

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA
CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA/FITOTECNIA**

ELAINE FACCO CELIN

**NOVAS FONTES DE RESISTÊNCIA À MOSCA-MINADORA *Liriomyza sativae*
(DIPTERA: AGROMYZIDAE) EM MELOEIRO**

FORTALEZA - CE

2016

ELAINE FACCO CELIN

**NOVAS FONTES DE RESISTÊNCIA À MOSCA-MINADORA *Liriomyza sativae*
(DIPTERA: AGROMYZIDAE) EM MELOEIRO**

Tese submetida à coordenação do Programa de Pós-Graduação Agronomia / Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do grau de Doutor “*Doctor Scientiae*” em Agronomia / Fitotecnia.
Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador: Prof. *D. Sc.* Fernando Antonio Souza de Aragão

**FORTALEZA
2016**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Biblioteca Universitária

Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

C387n Celin, Elaine Facco.
Novas fontes de resistência à mosca-minadora *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae) em meloeiro
/ Elaine Facco Celin. – 2016.
84 f. : il. color.

Tese (doutorado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Fitotecnia), Fortaleza, 2016.

Orientação: Prof. Dr. Fernando Antonio Souza de Aragão .

1. Recursos genéticos. 2. Cucumis melo. 3. Antibiose. 4. Antixenose. 5. Dominância completa. I. Título.
CDD 630

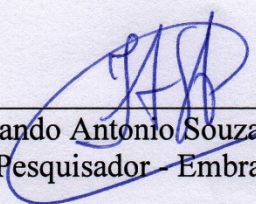
ELAINE FACCO CELIN

NOVAS FONTES DE RESISTÊNCIA À MOSCA-MINADORA *Liriomyza sativae*
(DIPTERA: AGROMYZIDAE) EM MELOEIRO

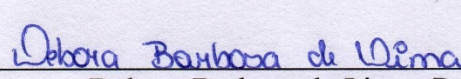
Tese submetida à coordenação do Programa de Pós-Graduação em Agronomia / Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do grau de Doutor "*Doctor Scientiae*" em Agronomia / Fitotecnia.

Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

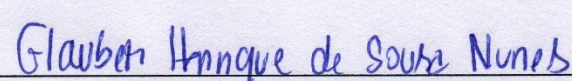
Aprovada em: 22 julho de 2016.



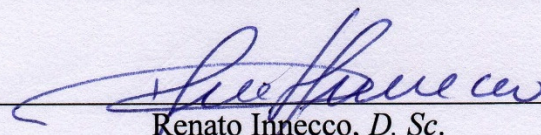
Fernando Antonio Souza de Aragão, *D. Sc.*
Orientador, Pesquisador - Embrapa Agroindústria Tropical



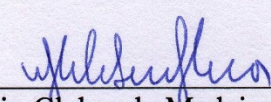
Debora Barbosa de Lima, *D. Sc.*
Pós-doutoranda - Universidade Federal Rural de Pernambuco



Glauber Henrique de Sousa Nunes, *D. Sc.*
Professor - Universidade Federal Rural do Semi-Árido



Renato Innecco, *D. Sc.*
Professor - Universidade Federal do Ceará



Márcio Cleber de Medeiros Corrêa, *D. Sc.*
Professor - Universidade Federal do Ceará

Aos meus pais, Eduardo Celin e Helena Facco Celin
Ao meu esposo, Patrik Luiz Pastori
Aos meus irmãos, Edimar, Ezequiel, Estevão e Estela
À minha sobrinha, Helena
Ofereço

AGRADECIMENTOS

À Deus, pelo dom da vida e presença constante em minha vida.

À Universidade Federal do Ceará, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, pela oportunidade de realização do curso de Doutorado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela bolsa de estudos concedida, por meio do convênio com o Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, UFC.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE –, pela infraestrutura onde foram realizados os experimentos.

Ao professor e orientador, Fernando Antonio Souza de Aragão, por ter aceitado me orientar mesmo já com um ano e meio de curso, proporcionando-me apoio e estímulo constante. Agradeço pela confiança, oportunidade e conhecimento compartilhado, contribuindo para o sucesso do meu doutoramento e; acima de tudo, pela amizade, que espero preserve-la.

Aos meus “queridos”, Nádylla Regis Xavier Oliveira e Francisco Davi da Silva (as damas primeiro), por terem sido grandes parceiros durante todas as fases deste trabalho, o que tornou possível a realização do mesmo e, principalmente pela amizade e companheirismo insubstituíveis.

