PITRAT, M. Specificity of the helper-component mediated aphid transmission of three potyviruses infecting muskmelon. **Phytopathology**, St. Paul, v. 75, n. 8, p. 890-893, 1985.

LE ROMANCER, M.; NEDELLEC, M. Effect of plant genotype, virus isolate and temperature on the expression of the potato tuber necrotic ringspot disease (PTNRD). **Plant Pathology**, Wageningen, v. 46, n.1, p. 104-11, 1997.

LOPES, J. F. Melhoramento genético (chuchu, melancia, melão e pepino). In: LOPES, J. F. Cucurbitáceas: informativo agropecuário. Belo Horizonte: [s.n.], p. 61-65, 1982.

MALUF, W. R.; SOUZA, E. L. S. Resistência ao vírus do mosaico da melancia-1 (WMV-1) em moranga *Cucurbita maxima* Duch. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.2, n.1, p. 22-25, 1984.

OLIVEIRA, V. B.; LIMA, J. A. A.; VALE, C. C.; PAIVA, W. O. Caracterização biológica e sorológica de isolados de potyvirus obtidos de cucurbitáceas no Nordeste brasileiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 25, n.4, p. 628-636, 2000.

OLIVEIRA, V. B.; QUEIRÓZ, M. A.; LIMA, A. A. Fontes de resistência aos principais potyvirus isolados de cucurbitáceas no Nordeste brasileiro. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 4, p. 589-592, 2002.

PIRONE, T. P. Efficiency and selectivity of the helper-component-mediated aphid transmission of purified potyviruses. **Phytopathology**, St. Paul, v. 71, n. 8, p. 922-924, 1981.

PROVVIDENTI, R. Reactions of accessions of *Citrullus colocynthis* from Nigeria to Zucchini yellow mosaic virus and other cucurbit viruses. **Cucurbit Genetic Cooperative Report**, Maryland, v. 9, n.9, p. 82-83, 1986.

QUEIRÓZ, M. A.; SILVEIRA, L. M.; LIMA NETO, I. S.; SILVA, M. L. Caracterização de populações F1s de *Citrullus lanatus* com *Citrullus lanatus* var. *citroides* quanto a cor da polpa. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 4, 2007, São Lourenço. **Anais...** São Lourenço: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, 2007.

SILVA, N.; COSTA, C. P. Triagem de cultivares e híbridos de pepino (*Cucumis sativus* L.) para resistência a WMV-1 (Watermelon mosaic virus-1). **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v.4, n.1, p. 71-75, 1978.

SILVEIRA, L. M. **Seleção de acessos e progênes de melancia para resistência a potyvirus**. 2004. 82f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia)-Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2004.

SILVEIRA, L. M.; QUEIROZ, M. A.; LIMA, J. A. A.; NEGREIROS, M. Z. de; RAMOS, N. F.; NASCIMENTO, A. K. Q. Seleção de acessos e Progênes de *Citrullus* spp. para resistência a três potyvirus. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 4, p. 394-399, 2005.

SILVEIRA, L. M.; QUEIRÓZ, M. A. de; LIMA, J. A. de A.; NASCIMENTO, A. K. Q. do; L. da; LIMA NETO, I. da S.; SILVA, M. L. Avaliação da distribuição de viroses em campo de multiplicação de acessos melancia. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 47, 2007, Porto Seguro. **Anais...** Porto Seguro: Associação Brasileira de Horticultura, 2007. CD-ROM. Disponível em: <<http://www.abhorticultura.com.br>>. Acesso em: 02 Mai. 2008.

SVOBODA, J.; POLÁK, J. Preliminary evaluation of squash cultivars for resistance to a Czech isolate of zucchini yellow mosaic virus. In. LEBEDA, A.; PARIS, H. S. (Eds.): **Progress in Cucurbit Genetics and Breeding Research**. Proceedings of Cucurbitaceae 2004, the 8th EUCARPIA Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding. Olomouc, p. 231-235, 2004.

ZERBINI, F. M.; MACIEL-ZAMBOLIM, E. A família Potyviridae Parte I. **Revisão Anual de Patologia de Plantas**, v. 7, p.1-66, 1999.

## CAPÍTULO IV

### HERANÇA DA RESISTÊNCIA EM UM GENÓTIPO DE MELANCIA AO *PAPAYA RINGSPOT VIRUS* TYPE WATERMELON (PRSV-W) E *WATERMELON MOSAIC VIRUS* (WMV)

#### RESUMO

A ocorrência de viroses ocasionadas pelos potyvírus: vírus da mancha anelar do mamoeiro estirpe melancia (*Papaya ringspot virus*, type watermelon - PRSV-W), vírus do mosaico da melancia (*Watermelon mosaic virus* - WMV) e vírus do mosaico amarelo da abobrinha de moita (*Zucchini yellow mosaic virus* - ZYMV) tem causado sérios danos a cultura da melancia, sendo a resistência genética a maneira mais indicada para reduzir danos ocasionados por essas viroses. Porém, a herança da resistência a esses potyvírus pode variar de acordo com a fonte que apresenta essa resistência, sendo variável mesmo quando considerada a mesma espécie. O conhecimento da herança da resistência a esses vírus pode permitir o desenvolvimento de estratégias que possibilitem a transferência dessa resistência para materiais comerciais de forma rápida e eficiente. Com o objetivo de estudar o controle genético da resistência a PRSV-W e WMV em melancia foram avaliadas a cultivar Crimson Sweet (CS) ( $P_1$  - suscetível) e L26 ( $P_2$  - resistente a PRSV-W e WMV), bem como as populações  $F_1$  ( $P_1 \times P_2$ ),  $F_2$  ( $F_1 \times F_1$ ),  $RC_{11}$  ( $F_1 \times P_1$ ) e  $RC_{21}$  ( $F_1 \times P_2$ ), provenientes das mesmas. As avaliações foram realizadas em casa de vegetação mediante inoculações artificiais com isolados dos respectivos vírus. Foi utilizada a mesma fonte de resistência para os dois vírus. Foram inoculados dois conjuntos de populações, um para cada vírus. Realizou-se avaliação sintomatológica através de escala de notas, bem como avaliação sorológica contra anti-soros específicos para os respectivos vírus através do teste ELISA indireto. A absorvância foi usada como variável sendo transformada em escala de notas (1 – plantas negativas; 2 – absorvância até 1.000; 3 – absorvância entre 1.001 e 2000; e, 4 – absorvância acima de 2.000). A hipótese de herança monogênica foi testada sob diferentes graus médios de dominância presumido, bem como, pelo método da máxima verossimilhança. As estimativas das variâncias das populações  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_{11}$  e  $RC_{21}$  foram utilizadas para obtenção das variâncias genética ( $\sigma^2_G$ ), ambiental ( $\sigma^2_E$ ), fenotípica ( $\sigma^2_{F2}$ ), aditiva ( $\sigma^2_A$ ) e de dominância ( $\sigma^2_D$ ), das herdabilidades no sentido amplo ( $h^2_a$ ) e restrito ( $h^2_r$ ). A distribuição de frequência de plantas resistentes nas populações segregantes para PRSV-W e WMV diferiram de uma distribuição baseada em herança monogênica para todos os graus médios de dominância presumidos, de modo que a hipótese de herança monogênica foi rejeitada tanto para resistência a PRSV-W quanto para resistência a WMV em L26 mostrando que essa característica é controlada por mais de um gene maior com a presença de



modificadores. O modelo aditivo-dominante foi adequado para explicar o tipo de ação gênica envolvida, e, portanto, os efeitos epistáticos não foram importantes na expressão da resistência. Para PRSV-W e WMV, a estimativa do grau médio de dominância indicou efeito de dominância completa. As herdabilidades no sentido amplo, considerando as três variáveis analisadas, foram altas para PRSV-W (66, 57 e 80%), mas baixas para WMV (14, 7 e 4%). Esperam-se ganhos genéticos com a seleção de plantas resistentes em populações segregantes provenientes do cruzamento de CS com L26 maiores para PRSV-W do que para WMV, uma vez que neste último a influência ambiental foi bem mais acentuada.

**Palavras-chave:** *Citrullus lanatus*, PRSV-W, WMV, ZYMV.

## ABSTRACT

### INHERITANCE OF RESISTANCE IN A GENOTYPE OF THE WATERMELON FOR *PAPAYA RINGSPOT VIRUS* TYPE WATERMELON (PRSV-W) AND *WATERMELON MOSAIC VIRUS* (WMV)

The occurrence of the potyviruses *Papaya ringspot virus* type watermelon – PRSV-W, *Watermelon mosaic virus* – WMV and *Zucchini yellow mosaic virus* – ZYMV has caused serious damage to the watermelon crop. The genetic resistance is the most appropriate method to reduce virus damage to the watermelon crop on the field. However, the inheritance of the resistance to these viruses can vary depending on the source that hold the resistance even within the same species. The knowledge of the inheritance of these resistances allow to develop strategies to establish the gene transfer for commercial cultivars in a more rapid and efficient way. In order to study the inheritance of the resistance to PRSV-W and WMV in watermelon, the cultivar Crimson Sweet (CS), the source of resistance to both viruses - L26, the cross (F<sub>1</sub>) and the segregating populations (F<sub>2</sub>, RC<sub>11</sub> and RC<sub>21</sub>) were evaluated. The trials were carried out under greenhouse using artificial inoculations with virus isolates. Two sets of fixed and segregating populations were used, one for each virus. Evaluations of the symptoms using a graded scale as well as serological evaluations against antisera specific for PRSV-W and WMV using indirect enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) were performed. The absorbance was used as a variable as such and as a graded scale (1 – negative plants; 2 – absorbance less than 1,000; 3 – absorbance between 1,001 and 2,000; and 4 – absorbance above 2,000). The hypothesis of monogenic inheritance was tested considering different average degree of dominance as well as using the maximum likelihood method. The variance of the populations were used to estimate the genetic variances ( $\sigma^2_G$ ), environmental ( $\sigma^2_E$ ), phenotypic ( $\sigma^2_{F_2}$ ), additive ( $\sigma^2_A$ ) and dominance ( $\sigma^2_D$ ), as well as broad sense heritability ( $h^2_b$ ) and narrow heritability ( $h^2_n$ ). The frequency distribution of plants in the segregating populations indicates that the genetic resistance to PRSV-W and WMV in L26 is controlled for more than one major gene with modifiers. The additive-dominant genetic model was adequate to explain the gene action involved and, therefore, the epistatic effects were not important for the expression of the resistance. It was found, for PRSV-W and WMV, complete dominance. The broad sense heritability, considering the three variables analyzed, were higher (66, 57 and 80) for PRSV-W, but much lower (14, 7 and 4) for WMV which indicates that the resistance of this virus in L26 is more influenced by the environment than that one of PRSV-W.

**Keywords:** *Citrullus lanatus*, PRSV-W, WMV, ZYMV

## 1 INTRODUÇÃO

A quase totalidade das cultivares de melancia [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai] disponíveis no comércio foi desenvolvida para condições diferentes daquelas existentes no Brasil, em especial no Nordeste, sendo, portanto, suscetíveis a várias diferentes pragas e agentes causadores de doenças. Nessa região, entre as doenças destacam-se as viroses ocasionadas pelos vírus da família *Potyviridae*, gênero *Potyvirus*: vírus da mancha anelar do mamoeiro estirpe melancia (*Papaya ringspot virus*, type watermelon - PRSV-W), vírus do mosaico da melancia (*Watermelon mosaic virus* - WMV) e vírus do mosaico amarelo da abobrinha de moita (*Zucchini yellow mosaic virus* - ZYMV). Os sintomas comumente ocasionados por esses potyvírus se apresentam na forma de mosaico severo, deformação foliar, distorção e estreitamento foliar, deixando, muitas vezes, as folhas reduzidas às nervuras principais (PURCIFULL et al., 1984; LISA e LECOQ, 1984; PERRING et al., 1992). A expressão desses sintomas pode ser intensificada por interação sinérgica quando ocorre infecção mista (RAMOS et al., 2003).

Os vírus do gênero *Potyvirus* são transmitidos de maneira não persistente ou não circulativa por várias espécies de afídeos, o que dificulta seu controle, através do uso de produtos químicos no controle dos vetores. Dessa forma, resistência genética constitui o método mais indicado para reduzir os danos ocasionados por esses vírus. Fontes de resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV têm sido identificadas em várias espécies de cucurbitáceas (SILVA e COSTA, 1978; PROVVIDENTI, 1986; OLIVEIRA et al., 2002; SVOBODA e POLÁK, 2004), porém, o controle genético da resistência a esses potyvírus pode variar de acordo com a fonte, mesmo para uma mesma espécie viral. O conhecimento da herança genética da resistência pode permitir o desenvolvimento de estratégias que possibilitem sua transferência para materiais comerciais de forma mais rápida e eficiente.

Wang et al. (1984) relataram a resistência a PRSV-W em pepino (*Cucumis sativus* L.) cv. Surinam como sendo monogênica recessiva, enquanto Wai e Grumet (1995) relataram resistência também em pepino, linha TMG-1 como monogênica dominante. Hojo (1989) constatou que a herança da tolerância a PRSV-W em melancia é devida a dois pares de genes, enquanto que Azevedo (2001) detectou resistência a PRSV-W também em melancia como oligo ou poligênica com ação predominantemente aditiva.

Pitrat e Lecoq (1984) constataram resistência a ZYMV no acesso de meloeiro (*Cucumis melo*, L.) PI 414723 como sendo monogênica dominante, enquanto que Danin-Poleg et al. (1997) estudando a herança da resistência a ZYMV no mesmo acesso de meloeiro demonstraram ser o controle dessa resistência devido a três genes dominantes e complementares. Em suas avaliações, Danin-Poleg et al. (1997) utilizaram isolados diferentes de ZYMV, bem como amostras diferentes do mesmo acesso de meloeiro, o que pode explicar os resultados diferentes, em razão da possível heterogeneidade dos acessos e do fato de diferentes linhas selecionadas de um mesmo acesso poderem apresentar genótipos com resposta diferenciada ao mesmo vírus. A diferença também pode ser explicada pela distinção na virulência das estirpes virais utilizadas. Danin-Poleg et al. (1997) utilizaram uma estirpe de ZYMV altamente virulenta enquanto que Pitrat e Lecoq (1984) utilizaram um isolado do mesmo vírus com virulência moderada. Existem relatos de resistência a ZYMV em melancia, com controle monogênico recessivo (PROVVIDENTI, 1991; XU et al., 2004), bem como resistência controlada por dois genes, também recessivos (SITOLIN et al., 2000).

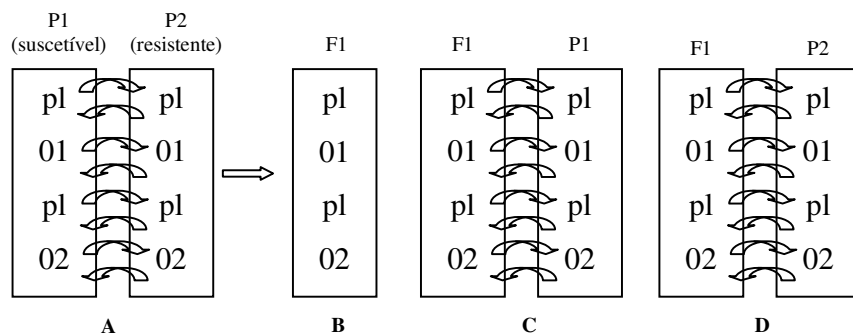
Para resistência a WMV, há relatos de controle monogênico dominante em meloeiro (GILBERT et al., 1994), resistência controlada por dois genes recessivos em melancia (SITOLIN et al., 2000, XU et al., 2004) e controle poligênico também em melancia (BEZERRA JÚNIOR et al., 2006). Os tipos de resistência acima apresentados evidenciam a necessidade de se investigar o controle genético da resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV nas fontes que se pretende utilizar, não

podendo se extrapolar resultados obtidos para outras fontes. Dessa forma, o presente trabalho teve como objetivo estudar o controle genético da resistência a PRSV-W e WMV na linha de melancia L26, do programa de melhoramento de melancia da Embrapa/UNEB.

## **2 MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 Material genético**

Foram utilizadas como parental resistente a linha L26, obtida através de autofecundações do acesso PI 244019, resistente ao PRSV-W e ao WMV e a cultivar Crimson Sweet (CS), suscetível aos dois vírus. Os experimentos para obtenção das populações F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>11</sub> e RC<sub>21</sub> foram desenvolvidos no Campo Experimental do Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais da Universidade do Estado da Bahia (UNEB/DTCS), onde foram utilizadas parcelas compostas por no mínimo 15 plantas, dispostas em fileiras contínuas e sem repetição. As parcelas foram alocadas uma ao lado da outra para facilitar a transferência de pólen quando dos cruzamentos (Figura 1). CS e L26 foram submetidas a polinizações controladas, sendo realizados cruzamentos entre as mesmas para obtenção das populações F<sub>1</sub>s. Posteriormente, mediante polinizações controladas, foram obtidas as populações F<sub>2</sub>s através de autofecundação de F<sub>1</sub>, e simultaneamente, RC<sub>11</sub> e RC<sub>21</sub> através de cruzamentos de plantas F<sub>1</sub> com os parentais suscetível e resistente, respectivamente. Foram realizados cruzamentos dos dois parentais nos dois sentidos, realizando-se emasculação em L26 quando esta se constituiu no parental feminino, uma vez que a linha apresenta flores hermafroditas. Os tratamentos culturais utilizados na condução dos experimentos foram àqueles utilizados normalmente para a cultura da melancia. Durante a condução dos experimentos não foi realizado o controle de afídeos, evitando assim a eliminação de possíveis vetores naturais de vírus do gênero *Potyvirus*.



A – Obtenção de F<sub>1</sub>; B – Obtenção de F<sub>2</sub>; C – Obtenção de retrocruzamento para o pai suscetível e D – Obtenção de retrocruzamento para o pai resistente.

**Figura 1** – Esquema utilizado para obtenção de populações de melancia (*Citrullus* spp.) utilizados em estudo de herança da resistência a *Papaya ringspot virus*, type watermelon (PRSV-W) e *Watermelon mosaic virus* (WMV). UNEB-DTCS, Juazeiro – BA, 1º e 2º semestres de 2006.

Para avaliação em condições controladas foram formadas amostras compostas das populações F<sub>1</sub>s, F<sub>2</sub>s, RC<sub>11</sub>s e RC<sub>21</sub>s, sendo a amostra composta de número igual de sementes das progênies obtidas em cada população.

## 2.2 Avaliação das populações fixas e segregantes

As populações fixas e segregantes foram avaliadas em condições controladas de casa de vegetação no Laboratório de Virologia Vegetal da Universidade Federal do Ceará (LabVVeg/UFC), juntamente com os parentais e F<sub>1</sub>s. Para o estudo de herança da resistência a PRSV-W e a WMV foram avaliadas as populações provenientes do cruzamento de Crimson Sweet com L26. Foi utilizado delineamento em blocos casualizados com quatro repetições. Cada bloco foi constituído de 15 plantas da população P<sub>1</sub> (CS), 15 plantas de P<sub>2</sub> (L26), 21 plantas de F<sub>1</sub> (CS x L26), 63 plantas de F<sub>2</sub> (F<sub>1</sub> x F<sub>1</sub>), 35 plantas de RC<sub>11</sub> (F<sub>1</sub> x CS) e 35 plantas de RC<sub>21</sub> (F<sub>1</sub> x L26), sendo que

no experimento foram utilizadas 60 plantas para P<sub>1</sub>, 60 plantas para P<sub>2</sub>, 84 plantas para F<sub>1</sub>, 252 plantas para F<sub>2</sub>, 140 plantas para RC<sub>11</sub> e 140 plantas para RC<sub>21</sub>. As populações foram semeadas em vasos contendo substrato composto de solo e esterco de curral na proporção de duas partes de solo e uma parte de esterco. O substrato foi esterilizado em autoclave a uma temperatura de 120 °C por duas horas. Foram cultivadas quatro plantas por vaso. As populações, embora provenientes dos mesmos cruzamentos foram avaliadas separadamente, sendo que foram avaliados dois conjuntos de populações, um para PRSV-W e um para WMV.

### **2.2.1 Inoculações e avaliações**

Foram utilizados como inóculos, isolados obtidos em campos de produção de melão e/ou melancia dos Estados do Ceará (PRSV-W), Bahia e Pernambuco (WMV) os quais são mantidos no Banco Ativo de Vírus do LabVVeg/UFC (OLIVEIRA et al., 2000).

A primeira inoculação foi realizada na fase inicial de desenvolvimento das plantas, antes do surgimento da primeira folha definitiva. Utilizou-se como fonte de inóculo extrato de plantas de abobrinha (*Cucurbita pepo* L.) cv. Caserta sistemicamente infectadas por PRSV-W e WMV separadamente. As amostras foliares para realização do teste enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) indireto, foram coletadas em vários pontos da planta. Os extratos foram preparados na presença de solução tampão (Fosfato de potássio 0,5 M e pH 7,5), através da maceração de tecido foliar infectado na proporção de 1,0 g de tecido foliar infectado para 2,0 ml de solução. Dez dias após a primeira inoculação, realizou-se uma avaliação sintomatológica. De acordo com os sintomas apresentados pelas plantas elaborou-se uma escala de notas como segue:

- 1 – Sem sintomas;
- 2 – Mosaico com ou sem clareamento das nervuras e/ou enrolamento do limbo;
- 3 – Mosaico, enrolamento do limbo, necrose das brotações e/ou bolhosidade;
- 4 – Mosaico, enrolamento do limbo, necrose das brotações, bolhosidade e/ou deformação severa.

Após a avaliação sintomatológica as plantas foram testadas individualmente por ELISA indireto contra anti-soro específico para PRSV-W ou para WMV. Uma planta foi considerada com resultado negativo em ELISA quando apresentou absorbância inferior ou igual a duas vezes e meia a média das absorbâncias das plantas sadias (plantas sem inoculação utilizadas como controle), conforme metodologia utilizada no LabVVeg/UFC. As plantas que não apresentaram sintomas e foram negativas em ELISA foram submetidas a uma segunda inoculação para diminuir a possibilidade de escape. Vinte dias após a segunda inoculação, foi realizada nova avaliação sintomatológica seguida de sorologia por ELISA indireto, para confirmar a resistência das plantas que não apresentaram sintomas e foram negativas no primeiro teste. As plantas das populações F<sub>2</sub>s e RCs para o pai resistente que permaneceram negativas em ELISA quando testadas 20 dias após a segunda inoculação foram transferidas para o campo a fim de dar prosseguimento a seleção de linhagens de melancia resistentes ao PRSV-W e ao WMV.

### **2.3 Teste da hipótese de herança monogênica**

Os dados observados nas diferentes populações foram utilizados para verificação da hipótese de herança monogênica sob diferentes graus médios de dominância presumidos (GOMES et al., 2000).

A distribuição de frequência dos dados foi determinada para cada população. Foi adotado um ponto de truncagem, acima do qual a maioria das plantas do genitor P<sub>1</sub>



e abaixo do qual a maioria das plantas do genitor  $P_2$  estava situada. No presente caso, para as variáveis nota de sintomas (NS) e nota de absorbância (NABS) foi escolhida a nota dois e para a variável absorbância (ABS) foi escolhido o valor 1.000. A hipótese de herança monogênica foi testada sob vários graus médios de dominância (GMD), considerando as seguintes pressuposições:

- a) A distribuição dos dados em cada uma das populações ( $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_{11}$  e  $RC_{21}$ ) segue uma distribuição normal;
- b) Para cada uma das populações parentais, a média verdadeira ( $\bar{P}_1$ ,  $\bar{P}_2$ ) foi considerada igual à respectiva média estimada e a variância verdadeira considerada igual à respectiva variância estimada;
- c) Com base nas respectivas curvas normais, foram estimadas as porcentagens esperadas de plantas em  $P_1$  e  $P_2$  com média menor ou igual ao ponto de truncagem (PT);
- d) A média verdadeira da população foi admitida como sendo:

$$\bar{F}_1 = \frac{(\bar{P}_1 + \bar{P}_2)}{2} + \text{GMD} \frac{(\bar{P}_1 - \bar{P}_2)}{2} ; \quad \text{sendo que o GMD é o grau médio de dominância}$$

presumido.