À pesquisadora Nivia da Silva Dias-Pini, pelo incentivo em trabalhar com resistência de plantas a inseto, pela oportunidade e conhecimento compartilhado.

Aos professores Glauber Henrique de Sousa Nunes e Júlio César do Vale Silva, pelas valiosas contribuições nas análises estatísticas. Aos pesquisadores, Ana Cecília Ribeiro de Castro e Levi de Moura Barros, e aos amigos, Nádylla R. X. Oliveira, Francisco Davi da Silva e Frederico Inácio Costa de Oliveira, por todas as sugestões para a melhoria deste trabalho.

À Karla Diana da Silva Sombra e ao Laboratório de Entomologia Agrícola da UFRPE, pela identificação taxonômica das amostras de mosca-minadora e, pela parceria estabelecida.

Aos membros da banca examinadora, Fernando A. S. Aragão, Debora Barbosa Lima, Glauber H. S. Nunes, Macio Cleber de Medeiros Corrêa, Renato Innecco, pelas valiosas contribuições para o aperfeiçoamento deste trabalho.

À todos(as) os(as) professores do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia/Agronomia da UFC, em especial: Márcio Cleber M. Corrêa, Renato Innecco, Sebastião Martins Filho, pela constante preocupação e oportunidades e, à Fernando A. S. Aragão, Júlio Cesar V. Silva, Cândida Hermínia Campos Magalhães pelo conhecimento transmitido na área de Genética e Melhoramento de Plantas.

Aos inesquecíveis professores da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Fábio Murilo daMatta, José Eustáquio de Souza Carneiro, Luiz Antônio dos Santos Dias, Pedro Crescêncio Souza Carneiro, Paulo Roberto Cecon e Paulo Geraldo Berger, pela base do conhecimento em Agronomia, Experimentação e Genética e Melhoramento de Plantas, fundamentais para a realização deste trabalho.

Ao Laboratório de MRGV (F^{co}. Davi, Frederico Inácio, F^{ca}. Natália, Alline, Higor, Gerffeson, Ariane, Adriana e Nayanny) e de Entomologia (Nádylla, Roniele, Joniele, Lorena, Abelardo, Elaine, Josielma e Gabriela), por toda ajuda durante a condução dos experimentos e, pela amizade que foi construída ao longo desse período.

A minha família, base sólida em minha vida: meus amados pais, Eduardo e Helena, pelo exemplo, presença e amor incondicional; meu amado esposo, Patrik, pelo carinho, conselhos e paciência; aos meus queridos irmãos (Edimar, Ezequiel, Estevão e Estela), sobrinha (Helena), cunhados(as) (Adriano, Géssika, Rachel e Joice) e “segunda família” (“Seu” Luiz, “Dona” Orandi, Patrícia e Fred), pela força e carinho em todos os momentos. A todos os meus familiares, em especial ao meu tio José Marinato pelo exemplo de vida e constante preocupação comigo.

Aos(Às) amigos(as) da Agronomia UFV-2004, mas em especial a Andreza, Juliana, Michelle e Marcos, por sempre estarem por perto mesmo a quilômetros de distância e, pela certeza do ombro amigo. Aos colegas e amigos(as) do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia da UFC, pelos bons momentos de descontração em especial à Ingrid e Eveline pelas parcerias e amizade.

Enfim, a todos que, de certa forma, deram suporte na elaboração desse estudo, aqui fica o meu reconhecimento e a minha gratidão. Obrigada!