A variância verdadeira da população  $F_1$  foi admitida como sendo igual à respectiva variância estimada;

- e) Com base na distribuição normal da população  $F_1$  foi calculada, para esta população, a porcentagem esperada de plantas com média  $\leq$  PT;
- f) Sob hipótese de herança monogênica calculou-se, para a população  $F_2$ , a frequência esperada do número de plantas com média  $\leq$  PT como sendo a média ponderada das frequências esperadas em  $P_1$ ,  $F_1$  e  $P_2$ , com ponderações 1:2:1, respectivamente;
- g) Sob hipótese de herança monogênica calculou-se, para  $RC_{11}$  e  $RC_{21}$ , as frequências esperadas do número de plantas com média  $\leq$  PT como sendo a média ponderada das

freqüências esperadas em  $P_1$  e  $F_1$ , com ponderações de 1:1, respectivamente, para  $RC_{11}$  e a média ponderada das freqüências esperadas em  $F_1$  e  $P_2$ , com ponderações de 1:1, respectivamente, para o  $RC_{21}$ ;

h) As freqüências esperadas das plantas com média  $\leq$  PT obtidas para  $P_1$  (item c),  $P_2$  (item c),  $F_1$  (item e),  $F_2$  (item f),  $RC_{11}$  e  $RC_{21}$  (item g) foram multiplicados pelo número de plantas avaliadas por população, obtendo-se assim, o número esperado de plantas com média  $\leq$  PT sob a hipótese de herança monogênica com o GMD considerado;

i) Os números esperados de plantas em  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_{11}$  e  $RC_{21}$  com médias  $\leq$  PT foram comparados aos números efetivamente obtidos, computando-se o valor de qui-quadrado com 5 g.l.;

j) A significância do valor de qui-quadrado obtido levará à rejeição da hipótese de herança monogênica sob o grau de dominância considerado. Por outro lado, a não significância do valor de qui-quadrado obtido levará à não rejeição dessa hipótese, admitindo-se, então a possibilidade de tratar-se de herança monogênica sob o GMD considerado.

#### **2.4 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos**

Considerando que algumas plantas podem apresentar resistência do tipo tolerância, permitindo a replicação do vírus sem apresentar sintomas, para análise de variância utilizaram-se as notas dos sintomas e os valores de absorbância. Por se tratar de uma escala contínua os valores de absorbâncias foram discretizados, sendo transformados em notas, de forma que a análise de variância foi realizada considerando três variáveis: nota dos sintomas (NS), valor de absorbância (ABS) e nota de absorbância (NABS). Os valores de absorbância foram transformados em notas conforme descrito a seguir:

- 1 – Plantas negativas em ELISA (absorbância inferior ou igual a duas vezes a média das plantas saudáveis);
- 2 – Plantas positivas com valores de absorbância até 1,000;
- 3 – Plantas positivas com valores de absorbância de 1,001 a 2,000;
- 4 – Plantas positivas com valores acima de 2,000.

As estimativas das variâncias das populações  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_{11}$  e  $RC_{21}$  foram utilizadas para obtenção das variâncias genética ( $\sigma^2_G$ ), ambiental ( $\sigma^2_E$ ), fenotípica ( $\sigma^2_{F2}$ ), aditiva ( $\sigma^2_A$ ) e de dominância ( $\sigma^2_D$ ), das herdabilidades no sentido amplo ( $h^2_a$ ) e restrito ( $h^2_r$ ) (Anexo A).

Os efeitos aditivos [a] e não aditivos [d] do(s) gene(s) que controla(m) o caráter foram estimados a partir das médias das gerações pelo método dos quadrados mínimos ponderados (MATHER e JINKS, 1984; RAMALHO et al., 1993) (Anexo B).

As análises foram realizadas utilizando o programa estatístico Genes (CRUZ, 2006).

## **2.5 Teste de modelos genéticos utilizando a função de verossimilhança**

A hipótese de herança monogênica e/ou a presença de loci poligênicos ou modificadores afetando o caráter foi testada através de uma metodologia alternativa proposta por Silva (2003), utilizando-se estimadores de máxima verossimilhança. A função de máxima verossimilhança foi constituída considerando uma característica que pode apresentar um gene de efeito maior, sendo que há variação entre indivíduos de um mesmo genótipo devido a ação de efeitos ambientais e/ou de genes de efeitos menores.

Com base nos componentes de média e variância (MATHER e JINKS, 1984) funções de densidade de probabilidade foram assim estruturadas:

$$P_1 : f_1(Y_{11}) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} \exp \left[ -\frac{(Y_{11} - \mu + [a] + A)^2}{2\sigma^2} \right];$$

$$P_2 : f_2(Y_{12}) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} \exp \left[ -\frac{(Y_{12} - \mu - [a] - A)^2}{2\sigma^2} \right];$$

$$F_1 : f_3(Y_{13}) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} \exp \left[ -\frac{(Y_{13} - \mu - [d] - D)^2}{2\sigma^2} \right];$$

$$RC_{11} : f_4(Y_{14}) = \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}}} \exp \left[ -\frac{(Y_{14} - \mu - \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + A)^2}{2(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD})} \right] +$$

$$+ \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}}} \exp \left[ -\frac{(Y_{14} - \mu - \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + D)^2}{2(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD})} \right];$$

$$RC_{12} : f_5(Y_{15}) = \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D + S_{AD}}} \exp \left[ -\frac{(Y_{15} - \mu - \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + A)^2}{2(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D + S_{AD})} \right] +$$

$$+ \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D + S_{AD}}} \exp \left[ -\frac{(Y_{15} - \mu - \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} - D)^2}{2(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D + S_{AD})} \right];$$

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

Onde:

$\mu$  : constante de referência;

A: efeito aditivo do 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;

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

$\sigma^2$ : variância ambiental.

As funções de densidade para  $RC_{11}$  e  $RC_{21}$  são constituídas pela mistura de duas densidades normais e  $F_2$  por uma mistura de três distribuições normais, sendo que, em cada componente da mistura, os componentes de média e de variância dos poligenes não mudam, mudando apenas os efeitos iguais em todas as populações.

Na construção do modelo genético, considerou-se como modelo mais geral aquele que apresenta a existência de gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância mais poligenes com efeito aditivo e de dominância e variâncias ambientais iguais em todas as gerações (Quadro 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. Tais testes de razão de

verossimilhança foram feitos por meio da estatística LR (MODD et al., 1974). De maneira geral, a estatística LR é dada por:

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

Sendo  $L(M_i)$  e  $L(M_j)$  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 um software estatístico denominado “Monogen v. 1.0”, desenvolvido por Silva (2003).

**Quadro 1** - Modelos de herança utilizados pelo programa Monogen 1.0 e seus respectivos parâmetros\*.

Modelo	Herança	Parâmetros
1	Gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivo 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 efeito aditivo apenas	$\mu, A, D, [a], V_A, \sigma^2$
3	Gene maior com efeitos aditivo apenas + poligenes com efeitos aditivo e de dominância	$\mu, A, [a], [d], V_A, V_D, S_{AD}, \sigma^2$
4	Gene maior com efeitos aditivo apenas + poligenes com efeito aditivo apenas	$M, A, [a], V_A, \sigma^2$
5	Poligenes com efeitos aditivo e de dominância	$\mu, [a], [d], V_A, V_D, S_{AD}, \sigma^2$
6	Poligenes com efeitos aditivo apenas	$\mu, [a], V_A, \sigma^2$
7	Gene maior com efeitos aditivo e de dominância	$\mu, A, D, \sigma^2$
8	Gene maior com efeitos aditivo apenas	$\mu, A, \sigma^2$
9	Apenas efeito de ambiente	$M, \sigma^2$

\*Extraído de Silva (2003).

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1 Herança da resistência ao *Papaya ringspot virus type watermelon* (PRSV-W) em melancia

##### 3.1.1 Teste da hipótese de herança monogênica da resistência ao *Papaya ringspot virus type watermelon* (PRSV-W) em melancia

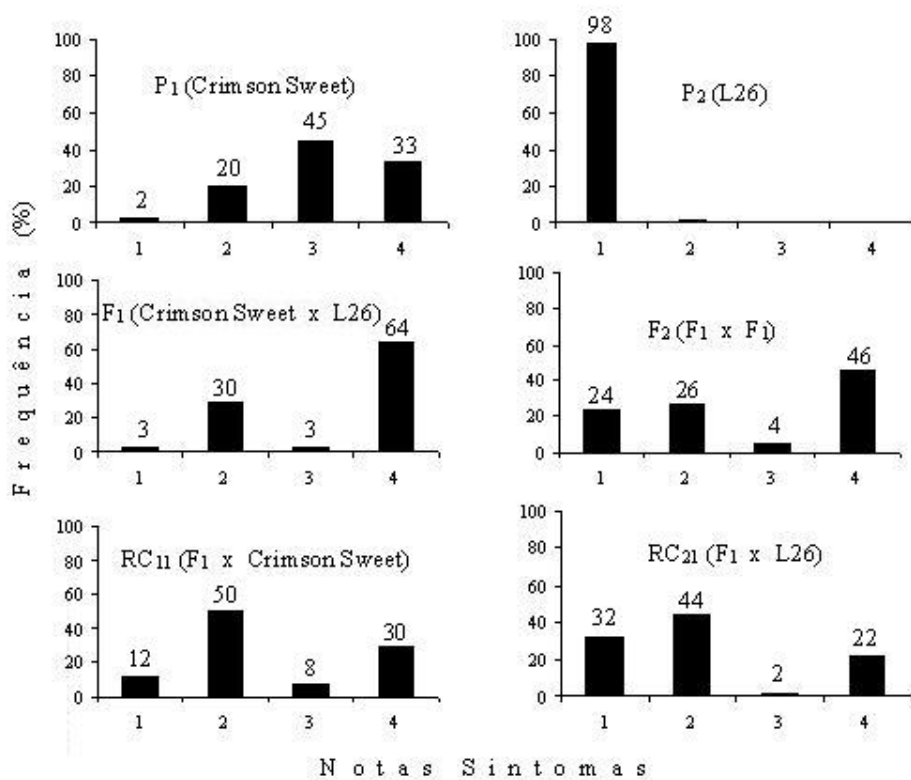
Para NS, foram observadas plantas com notas superiores a 1 (sem sintomas) em P<sub>1</sub> e P<sub>2</sub>, embora P<sub>2</sub> (L26) tenha apresentado apenas uma planta com essa nota (Figura 2). Quando considerados ABS e NABS os resultados não se repetiram, sendo que L26 não apresentou plantas suscetíveis para ABS ou plantas com nota diferente de 1 para NABS (Figuras 3 e 4).

Quando observadas a distribuição de frequência de fenótipos nas populações segregantes, bem como para a população F<sub>1</sub>, em NS, ABS e NABS, embora F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub> apresentem uma distribuição que se aproxima de uma distribuição baseada em herança monogênica recessiva, para RC<sub>11</sub> e RC<sub>21</sub> a distribuição difere de distribuição baseada em herança monogênica, permitindo inferir que a herança da resistência a PRSV-W em L26 seja oligo ou poligênica (Figuras 1, 2 e 3).

Independente da variável considerada não ocorreu diferença no resultado final. Porém ao se observar os dados dos gráficos de frequência percebe-se diferença nas distribuições, sendo que as variáveis ABS e NABS conseguiram discriminar de forma mais precisa as classes de plantas resistentes e suscetíveis. De acordo com os resultados obtidos, a frequência de plantas resistentes foi de 100 % em L26 (Figuras 3 e 4), enquanto que na distribuição para NS ocorreu frequência de plantas suscetíveis (Figura 2).

A ocorrência de plantas resistentes em Crimson Sweet mesmo quando considerada ABS, poderia ser considerado escape em virtude do pequeno número de plantas resistentes nessa população. Porém, as plantas sofreram duas inoculações e as testemunhas utilizadas nas inoculações foram todas suscetíveis quando avaliadas por

ELISA indireto (dados não apresentados). Dessa forma, os dados observados permitem inferir sobre a possibilidade de ocorrência de genes modificadores, corroborando com a hipótese de herança oligo ou poligênica, uma vez que, se a resistência a PRSV-W fosse controlada por apenas um gene recessivo presente em L26 não seria possível a ocorrência de plantas resistentes em Crimson Sweet.

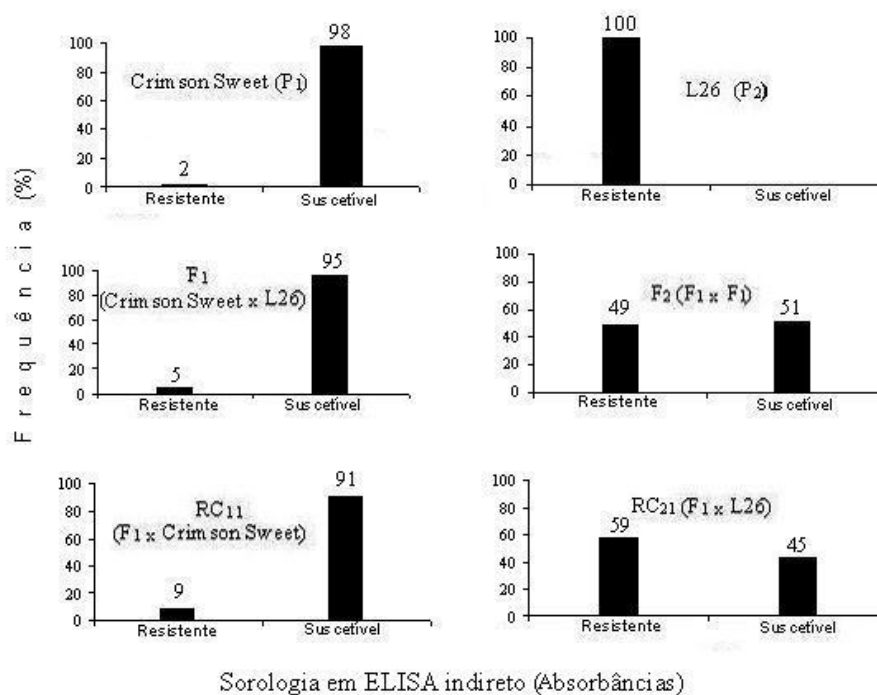


**Figura 2** – Distribuição de freqüências para reação de genótipos de melancia (*Citrullus lanatus* spp.) a *Papaya ringspot virus* type watermelon (PRSV-W), referentes a notas de sintomas. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

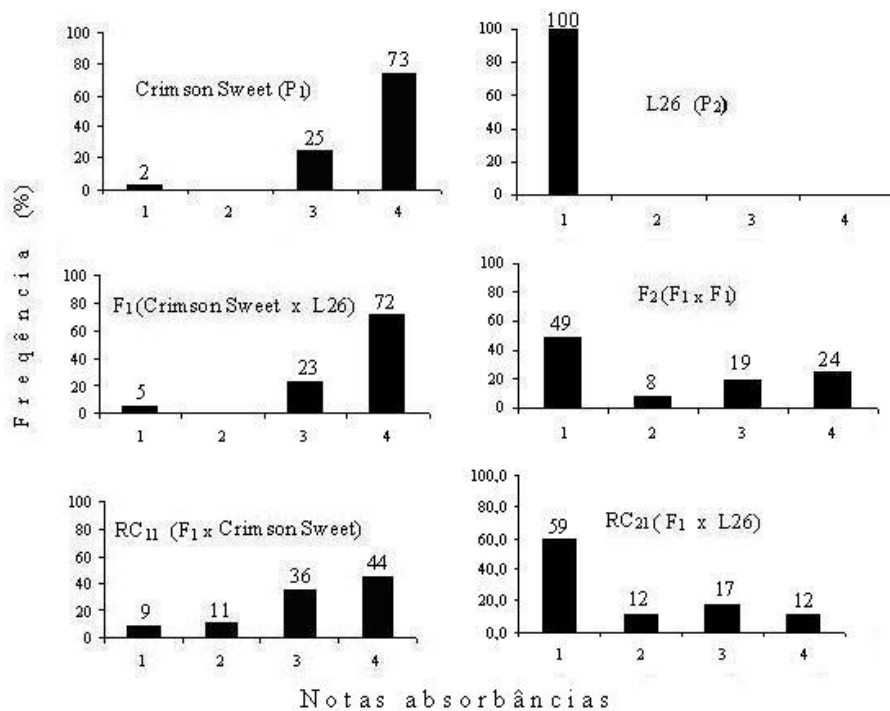
Vale salientar que a expressão de sintomas ocasionados pela infecção por vírus é bastante influenciada pelas condições ambientais e pelo hospedeiro infectado, sendo



que além da influência ambiental, alguns genótipos são tolerantes e não expressam sintomas quando infectados. Dessa forma, é importante o uso da sorologia nas avaliações de resistência a vírus, uma vez que estudos baseados apenas em sintomatologia, mesmo que em alguns casos como no presente trabalho, não interfira no resultado final, pode atrapalhar na seleção de genótipos resistentes.



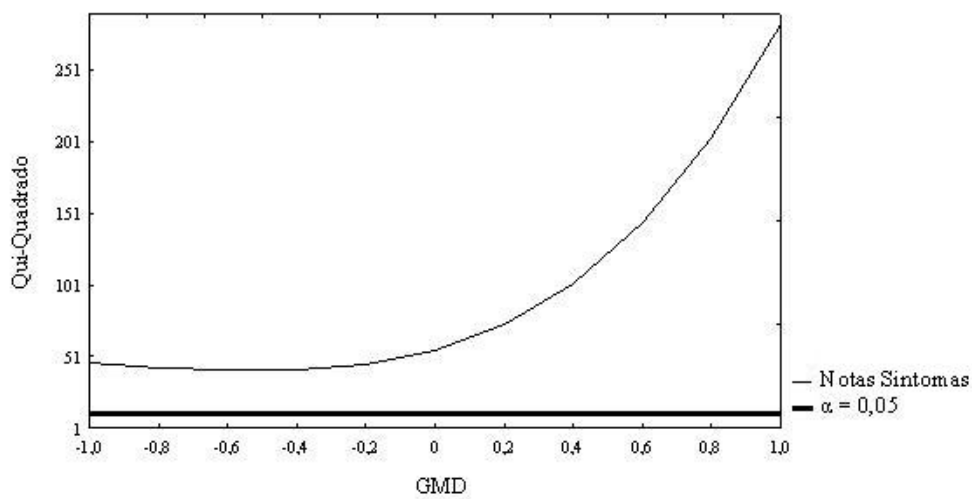
**Figura 3** – Distribuição de frequências para reação de genótipos de melancia (*Citrullus lanatus* spp.) a *Papaya ringspot virus* type watermelon (PRSV-W), referentes a sorologia em ELISA indireto (absorbâncias). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.



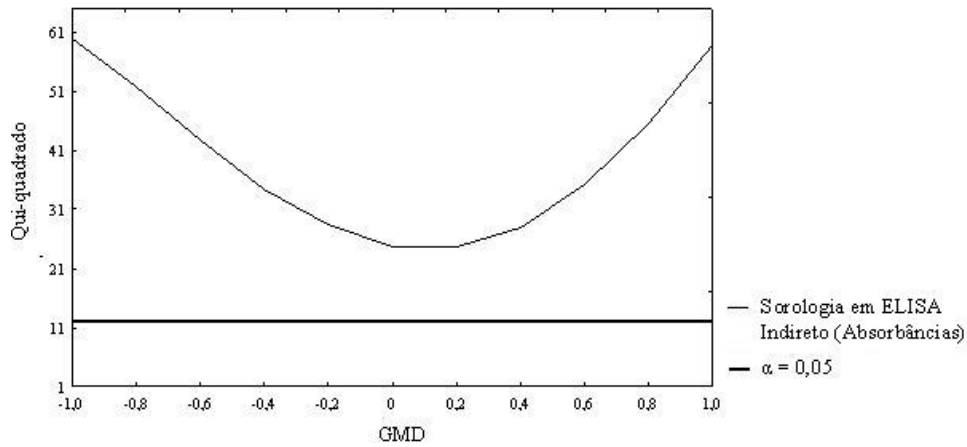
**Figura 4** - Distribuição de frequências para reação de genótipos de melancia (*Citrullus lanatus* spp.) a *Papaya ringspot virus* type watermelon (PRSV-W), referentes a notas de absorbâncias. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

As estimativas de  $\chi^2$ , referentes ao teste de herança monogênica, foram significativas ( $P \leq 0,05$ ) para todos os graus médios de dominância presumidos, nas três variáveis, levando a rejeição da hipótese de herança monogênica e indicando ser a resistência a PRSV-W controlada por mais de um gene (Figuras 5, 6 e 7). Azevedo (2001) e Oliveira (1999) encontraram resultados semelhantes ao estudar a resistência a PRSV-W em melancia e em *Cucurbita moschata* Poir respectivamente, relatando a herança a PRSV-W como sendo controlada provavelmente por dois ou três locos em melancia e por mais de um loco em *C. moschata*, com ação predominantemente aditiva nos dois casos. Para resistência a PRSV-W em *C. melo* e *Cucumis metuliferus* E. Mey, foi relatada a herança da resistência como sendo monogênica dominante

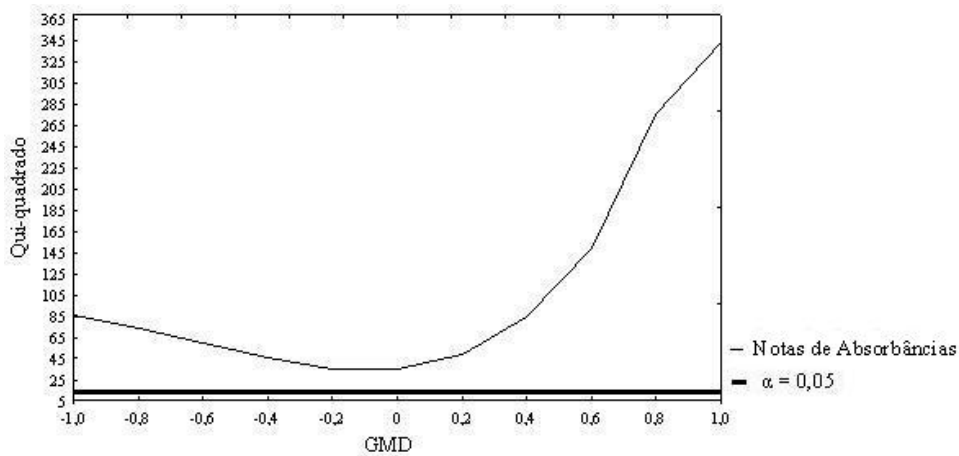
(PROVVIDENTI e ROBINSON, 1977; WEBB, 1979), enquanto que para *C. sativum* a herança foi relatada como monogênica recessiva (WANG et al., 1984). Dessa forma, evidencia-se a necessidade de investigar o tipo de herança nas fontes que se deseja utilizar em programas de melhoramento, uma vez que os resultados já encontrados não podem ser extrapolados, visto que o controle genético da característica de resistência pode variar de acordo com o genótipo que apresenta esta resistência.



**Figura 5** – Valores de Qui-quadrado observados para teste de hipótese de herança monogênica sob diferentes graus médios de dominância presumidos, para reação de genótipos de melancia (*Citrullus* spp.) ao *Papaya ringspot virus* type watermelon (PRSV-W), considerando a variável notas de sintomas. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.



**Figura 6** – Valores de Qui-quadrado observados para teste de hipótese de herança monogênica sob diferentes graus médios de dominância presumidos, para reação de genótipos de melancia (*Citrullus* spp.) ao *Papaya ringspot virus* type watermelon (PRSV-W), considerando sorologia em ELISA indireto (absorbâncias). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.



**Figura 7** – Valores de Qui-quadrado observados para teste de hipótese de herança monogênica sob diferentes graus médios de dominância presumidos, para reação de genótipos de melancia (*Citrullus* spp.) ao *Papaya ringspot virus* type watermelon (PRSV-W), considerando a variável notas de absorbâncias. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

### 3.1.2 Estimativa de parâmetros genéticos

As médias de  $F_1$  nas três variáveis se aproximam de Crimson Sweet indicando que existe dominância dos alelos que conferem suscetibilidade em relação aos alelos que conferem resistência (Tabela 1).

O componente aditivo [a] foi menor que o componente não aditivo [d] apenas para a variável NS, embora apresentem valores aproximados nas variáveis NS e ABS. Por outro lado, as estimativas do GMD, embora apresente variação entre as variáveis consideradas, está próximo de um, indicando que existe efeito de dominância completa (Tabela 1).

Para as três variáveis ocorreram estimativas elevadas de herdabilidade no sentido amplo, NS (0,66), ABS (0,57) e NABS (0,80), porém a variância ambiental foi maior que a variância genética nas três variáveis (Tabela 2), indicando que a resistência a PRSV-W nas condições que foram realizadas as avaliações foi bastante influenciada pelo ambiente.

As estimativas de herdabilidade no sentido restrito também foram elevadas para NS (0,55), ABS (0,87), NABS (0,68). Mesmo que a característica de resistência a PRSV-W sofra grande influência das condições ambientais, esses valores de herdabilidade permitem inferir que os ganhos genéticos obtidos com a seleção de plantas resistentes em populações segregantes provenientes desses cruzamentos podem ser altos (Tabela 2). Azevedo (2001) encontrou valores também elevados ao estudar a resistência a PRSV-W na introdução de melancia PI 595202, com valores de 0,80 e 0,67 para as herdabilidades no sentido amplo e restrito respectivamente.

O  $\chi^2$  estimado entre as médias esperadas e observadas não foi significativo para nenhuma das variáveis consideradas (Tabela 1), indicando que o modelo aditivo-dominante é adequado para explicar o controle da resistência em L26, não sendo necessário a inclusão de interações epistáticas no modelo.