RESUMO GERAL

A mosca-minadora é o principal problema fitossanitário da cultura do meloeiro no Nordeste, região que concentra a produção e as exportações brasileiras. Dentre as estratégias de manejo integrado desse inseto-praga, a resistência genética deve ser destacada por ser economicamente viável e ambientalmente correta, proporcionando benefícios ao produtor e ao consumidor. Nesse contexto, o objetivo desse trabalho foi selecionar fontes de resistência à mosca-minadora em germoplasma de meloeiro e obter linhagens resistentes. Por meio de experimentos em laboratório e em campo, com e sem chance de escolha, 52 acessos de meloeiro foram avaliados, tendo híbridos comerciais como testemunhas. Foram identificadas quatro novas fontes de resistência: CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077, por apresentarem menor infestação pelo inseto (antixenose); e, CNPH 00-915(R) e BAGMEL 56(R), por ocasionarem mortalidade das larvas logo após o início da alimentação no mesófilo foliar (antibiose). Linhagens resistentes foram obtidas a partir das respectivas progênies de cada fonte de resistência com antibiose, por meio de sucessivas autofecundações, conduzidas pelo método de melhoramento genealógico. Para a fonte de resistência BAGMEL 56(R), com base no padrão de segregação das progênies e por meio de um cruzamento-teste, foi possível determinar a natureza genética da resistência; um gene com dominância completa condiciona a resistência. Desse modo, o símbolo *Ls* está sendo sugerido para representar esse novo gene. Além disso, por meio de um teste de não-preferência, com linhagens contrastantes para antibiose e híbrido suscetível Goldex, foi evidenciada a presença de antixenose, além da antibiose, nessa fonte de resistência. Provavelmente, esses diferentes tipos de resistência na fonte BAGMEL 56.0(R) estejam associados a distintos mecanismos de defesa. Embora tenha sido obtida uma linhagem resistente a partir da fonte CNPH 00-915(R), não foi possível determinar o controle genético dessa fonte de resistência, sendo necessária a realização de um estudo de herança por meio das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂. Portanto, quatro fontes de resistência foram selecionadas e duas linhagens resistentes à mosca-minadora foram obtidas, as quais deverão ser utilizadas na introgressão dessas resistências de forma isolada em linhagens avançadas e, ou, de forma piramidada em promissores híbridos de meloeiro.

Palavras-chave: *antibiose; antixenose; Cucumis melo; dominância completa; recursos genéticos.*

GENERAL ABSTRACT

The leafminer *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae) causes serious damage to the melon crop (*Cucumis melo* L.) in the Northeastern region of Brazil. This region concentrates most of the production of this horticultural species for exports. Genetic resistance is one strategies of the integrated management used against this insect pest because its highlighted to be economically viable and environmentally friendly, adding benefits to the grower and consumer. In this context, the objective of this work was to select sources of resistance to leafminer in melon germoplasm and get resistant lines. The experiments were conducted in laboratory and field with and without choice. Fifty-two melon accessions were evaluated using commercial hybrids as a tester. Four new sources of resistance were identified: 'CNPH 11-1072' e 'CNPH 11-1077', both with lower insect infestation (antixenosis); and 'CNPH 00-915(R)' e 'BAGMEL 56(R)', by complete mortality of the larvae after the initiation of feeding the mesophyll (antibiosis). Resistant lines were obtained from the respective progenies of each resistance source with antibiosis, by successive selfing, conducted by the pedigree breeding methods. In relation to the resistance for the source 'BAGMEL 56 (R)', it was possible to determine the genetic nature of resistance by standard the segregating progenies and through a test cross. It was determined that the resistance was controlled by a dominant gene. The symbol '*Ls*' was suggested to represent this new identified gene. Moreover, by means of non-preference test with contrasting lines for antibiosis and susceptible hybrid 'Goldex', it was shown the presence of antixenosis, in addition to antibiosis, this source of resistance. These types of resistance from 'BAGMEL 56(R)' may be associated with different defense mechanisms. It was obtained a resistant line from the 'CNPH 00-915(R)' source, but it was not possible to determine the genetic control of this source of resistance. It is necessary to perform a conventional inheritance study using generations P1, P2, F1, F2, RC1 and RC2. Therefore, four sources of resistance were selected and two lines resistant to the leafminer were obtained, which should be used in introgression of these resistances in isolation in advanced lines and, or pyramiding shaped promising hybrid of melon.

Keywords: antibiosis; antixenosis; *Cucumis melo*; complete dominance; genetic resources.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL	12
2	REVISÃO DE LITERATURA.....	14
2.1	A cultura do meloeiro	14
2.1.1	<i>Diversidade genética</i>	14
2.1.2	<i>Aspectos econômicos</i>	15
2.2	<i>Liriomyza spp.</i>	16
2.3	Meloeiro vs <i>Liriomyza spp.</i>	18
2.4	Resistência genética a inseto	19
2.4.1	<i>Mecanismos e tipos</i>	19
2.4.2	<i>Fontes de resistência</i>	21
	REFERÊNCIAS	23

	CAPÍTULO I - Novas fontes de resistência à mosca-minadora em germoplasma de meloeiro	28
--	--	----