Os dados obtidos com a análise das três variáveis mostram que mesmo com variações nos parâmetros estimados, nas condições em que foram avaliadas, o resultado final não foi alterado, podendo ser utilizado qualquer uma das variáveis para estudo de herança da resistência a PRSV-W, desde que consideradas as condições em que os experimentos foram desenvolvidos, pois deve-se considerar que mudanças nas condições de avaliação podem alterar a expressão dos sintomas nas plantas suscetíveis. De outra parte, a avaliação por sorologia permite a obtenção de resultados mais precisos, particularmente em se tratando de infecções latentes, uma vez que as plantas com esse tipo de infecção não exteriorizam os sintomas. Um exemplo prático dessa situação pode ser observado no Capítulo II, onde foram avaliadas 125 amostras assintomáticas e dessas, 42 estavam infectadas. Conforme pode ser observado na Tabela 2, a herdabilidade encontrada quando considerado ABS foi a menor entre as variáveis, mas quando essa variável foi transformada em notas, a herdabilidade foi superior às encontradas para NS e ABS. Mesmo sendo a escala de notas subjetiva, quando se transforma absorvância em notas, está se baseando em valores reais, que serão os mesmos, independente de quem os está observando, de modo que uma planta negativa vai ser negativa não importando quem esteja avaliando. Diferentemente, quando se atribui notas a sintomas, fatores como condições de avaliação (hora da avaliação, luz no local da avaliação) e experiência do observador podem interferir nos resultados. Vale salientar que a expressão dos sintomas ocasionados por vírus do gênero *Potyvirus* é bastante influenciada pelas condições ambientais, em especial a temperatura, podendo os sintomas serem mais ou menos severos a depender das condições em que são avaliadas, mesmo que o vírus se replique normalmente (BOYAN, 1992; LÊ ROMANCER E NEDELLEC, 1997).

Segundo Hull (2002), uma planta pode ser considerada imune a um determinado vírus quando o vírus não se replica em protoplasto nem em células intactas da planta, mesmo nas células inicialmente inoculadas. Embora não se tenha retroinoculado as plantas resistentes em uma cultivar suscetível para verificar a

possibilidade de recuperação do vírus e não se tenha realizado nenhum teste ao nível de protoplastos, as plantas foram testadas por ELISA indireto contra anti-soro específico para PRSV-W e apresentaram resultado negativo, de forma que os dados permitem inferir que a resistência a PRSV-W em melancia apresentada por L26 pode ser do tipo imunidade, uma vez que as plantas avaliadas se comportaram como não hospedeiras, considerando a elevada sensibilidade do teste de ELISA para detectar a presença de vírus em tecidos vegetais. Por outro lado, é importante salientar que L26 quando na presença de um isolado de PRSV-W diferente do que foi utilizado no presente estudo pode apresentar comportamento diferenciado, podendo ser tolerante ou até suscetível.

**Tabela 1** – Médias de populações de melancia (*Citrullus* spp.) P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>11</sub>, RC<sub>21</sub> e componentes de média para reação ao *Papaya ringspot virus* type watermelon (PRSV-W). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

Populações de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.)	Médias		
	Notas de Sintomas	Absorbância em ELISA indireto	Notas de Absorbâncias
CS	3,05	2,42	3,70
L26	1,02	0,26	1,00
F <sub>1</sub>	3,31	2,89	3,63
F <sub>2</sub>	2,75	1,30	2,22
RC <sub>11</sub> (F <sub>1</sub> x L26)	2,55	1,92	3,16
RC <sub>21</sub> (F <sub>1</sub> x CS)	2,13	0,80	1,88
m	1,9184 ± 0,0298	1,1991 ± 0,0307	2,2462 ± 0,0232
[a]	0,9183 ± 0,0298	0,9414 ± 0,0307	1,2463 ± 0,0232
[d]	1,2196 ± 0,0672	0,7297 ± 0,0691	0,8850 ± 0,0552
$\chi^2$	0,1109 <sup>NS</sup>	0,6095 <sup>NS</sup>	0,1975 <sup>NS</sup>
GMD	1,1842	1,3932	0,9292
n	1,3	1,5	1,2

m = média estimada dos parentais P<sub>1</sub> e P<sub>2</sub>

[a] = efeito gênico aditivo

[d] = efeito gênico não aditivo

$\chi^2$  = Qui-quadrado para teste do Modelo aditivo-dominante

GMD = Grau médio de dominância

n = número de genes

NS = não significativo

**Tabela 2** – Variâncias de populações de melancia (*Citrullus* spp.) P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>11</sub>, RC<sub>21</sub>, e herdabilidade no sentido amplo para reação ao *Papaya ringspot virus* type watermelon (PRSV-W). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

Populações de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.)	Variâncias		
	Notas de Sintomas	Absorbância em ELISA indireto	Notas de Absorbâncias
CS (P <sub>1</sub> )	0,628	0,705	0,356
L26 (P <sub>2</sub> )	0,000	0,001	0,001
F <sub>1</sub>	0,999	1,233	0,626
F <sub>2</sub>	1,603	1,501	1,625
RC <sub>11</sub> (F <sub>1</sub> x CS)	1,107	0,929	0,902
RC <sub>21</sub> (F <sub>1</sub> x L26)	1,212	0,765	1,244
$\sigma^2_E$	1,6029	1,5005	1,6249
$\sigma^2_G$	1,0604	0,8540	1,2977
$\sigma^2_A$	0,8871	1,3070	1,1044
$\sigma^2_D$	1,1773	- 0,4529	0,1933
$h^2_r$	55,3451	87,1073	67,9656
$h^2_a$	66,1581	56,9184	79,8632

$\sigma^2_E$  = variância ambiental;

$\sigma^2_G$  = variância genética;

$\sigma^2_A$  = variância devida aos efeitos aditivos;

$\sigma^2_D$  = variância devida aos efeitos de domiância;

$h^2_r$  = herdabilidade no sentido restrito;

$h^2_a$  = herdabilidade no sentido amplo.

### 3.1.3 Testes de hipótese de herança monogênica por meio da função de máxima verossimilhança para resistência ao *Papaya ringspot virus* type watermelon (PRSV-W) em melancia

O teste de máxima verossimilhança (SILVA, 2003) trabalha com modelos hierarquizados, de forma que o contraste do Modelo 1 com o Modelo 5, que confronta a existência de gene com efeito maior mais poligenes, com apenas poligenes, permite que se rejeite H<sub>0</sub>. Assim, há evidência de que existe um gene de efeito maior (Tabela 3). Da mesma forma, comparando o Modelo 1 com o Modelo 7, que confronta a existência de um gene de efeito maior mais poligenes, com apenas gene de efeito maior, rejeita-se H<sub>0</sub>, de forma que também há evidência de efeitos poligênicos (Tabela 3).



Desse modo, o modelo mais adequado para explicar a herança da resistência a PRSV-W em L26 é aquele que considera a existência de um gene maior com efeitos aditivos e de dominância, juntamente com poligenes. Porém, essa metodologia não testa a existência de mais de um gene maior. Por outro lado, os dados obtidos pelo teste de máxima verossimilhança concordam com o teste de herança monogênica onde o teste de herança monogênica simples foi rejeitado.

**Tabela 3** – Testes de hipótese de herança monogênica por meio da função de máxima verossimilhança para resistência ao *Papaya ringspot virus* type watermelon (PRSV-W) em melancia (*Citrullus* spp.). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

Modelos	Graus de liberdade	Nota Sintoma		Sorologia em ELISA indireto (Absorbâncias)		Notas de Absorbâncias	
		X <sup>2</sup>	Prob.	X <sup>2</sup>	Prob.	X <sup>2</sup>	Prob.
1 vs. 2	3	61,6070	0,000000	35,0554	0,000000	57,6313	0,000000
1 vs. 3	1	85,8631	0,000000	28,5028	0,000000	66,1267	0,000000
1 vs. 4	4	193,4392	0,000000	112,2909	0,000000	195,3106	0,000000
1 vs. 5	2	133,8519	0,000000	46,4059	0,000000	123,6701	0,000000
1 vs. 6	5	207,2042	0,000000	112,5838	0,000000	213,1735	0,000000
1 vs. 7	5	133,8513	0,000000	97,9098	0,000000	69,0009	0,000000
1 vs. 8	6	204,6792	0,000000	116,0553	0,000000	196,9879	0,000000
1 vs. 9	7	294,4285	0,000001	244,0103	0,000000	425,6265	0,000001
2 vs. 4	1	131,8322	0,000000	77,2355	0,000000	137,6793	0,000000
2 vs. 6	2	145,5972	0,000000	77,5284	0,000000	155,5421	0,000000
2 vs. 7	2	72,2444	0,000000	62,8544	0,000000	11,3696	0,003397
2 vs. 8	3	143,0722	0,000000	80,9999	0,000000	139,3566	0,000000
2 vs. 9	4	232,8215	0,000000	208,9549	0,000000	367,9952	0,000001
3 vs. 5	1	47,9888	0,000000	17,9031	0,000023	57,5434	0,000000
3 vs. 6	4	121,3411	0,000000	84,0810	0,000000	147,0467	0,000000
3 vs. 8	5	118,8161	0,000000	87,5525	0,000000	130,8612	0,000000
3 vs. 9	6	208,5654	0,000000	215,5075	0,000000	359,4998	0,000001
4 vs. 6	1	13,7649	0,000207	0,2928	0,588374	17,8629	0,000023
4 vs. 8	2	11,2399	0,003624	3,7644	0,152255	1,6773	0,432284
4 vs. 9	3	100,9893	0,000000	131,7194	0,000000	230,3159	0,000000
5 vs. 6	3	73,3523	0,000000	66,1779	0,000000	89,5034	0,000000
5 vs. 9	5	160,5766	0,000000	197,6044	0,000000	301,9564	0,000000
6 vs. 9	2	87,2244	0,000000	131,4265	0,000000	212,4530	0,000000
7 vs. 8	1	70,8278	0,000000	18,14553	0,000020	127,9870	0,000000
7 vs. 9	2	160,5772	0,000000	146,1005	0,000000	356,6256	0,000000
8 vs. 9	1	61,6070	0,000000	35,0554	0,000000	57,6313	0,000000

### **3.2 Herança da resistência a *Watermelon mosaic virus* (WMV) em melancia**

#### **3.2.1 Teste da hipótese de herança monogênica da resistência a *Watermelon mosaic virus* (WMV) em melancia**

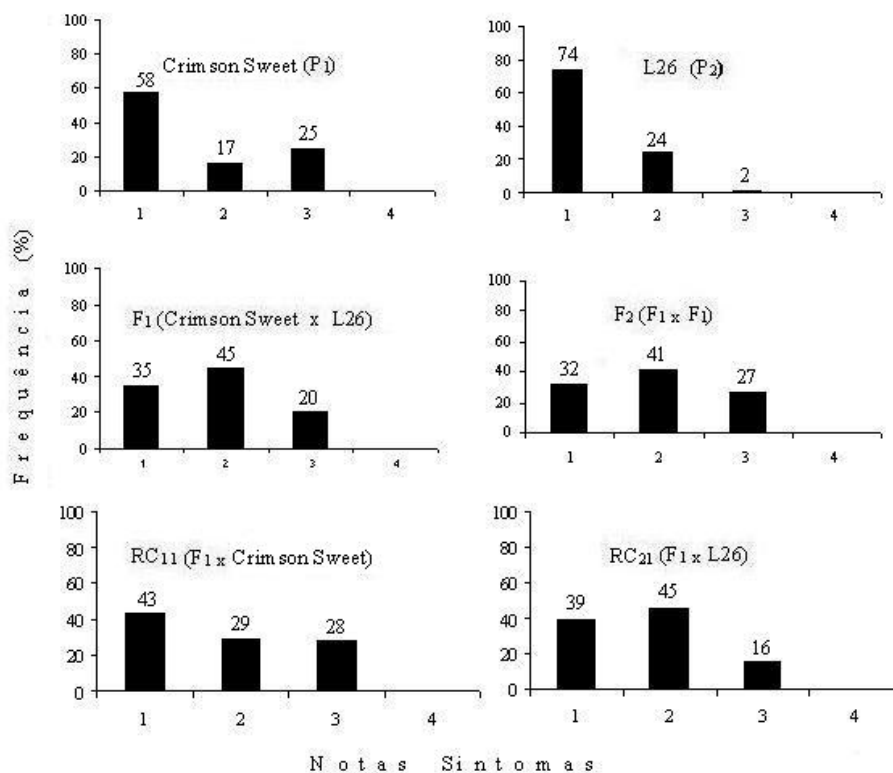
A distribuição de frequência para NS, ABS e NABS foi semelhante quando considerados  $P_1$  e  $P_2$ , sendo que as duas populações apresentaram plantas resistentes e suscetíveis, embora  $P_2$  tenha apresentado maior proporção de plantas suscetíveis (Figuras 8, 9 e 10). Quando consideradas as populações  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_1$  e  $RC_2$  foi observada diferença nas distribuições, sendo que NS apresentou a menor proporção de plantas com nota 1 (sem sintomas), exceto para  $P_1$  que apresentou maior proporção de plantas com nota 1 quando considerada a variável NS (Figuras 8, 9 e 10).

Mesmo com os dois pais segregando para resistência e suscetibilidade, quando observadas a distribuição de frequência de fenótipos nas populações segregantes, bem como para a população  $F_1$ , em NS, ABS e NABS, a distribuição difere de uma distribuição baseada em herança monogênica, permitindo inferir que a herança da resistência a WMV em L26 seja oligo ou poligênica (Figuras 8, 9 e 10).

A frequência de plantas resistentes em L26 foi de 74 % nas três variáveis, porém quando observada as frequências de Crimson Sweet, a proporção em NS foi de 58%, enquanto que em ABS e NABS foi de 56 % (Figuras 8, 9 e 10). Mesmo que uma análise geral das distribuições de frequências dos fenótipos para as populações em NS, ABS e NABS levasse a conclusão de que a característica de resistência a WMV em L26 não é controlada monogenicamente, observa-se que a expressão dos sintomas nessas populações ocorreu de forma pouco severa, de modo que a maioria das plantas suscetíveis foi classificada nas classes de nota 2 e 3, sendo que, excetuando-se  $P_1$ , as demais populações apresentaram a maior proporção de plantas suscetíveis na classe de nota 2 (Figura 8).

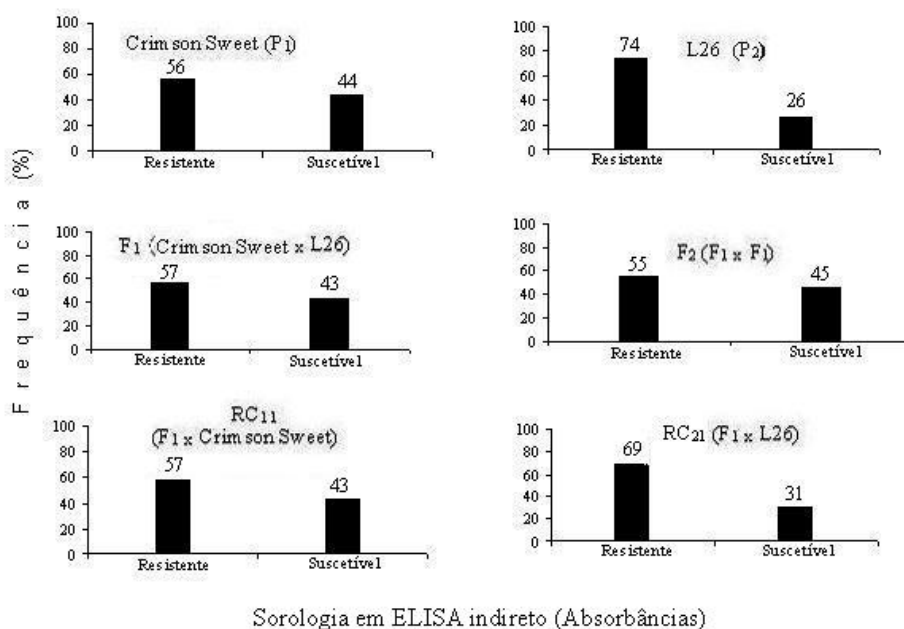
A ocorrência de plantas resistentes em ‘Crimson Sweet’ mesmo quando considerada ABS, não deve ser considerada escape uma vez que as plantas sofreram

duas inoculações, e as testemunhas utilizadas nas inoculações foram todas suscetíveis quando avaliadas por ELISA indireto (dados não apresentados). De outra parte, a alta porcentagem de plantas resistentes em Crimson Sweet permite inferir sobre a possibilidade de ocorrência de genes modificadores, uma vez que as sementes de ‘Crimson Sweet’ utilizadas no presente estudo foram obtidas através de autofecundações, o que pode ter contribuído para formar combinações alélicas que permitiram a expressão desses possíveis modificadores.

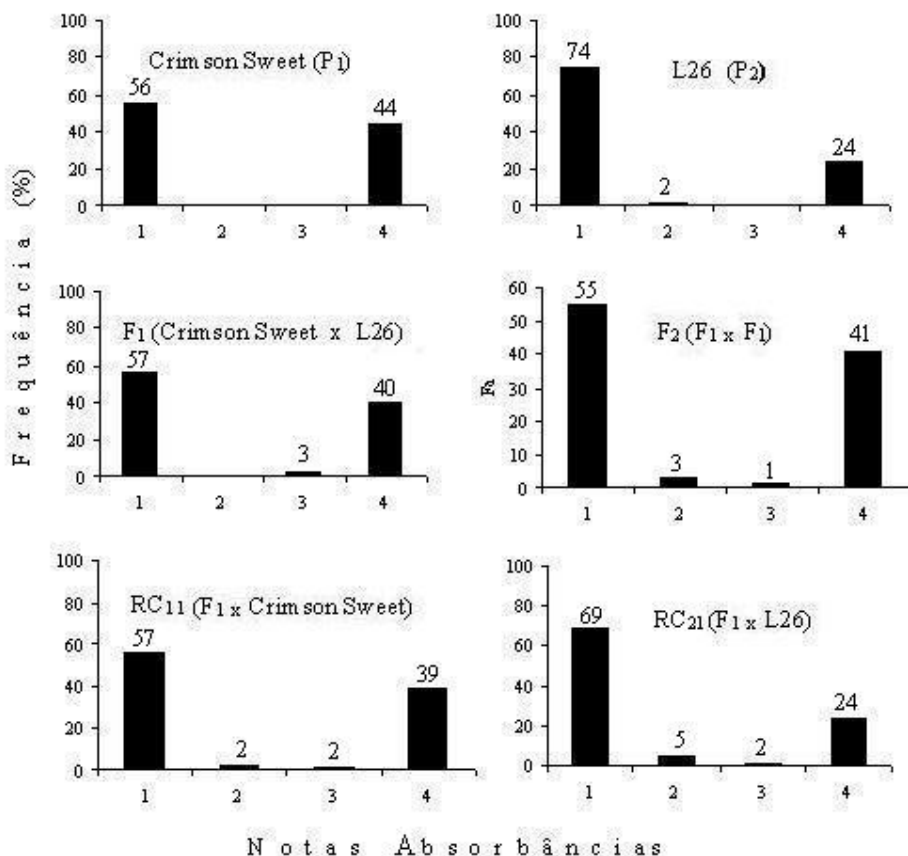


**Figura 8** - Distribuição de frequências para reação de genótipos de melancia (*Citrullus* spp.) a *Watermelon mosaic virus* (WMV), referentes a notas de sintomas. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

Vale salientar que a expressão de sintomas ocasionados pela infecção por vírus é bastante influenciada pelas condições ambientais e pelo hospedeiro infectado, sendo que além da influência ambiental, alguns genótipos são tolerantes e não expressam sintomas quando infectados. Dessa forma, é importante o uso da sorologia nas avaliações de resistência a viroses, uma vez que estudos baseados apenas em sintomatologia, mesmo que em alguns casos como no presente trabalho, não interfira no resultado final, pode atrapalhar na seleção de genótipos resistentes.



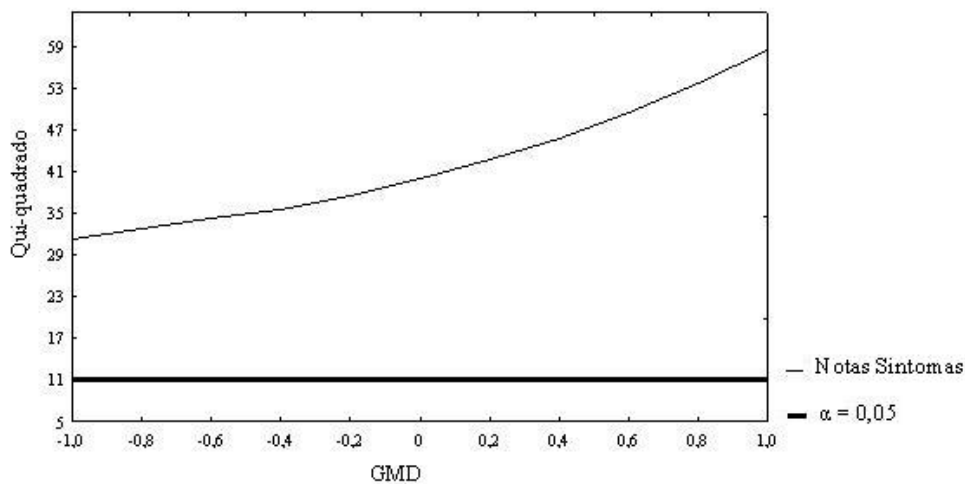
**Figura 9** – Distribuição de frequências para reação de genótipos de melancia (*Citrullus* spp.) a *Watermelon mosaic virus* (WMV), referentes a sorologia em ELISA indireto (absorbâncias). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.



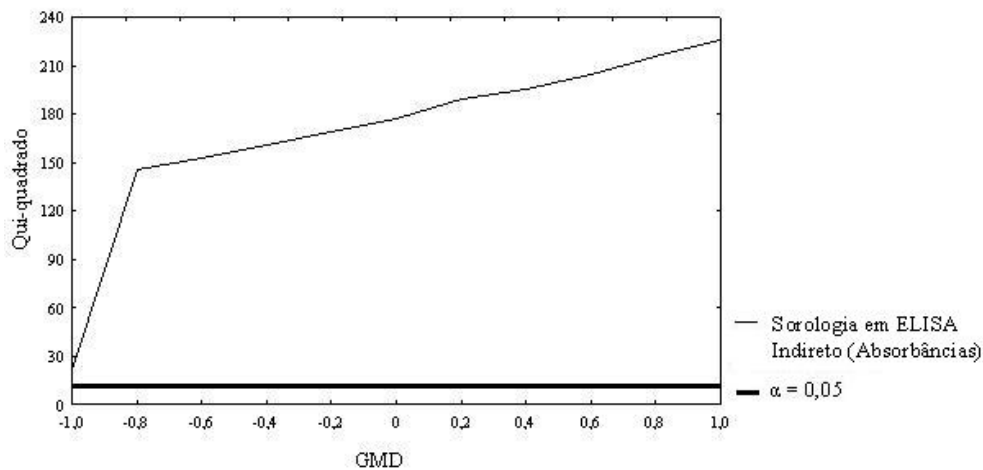
**Figura 10** - Distribuição de frequências para reação de genótipos de melancia (*Citrullus* spp.) a *Watermelon mosaic virus* (WMV), referentes a notas de absorbâncias. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

As estimativas de  $\chi^2$ , referentes ao teste de herança monogênica, não foram significativas ( $P \leq 0,05$ ) para todos os graus médios de dominância presumidos, nas três variáveis, levando a rejeição da hipótese de herança monogênica e indicando ser a resistência a WMV em L26 controlada por mais de um gene (Figuras 11, 12 e 13). Gilbert-Albertini et al. (1993) relataram a herança a resistência a WMV em *Cucurbita moschata* como sendo controlada por um gene recessivo, resultado semelhante ao

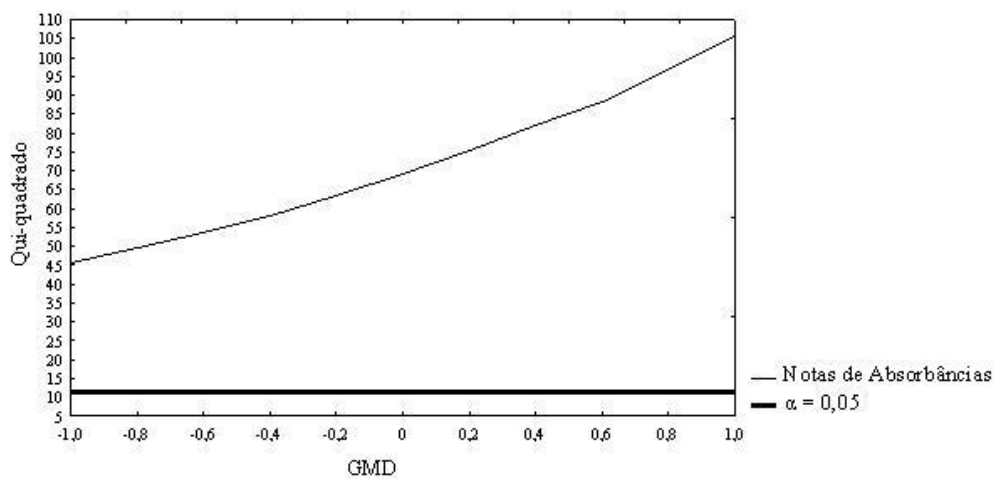
descrito Gilbert et al. (1994) para o controle genético da resistência a WMV em melão. Para melancia, Sittolin et al. (2000) relataram a resistência a WMV na introdução BT-8501 como sendo controlada por dois pares de genes recessivos enquanto que Beserra Júnior et al. (2006) avaliando a resistência a WMV na introdução de melancia PI 595202, relatou o controle genético como sendo oligo ou poligênico, com o número de genes estimado em 2,61. Dessa forma, evidencia-se a necessidade de se investigar o tipo de herança nas fontes que se deseja utilizar em programas de melhoramento, uma vez que os resultados já encontrados não podem ser extrapolados, visto que o controle genético da característica de resistência pode variar de acordo com o genótipo que apresenta esta resistência.