	RESUMO	29
--	--------------	----

	ABSTRACT	30
--	----------------	----

1	INTRODUÇÃO.....	31
2	MATERIAL E MÉTODOS	32
2.1	Germoplasma	32
2.2	Avaliações	33
2.2.1	<i>Plantas jovens sob infestação controlada</i>	33
2.2.2	<i>Plantas adultas sob infestação natural</i>	34
2.2.3	<i>Plantas com antibiose</i>	34
2.3	Análises estatísticas	35
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	36
4	CONCLUSÕES	43
	REFERÊNCIAS	43

	CAPÍTULO II - Herança genética simples condiciona resistência à <i>Liriomyza sativae</i> em meloeiro	46
--	--	----

	RESUMO	47
--	--------------	----

	ABSTRACT	48
--	----------------	----

1	INTRODUÇÃO.....	49
2	MATERIAL E MÉTODOS	50
2.1	Germoplasma	50

2.2	Obtenção de linhagens	51
2.2.1	<i>População segregante</i>	51
2.2.2	<i>Avaliação sob infestação controlada</i>	51
2.2.3	<i>Avaliação em campo</i>	52
2.2.4	<i>Estratégia de seleção</i>	52
2.3	Herança genética da resistência	53
2.4	Teste de preferência	53
3	RESULTADOS	54
3.1	Obtenção de linhagens	54
3.2	Herança da resistência	56
3.3	Teste de preferência	57
4	DISCUSSÃO	59
5	CONCLUSÃO	62
	REFERÊNCIAS	63
	CAPÍTULO III - A915.34.01.08 – linhagem de meloeiro resistente à mosca-minadora	66
	RESUMO	67
	ABSTRACT	68
1	INTRODUÇÃO	69
2	MÉTODO DE MELHORAMENTO	70
2.1	Ensaio laboratoriais	70
2.2	Teste em campo	71
2.3	Estratégia de seleção	71
3	DESENVOLVIMENTO DA LINHAGEM RESISTENTE.....	72
4	CARACTERIZAÇÃO DA RESISTÊNCIA.....	73
5	CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA	73
6	MANUTENÇÃO E INCORPORAÇÃO DA RESISTÊNCIA.....	74
	REFERÊNCIAS	74
	CONCLUSÕES GERAIS	76
	CONSIDERAÇÕES FINAIS	77
	APÊNDICE	79

1 INTRODUÇÃO GERAL

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma hortaliça cultivada em mais de 100 países em regiões temperadas, subtropicais e tropicais. A produção global se aproxima de 30 milhões de toneladas, em mais um milhão de hectares (FAO, 2016). Os principais países produtores encontram-se na Ásia (>70%), seguida da Américas, África e Europa (FAO, 2016). O Brasil contribui com cerca de 2% da produção mundial, e apesar de modesta, tem sido, pelo menos, o quinto maior país exportador, na última década (FAO, 2016).

No Brasil, grande parte da produção está concentrada na região Nordeste, no Vale do São Francisco (Bahia e Pernambuco) e, principalmente, no polo Jaguaribe-Açu (localizado entre o Vale Jaguaribe/CE e Vale do Açu/RN). As condições edafoclimáticas favoráveis ao meloeiro, a possibilidade de até três safras por ano e a adoção de modernas tecnologias de produção tornam esse polo responsável por pelo menos 85% da produção e quase a totalidade das exportações brasileiras, na última década (IBGE, 2016). Além disso, os campos de produção são considerados área livre da mosca sul-americana das cucurbitáceas (*Anastrepha grandis*), o que viabiliza as exportações mesmo para os países que impõem restrições fitossanitárias (Door e Grote, 2012).

Apesar do sucesso da cultura, entraves de natureza fitossanitária limitam à produção e à qualidade dos frutos culminando no uso indiscriminado de defensivos agrícolas e, por conseguintes, maior custo de produção. Entre as pragas do meloeiro, a mosca-minadora *Liriomyza* spp. (Diptera: Agromyzidae) destaca-se como a praga-chave, embora fosse considerada uma praga secundária, até o fim do século passado (Guimarães et al, 2009a). Dentre as espécies de *Liriomyza* que são pragas, *L. sativae*, *L. huidobrensis* e *L. trifolii* destacam-se pela polifagia e distribuição cosmopolita (Kang et al, 2009), e foram relatadas na cultura do meloeiro no Brasil (Guimarães et al, 2009a).