**Figura 11** – Valores de Qui-quadrado observados para teste de hipótese de herança monogênica sob diferentes graus médios de dominância presumidos, para reação de genótipos de melancia (*Citrullus* spp.) ao *Watermelon mosaic virus* (WMV), considerando a variável notas de sintomas. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.



**Figura 12** – Valores de Qui-quadrado observados para teste de hipótese de herança monogênica sob diferentes graus médios de dominância presumidos, para reação de genótipos de melancia (*Citrullus* spp.) ao *Watermelon mosaic virus* (WMV), considerando a sorologia em ELISA indireto (absorbâncias). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.



**Figura 13** – Valores de Qui-quadrado observados para teste de hipótese de herança monogênica sob diferentes graus médios de dominância presumidos, para reação de genótipos de melancia (*Citrullus* spp.) ao *Watermelon mosaic virus* (WMV), considerando a variável notas de absorbâncias. UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

### 3.2.2 Estimativa dos parâmetros genéticos

As médias de  $F_1$  nas três variáveis se aproximam de ‘Crimson Sweet’ indicando que existe dominância dos alelos que conferem suscetibilidade em relação aos alelos que conferem resistência (Tabela 4).

O componente aditivo [a] foi menor que o componente não aditivo [d] apenas para a variável NS. As estimativas do GMD em NS indica sobredominância, enquanto que para ABS e NABS estão próximos de um, com indicação de dominância completa para ABS e dominância parcial para NABS (Tabela 4).

**Tabela 4** – Médias de populações de melancia (*Citrullus* spp.)  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_{11}$ ,  $RC_{21}$  e componentes de média para reação ao *Watermelon mosaic virus* (WMV). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

Populações de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.)	Médias		
	Notas de Sintomas	Sorologia em ELISA indireto (Absorbâncias)	Notas de Absorbâncias
CS ( $P_1$ )	1,667	1,663	2,333
L26 ( $P_2$ )	1,278	1,019	1,741
$F_1$	1,855	1,647	2,275
$F_2$	1,942	1,628	2,288
$RC_{11}$ ( $F_1 \times CS$ )	1,843	1,529	2,236
$RC_{21}$ ( $F_1 \times L26$ )	1,769	1,054	1,802
m	1,5740 ± 0,0356	1,3213 ± 0,2554	2,0411 ± 0,0717
[a]	0,2079 ± 0,0342	0,3944 ± 0,0736	0,3642 ± 0,0659
[d]	0,4784 ± 0,0649	0,2583 ± 0,1503	0,2048 ± 0,1325
$\chi^2$	0,0462 <sup>NS</sup>	0,0755 <sup>NS</sup>	0,03110 <sup>NS</sup>
GMD	1,9689	0,9505	0,8043
n	*	2,07	2,22

m = média estimada dos parentais  $P_1$  e  $P_2$ ;

[a] = efeito gênico aditivo;

[d] = efeito gênico não aditivo;

$\chi^2$  = Qui-quadrado para teste do Modelo aditivo-dominante;

GMD = Grau médio de dominância;

n = número de genes;

NS= não significativo;

\* Não calculado devido a ocorrência de estimativas negativas de variâncias.



O  $\chi^2$  estimado entre as médias esperadas e observadas não foi significativo para nenhuma das variáveis consideradas (Tabela 4), indicando que o modelo aditivo-dominante é adequado para explicar o controle da resistência em L26, não sendo necessário a inclusão de interações epistáticas no modelo.

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo também não apresentaram consistência para as três variáveis com valores de 0,14, 0,07 e 0,04 para NS, ABS e NABS respectivamente (Tabela 5). Devido à ocorrência de variâncias negativas a herdabilidade no sentido restrito para NS não foi calculada, porém os valores de herdabilidade no sentido para ABS e NAB foram respectivamente 0,34 e 0,24 (Tabela 5). Os valores de herdabilidade no sentido amplo inferiores aos valores de herdabilidade no sentido restrito podem ser explicados pela ocorrência de variâncias negativas.

O valor de herdabilidade no sentido amplo observado nesse estudo difere daquele relatado por Beserra Júnior et al. (2006) que encontraram elevada herdabilidade no sentido amplo para resistência a WMV em melancia (0,80).

A herdabilidade não é apenas uma propriedade do caráter, mas também da população e das condições ambientais a que foram submetidos os indivíduos da população (RAMALHO et al., 1993). Considerando que as estimativas das herdabilidades foram baseadas em variâncias e que os erros das estimativas de variâncias são normalmente altos é importante usar de cautela ao se utilizarem esses parâmetros (VELLO e VENCOVSKY, 1974 *apud* RAMALHO et al., 1993). Assim, os baixos valores de herdabilidade observados para resistência a WMV não impossibilitam a seleção de plantas resistentes em populações segregantes obtidas do cruzamento de L26 e Crimson Sweet.

A variância ambiental foi maior que a variância genética nas três variáveis (Tabela 5), indicando que a resistência a WMV nas condições que foram realizadas as avaliações também foi bastante influenciada pelo ambiente.

Os dados obtidos com a análise das três variáveis mostram que ocorre variação nos parâmetros estimados nas condições em que foram avaliados, de modo que o resultado final é alterado de acordo com a variável analisada. Dessa forma, com base nos dados apresentados nas Tabelas 4 e 5, pode-se inferir que dependendo do conjunto patógeno-hospedeiro, o uso de sintomatologia sem o auxílio de técnicas sorológicas pode levar a interpretações equivocadas, de modo a comprometer o processo de seleção de fontes de resistência. Considerando que a expressão de sintomas ocasionados pela infecção por WMV é altamente influenciada pelas condições ambientais, além da caracterização sintomatológica, sugere-se que a sorologia seja utilizada em programas de melhoramento que busque a seleção de fontes de resistência a esse vírus.

**Tabela 5** - Variâncias de populações de melancia (*Citrullus* spp.) P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>11</sub>, RC<sub>21</sub>, e herdabilidade no sentido amplo para reação ao *Watermelon mosaic virus* (WMV). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

Populações de melancia ( <i>Citrullus</i> spp.)	Variâncias		
	Notas de Sintomas	Sorologia em ELISA indireto (Absorbâncias)	Notas de Absorbâncias
CS (P <sub>1</sub> )	0,743	2,780	2,286
L26 (P <sub>2</sub> )	0,242	2,168	1,667
F <sub>1</sub>	0,538	2,879	2,173
F <sub>2</sub>	0,588	2,796	2,135
RC <sub>11</sub> (F <sub>1</sub> x CS)	0,689	2,595	2,118
RC <sub>21</sub> (F <sub>1</sub> x L26)	0,496	2,044	1,644
$\sigma^2_E$	0,5878	2,7957	2,1347
$\sigma^2_G$	0,0802	0,1870	0,0926
$\sigma^2_A$	-0,0097	0,9518	0,5073
$\sigma^2_D$	0,0900	-0,7647	-0,4147
$h^2_r$	*	34,04	23,77
$h^2_a$	13,69	6,69	4,34

$\sigma^2_E$  = variância ambiental;

$\sigma^2_G$  = variância genética;

$\sigma^2_A$  = variância devida aos efeitos aditivos;

$\sigma^2_D$  = variância devida aos efeitos de domiância;

$h^2_r$  = herdabilidade no sentido restrito;

$h^2_a$  = herdabilidade no sentido amplo;

\* Não calculado devido a estimativas negativas de variância aditiva.

### **3.2.3 Testes de hipótese de herança monogênica por meio da função de máxima verossimilhança para resistência ao *Watermelon mosaic virus* (WMV) em melancia**

O teste de máxima verossimilhança (SILVA, 2003) trabalha com modelos hierarquizados, de forma que o contraste do Modelo 1 com o Modelo 5, que confronta a existência de gene com efeito maior mais poligenes, com apenas poligenes, permite que se rejeite  $H_0$ . Assim, existe a evidência de que existe um gene de efeito maior (Tabela 6). Da mesma forma, comparando o Modelo 1 com o Modelo 7, que confronta a existência de um gene de efeito maior mais poligenes, com apenas gene de efeito maior, rejeita-se  $H_0$ , de forma que também há evidência de efeitos poligênicos (Tabela 6).

Desse modo, o modelo mais adequado para explicar a herança da resistência a WMV em L26 é aquele que considera a existência de um gene maior com efeitos aditivos e de dominância, juntamente com poligenes. Porém, essa metodologia não testa a existência de mais de um gene maior. Por outro lado, os dados obtidos pelo teste de máxima verossimilhança concordam com o teste de herança monogênica onde o teste de herança monogênica simples foi rejeitado.

Considerando a variabilidade de estirpes apresentadas pelos potyvírus, é importante salientar que algumas resistências podem ser efetivas para todas as variações de um determinado patógeno (resistência horizontal ou não específica), enquanto outros tipos de resistência conseguem controlar apenas um patógeno específico (resistência vertical ou específica) (VANDERPLANK, 1969). Embora resistência horizontal esteja geralmente associada à herança poligênica e resistência vertical a herança monogênica, é importante salientar que o inverso também pode acontecer (SHERTZ e TAI, 1969; JIN e STENFFERSON, 1994). Contudo, os resultados aqui apresentados, com as avaliações em casa de vegetação e em campo permitem inferir que a resistência apresentada em L26, além de quantitativa pode ser do tipo horizontal, uma vez que existe a possibilidade de estarem ocorrendo isolados

diferentes de WMV em campo de modo que essa resistência, após transferida para uma cultivar comercial será mais duradoura, uma vez que esse tipo de resistência é mais difícil de ser quebrada.

**Tabela 6** - Testes de hipótese de herança monogênica por meio da função de máxima verossimilhança para resistência ao *Watermelon mosaic virus* (WMV) em melancia (*Citrullus* spp.). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

Modelos	Graus de liberdade	Notas de Sintomas		Sorologia em ELISA indireto (Absorbâncias)		Notas de Absorbâncias	
		X <sup>2</sup>	Prob.	X <sup>2</sup>	Prob.	X <sup>2</sup>	Prob.
1 vs. 2	3	21,2721	0,000092	203,0252	0,000000	335,2857	0,000001
1 vs. 3	1	21,1422	0,000004	200,1701	0,000000	337,2439	0,000001
1 vs. 4	4	41,1634	0,000000	203,0305	0,000000	340,0323	0,000001
1 vs. 5	2	23,8306	0,000006	202,0150	0,000000	339,3008	0,000001
1 vs. 6	5	41,1634	0,000000	204,8034	0,000000	342,0136	0,000001
1 vs. 7	5	29,6596	0,000017	204,4377	0,000000	342,1190	0,000001
1 vs. 8	6	41,3978	0,000000	204,9749	0,000000	342,0636	0,000001
1 vs. 9	7	50,7326	0,000000	214,7009	0,000000	352,0316	0,000001
2 vs. 4	1	19,8913	0,000008	0,0053	0,941866	4,7465	0,029358
2 vs. 6	2	19,8913	0,000048	1,7782	0,411032	6,7278	0,034600
2 vs. 7	2	8,38753	0,015090	1,4125	0,493489	6,8332	0,032825
2 vs. 8	3	20,1257	0,000160	1,9497	0,582917	6,7776	0,079329
2 vs. 9	4	29,4605	0,000006	11,6757	0,019933	16,74576	0,002166
3 vs. 5	1	2,68835	0,101084	1,8449	0,174375	2,05696	0,151517
3 vs. 6	4	20,0212	0,000494	4,6333	0,327035	4,7698	0,311748
3 vs. 8	5	20,2555	0,001119	4,8048	0,440165	4,8198	0,438275
3 vs. 9	6	29,5904	0,000047	14,5308	0,024237	14,7877	0,021974
4 vs. 6	1	0,0000	0,999824	1,7728	0,183030	1,9814	0,159251
4 vs. 8	2	0,2344	0,889396	1,9444	0,378258	2,0313	0,362168
4 vs. 9	3	9,5692	0,022606	11,6704	0,008602	11,9992	0,007386
5 vs. 6	3	17,3328	0,000603	2,7884	0,425420	2,7128	0,438048
5 vs. 9	5	26,9020	0,000059	12,6859	0,026507	12,7308	0,026037
6 vs. 9	2	9,5692	0,008357	9,8975	0,007092	10,0179	0,006678
7 vs. 8	1	11,7382	0,000612	0,5372	0,463610	*	*
7 vs. 9	2	21,0730	0,000026	10,2632	0,005907	9,9126	0,007039
8 vs. 9	1	21,2721	0,000003	203,0252	0,000000	335,2859	0,000001

\* Valor negativo, provavelmente devido a problema de convergência.

#### 4 REFERÊNCIAS

AZEVEDO, S. M. **Herança da resistência ao vírus da mancha anelar do mamoeiro, estirpe melancia (PRSV-W) em melancia [*Citrullus lanatus* (Thumb.) Matsumara e Nakai]**. 2001. 53 f. Tese de Doutorado (Doutorado em Agronomia: Fitotecnia)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2001.

BESERRA JÚNIOR, J. E. A.; MALUF, W. R.; FIGUEIRA, A. R.; BARGUIL, B. M. Herança da resistência ao Watermelon mosaic virus em melancia (*C. lanatus* L.). **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 3, p. 302-305, 2006.

BOYHAN, G.; NORTON, J. D.; JACOBSEN, B. J.; ABRAHAMS, B. R. Evaluation of Watermelon and Germ Plasm for Resistance to Zucchini Yellow Mosaic Virus. **Plant Disease**, St. Paul, v. 76, n. 3, p. 251-252, 1992.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: biometria**. Viçosa: Ed. UFV, 2006. 382p.

DANIN-POLEG, Y. PARIS, R. S.; COHEN, S.; RABINOWITCH, H. D.; KARCHI, Z. Oligogenic inheritance of resistance to zucchini yellow mosaic virus in melons. **Euphytica**, Dordrecht, v. 93, n. 3, p. 331-337, 1997.

GILBERT-ALBERTINI, F.; LECOQ, H.; PITRAT, M.; NICOLER, J. L. Resistance of *Cucurbita moschata* to watermelon mosaic virus type 2 and its genetic relation to resistance to zucchini yellow mosaic virus. **Euphytica**, Dordrecht, v. 69, n.3, p. 231-237, 1993.

GILBERT, R. Z.; KYLE, M. M.; MUNGER, H. M. Inheritance of resistance watermelon mosaic virus in *Cucumis melo* L. **HortScience**, Alexandria, v. 29, n. 2, p. 107-194, 1994.

GOMES, L. A. A.; MALUF, W. R.; CAMPOS, V. P. Inheritance of the resistant reaction of the cultivar 'Grand Rapids' to the southern root-knot nematode *Meloidogyne incognita* (Kofoid & White) Chitwood. **Euphytica**, Wageningen, v. 114, n. 1, p. 37-46, 2000.

HOJO, H. **Triagem de população e herança da resistência ao vírus do mosaico da melancia-1 (WMV-1) em melancia (*Citrullus lanatus* Thunb. Mansf).** 1989. 97 f. Dissertação (Mestrado em Proteção de Plantas) – Faculdade de Ciências Agronômicas de Botucatu, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, 1989.

HULL, R. **Matthew's Plant Virology.** Elsevier Academic Press, New York, 4<sup>th</sup> edition, 2002, 1001p.

JIN, J.; STEFFENSON, B. J. Inheritance of resistance to *Puccinia hordei* in cultivated and wild barley. **Journal of Heredity**, v. 85, n. 6, p. 451-454, 1994.

LE ROMANCER, M.; NEDELLEC, M. Effect of plant genotype, virus isolate and temperature on the expression of the potato tuber necrotic ringspot disease (PTNRD). **Plant Pathology**, Wageningen, v. 46, n.1, p. 104-11, 1997.

LISA, V.; LECOQ, H. **Zucchini yellow mosaic virus.** CMI/AAB. Description of plant viruses. n. 282, 1984.

MATHER, K.; JINKS, J. L. Introdução a genética biométrica. Tradução de Francisco A. Moura Duarte et al., Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1984. 242p. Tradução de: **Introduction to biometrical genetics.**

MODD, A. M.; GRAYBILL, F. A.; BOES, D. C. **Introduction to the theory of statistics.** 3. ed. Tokio: McGraw-Hill Kogakusha, 1974. 564p.

OLIVEIRA, V. B.; QUEIRÓZ, M. A.; LIMA, A. A. Fontes de resistência aos principais potyvirus isolados de cucurbitáceas no Nordeste brasileiro. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n. 4, p. 589-592, 2002.

OLIVEIRA, V. B.; LIMA, J. A. A.; VALE, C. C.; PAIVA, W. O. Caracterização biológica e sorológica de isolados de potyvirus obtidos de cucurbitáceas no Nordeste brasileiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 25, n.4, p. 628-636, 2000.

OLIVEIRA, A. C. B. de. **Herança da resistência ao Vírus da mancha anelar do mamoeiro-estirpe melancia (PRSV-W) em *Cucurbita moschata* Duch. e sua introgressão em *Cucurbita pepo* L.** 1999. 74 f. Tese de doutorado (Doutorado em Agronomia: Fitotecnia)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1999.

PERRING, T. M.; FARRAR, C. A.; MAYBERRY, K.; BLUA, M. J. Research reveals pattern of cucurbit virus spread. **California Agriculturae**, Berkeley, v. 46, n.2, p. 35-40, 1992.

PITRAT, M.; LECOQ, H. Inheritance of zucchini yellow mosaic virus in *Cucumis melo* L. **Euphytica**, Dordrecht, v. 33, n.1, p-57-61, 1984.

PROVVIDENTI, R.; ROBINSON, R.W. Inheritance of resistance to watermelon mosaic virus 1 in *Cucumis meluliferus*. **Journal of Heredity**, Washington, v. 68, n.1, p. 56-57. 1977.

PROVVIDENTI, R. Inheritance of resistance to the Florida strain of zucchini yellow mosaic virus in watermelon. **HostScience**, Alexandria, v. 26, n 4, p. 407-408, 1991.

PROVVIDENTI, R. Reactions of accessions of *Citrullus colocynthis* from Nigéria to Zucchini yellow mosaic virus and other cucurbit viruses. **Cucurbit Genetic Cooperative Report**, Maryland, v. 9, n.9, p. 82-83, 1986.

PURCIFULL, D.; HIEBERT, E.; EDWARDSON, J. **Watermelon mosaic virus 2**. Descriptions of plant viruses n° 293. Kew England, CMI/ABB. 1984. 7p.

SCHERTZ, K. F.; TAI, Y. P. Inheritance of reaction of *Sorghum bicolor* (L.) Moench to toxin produced by *Periconia circinata* (Mang.) Socc. **Crop Science**, v. 9, p. 621-624, 1969.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: Ed. UFG, 1993. 271p.

RAMOS, N. F.; LIMA, J. A. A.; GONÇALVES, M. F. B. Efeitos da interação de potyvirus em híbridos de meloeiro, variedades de melancia e abobrinha. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 2, p. 199-203, 2003.

SILVA, N.; COSTA, C. P. Triagem de cultivares e híbridos de pepino (*Cucumis sativus* L.) para resistência a WMV-1 (Watermelon mosaic virus-1). **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v.4, n.1, p. 71-75, 1978.

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

SITTOLIN, I. M.; PAVAN, M. A.; SILVA, N. da. Herança da tolerância de melancia aos vírus do mosaico amarelo da abobrinha-de-moita e do mosaico da melancia-2. **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v. 26, n. 2, p. 210-214, 2000.

SVOBODA, J.; POLÁK, J. Preliminary evaluation of squash cultivars for resistance to a Czech isolate of zucchini yellow mosaic virus. In. LEBEDA, A.; PARIS, H. S. (Eds.): **Progress in Cucurbit Genetics and Breeding Research**. Proceedings of Cucurbitaceae 2004, the 8<sup>th</sup> EUCARPIA Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding. Olomouc, p. 231-235, 2004.

VANDER PLANK, J. E. **Plant disease: epidemics and control**. Lafayette, Indiana: Purdue University. 1969, 349p.

WAI, G.; GRUMET, R. Inheritance of resistance to the watermelon strain of papaya ringspot virus in Cucumber line TMG-1. **HortScience**, Alexandria, v. 30, n. 2, p.338-340, 1995.

WANG, Y. J.; PROVVIDENTI, R.; ROBINSON, R. W. Inheritance of resistance to Watermelon mosaic virus 1 in cucumber. **HortScience**, Alexandria, v. 19, n. 4, p. 588, 1984.



WEBB, R. E. Inheritance of resistance to watermelon mosaic virus 1 in *Cucumis melo* L. **HortScience**, Alexandria, v. 14, n. 3, 265-266, 1979.

XU, Y.; KANG, D.; SHI, Z.; SHEN, H.; WEHNER, T. Inheritance of resistance to zucchini yellow mosaic virus and watermelon mosaic virus in watermelon. **Journal of Heredity**, Washington, v. 95, n. 6, p. 498-502, 2004.

**Anexo A** - Expressão das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos (MATHER e JINKS, 1984; RAMALHO et al., 1993). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

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

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

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

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

$$\hat{\sigma}_A^2 = 2\hat{\sigma}_{F_1}^2 - [\hat{\sigma}_{RC_{11}}^2 + \hat{\sigma}_{RC_{21}}^2]$$

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

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

$$h_r^2 = \hat{\sigma}_A^2 / \hat{\sigma}_{F_1}^2$$

Onde:

- $\hat{\sigma}_{P_1}^2$  = Estimativa da variância entre plantas dentro de P<sub>1</sub> (L26);
- $\hat{\sigma}_{P_2}^2$  = Estimativa da variância entre plantas dentro de P<sub>2</sub> (Crimson Sweet);
- $\hat{\sigma}_{F_1}^2$  = Estimativa da variância entre plantas dentro da população F<sub>1</sub> (L26 x Crimson Sweet);
- $\hat{\sigma}_{F_2}^2$  = Estimativa da variância entre plantas dentro da população F<sub>2</sub> [(L26 x Crimson Sweet) x (L26 x Crimson Sweet)];
- $\hat{\sigma}_{RC_{11}}^2$  = Estimativa da variância entre plantas dentro da população RC<sub>11</sub> [(L26 x Crimson Sweet) x L26];
- $\hat{\sigma}_{RC_{21}}^2$  = Estimativa da variância entre plantas dentro da população RC<sub>21</sub> [(L26 x Crimson Sweet) x Crimson sweet];
- $h_a^2$  = Herdabilidade no sentido amplo;
- $h_r^2$  = Herdabilidade no sentido restrito.

**Anexo B** – Componentes de médias das populações  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_{11}$  e  $RC_{21}$  e estimativa do grau médio de dominância (GMD)(MATHER e JINKS, 1984; RAMALHO et al., 1993). UFERSA, Mossoró (RN), 2008.

$\bar{P}_1 = m - [a]$	$\bar{F}_2 = m + \frac{1}{2} [d]$
$\bar{P}_2 = m + [a]$	$\overline{RC}_{11} = m - \frac{1}{2} [a] + \frac{1}{2} [d]$
$\bar{F}_1 = m + [d]$	$\overline{RC}_{12} = m + \frac{1}{2} [a] + \frac{1}{2} [d]$
GMD = $d/a$	
$n = R^2 (1+0,5 K^2) / 8 \quad \hat{\sigma}_G^2$	

Onde:

$R$  = amplitude total da geração  $F_2$ ;

$\bar{P}_1$ ,  $\bar{P}_2$ ,  $\bar{F}_1$ ,  $\bar{F}_2$ ,  $\overline{RC}_{11}$  e  $\overline{RC}_{21}$  são as médias estimadas de  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_{11}$  e  $RC_{21}$  respectivamente;

$m$  = média dos genitores  $P_1$  e  $P_2$ ;

$[a]$  = efeito gênico aditivo;

$[d]$  = efeito gênico não-aditivo.

# Livros Grátis

( <http://www.livrosgratis.com.br> )

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)  
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)  
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)  
[Baixar livros de Matemática](#)  
[Baixar livros de Medicina](#)  
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)  
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)  
[Baixar livros de Meteorologia](#)  
[Baixar Monografias e TCC](#)  
[Baixar livros Multidisciplinar](#)  
[Baixar livros de Música](#)  
[Baixar livros de Psicologia](#)  
[Baixar livros de Química](#)  
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)  
[Baixar livros de Serviço Social](#)  
[Baixar livros de Sociologia](#)  
[Baixar livros de Teologia](#)  
[Baixar livros de Trabalho](#)  
[Baixar livros de Turismo](#)