No melão, as fêmeas adultas utilizam a face adaxial da folha para alimentação e oviposição, porém são as larvas que causam danos agronômicos. As galerias ou minas nas folhas, causada pela alimentação das larvas no mesofilo foliar, são o principal dano, afetando a produtividade e a qualidade dos frutos, pela significativa redução da capacidade fotossintética da planta (Araújo et al., 2007). Altas infestações provocam queda das folhas, expondo os frutos ao sol. O ataque em plantas jovens pode inviabilizar a produção.

O uso de cultivares suscetíveis, plantios consecutivos sem vazio sanitário e o ambiente favorável ao inseto, potencializam a mosca-minadora como praga-chave do meloeiro no polo agrícola Jaguaribe-Açu. Além disso, o uso indiscriminado de inseticidas com poucos princípios

ativos não seletivos aos inimigos naturais contribui para a ineficiência do controle biológico e para o desenvolvimento de populações resistentes aos inseticidas, e por conseguinte, beneficia o surto da praga (Guantai et al., 2015). Dessa maneira, visando minimizar os riscos e manter as populações da praga abaixo do nível de dano econômico, o Manejo Integrado de Pragas (MIP) tem sido praticado e incentivado.

Dentre as técnicas do MIP, a resistência genética de plantas se destaca por ser ecologicamente ideal, de fácil adoção, proporcionar benefícios ao produtor, consumidor e ambiente e ainda pode ser associada a outras técnicas de manejo (Basij et al., 2011). As plantas resistentes têm mecanismos genéticos de defesa contra os insetos, que inclui defesas químicas ou morfológicas. Dependendo de como a defesa direta da planta afeta o inseto, a resistência pode ser classificada como antixenose (ou não-preferência), na qual a planta altera o comportamento do inseto, ou como antibiose, caracterizada por efeitos negativos na biologia do inseto (Dogimont et al., 2010).

A resistência genética é relativa, sendo necessária a comparação entre genótipos, na mesma condição. Assim, o processo de identificação de fontes de resistência depende da planta, do inseto e da interação inseto-planta, no ambiente avaliado (Morais e Pinheiro, 2012). A especificidade também deve ser considerada na seleção de plantas resistentes, visto que a resistência depende da interação espécie-genótipo. Para identificação de fontes de resistência, são realizados ensaios com e sem chance de escolha, nos quais os insetos podem revelar a preferência pelos genótipos. Testes para avaliar antibiose são mais complexos, pois se deve comparar a biologia do inseto em cada genótipo avaliado.

A identificação de fontes de resistência no germoplasma é uma das primeiras ações para obtenção de cultivares resistentes. No entanto, pouquíssimas fontes promissoras foram identificadas à *Liriomyza* spp. em meloeiro e em apenas em três foi determinada a natureza genética da resistência (Dogimont & Boissot, 2016; Nunes et al., 2013). As dificuldades de avaliação da resistência genética de planta ao inseto podem estar associadas ao pouca disponibilidade de fontes de resistência (Nunes et al., 2013). E adicionalmente, haja vista o considerável volume de germoplasma conservados em bancos de germoplasma, poucos acessos foram caracterizados ou avaliados para o caráter resistência à *Liriomyza* spp.

Portanto, o objetivo desse trabalho foi selecionar fontes de resistência à mosca-minadora em germoplasma de meloeiro e obter linhagens resistentes.¹

¹ Essa Tese segue normas dos periódicos **Pesquisa Agropecuária Brasileira** (Capítulo I), **Anais da Academia Brasileira de Ciências** (Capítulo II) e **Crop Breeding and Applied Biotechnology** (Capítulo III), com adaptações do **Guia de Normalização de Trabalhos Acadêmicos** da Universidade Federal do Ceará (UFC).

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A cultura do meloeiro

2.1.1 *Diversidade genética*

O melão é membro da subtribo Cucumerinae, tribo Melotricae, família Cucurbitaceae, gênero *Cucumis* e espécie *Cucumis melo* L. ($2n=2x=24$). Junto com as espécies *Cucumis sativus* L. (pepino), *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum & Nakai (melancia) e *Cucurbita* spp. (abóboras e morangas) destacam-se como as cucurbitáceas mais importantes economicamente no mundo (Sabato et al., 2015).

O meloeiro compreende variedades silvestres, criolas e cultivadas, com a origem ainda não bem definida. A África tem sido tradicionalmente sugerida como centro de origem da espécie (Sabato et al., 2015). No entanto, dados taxonômicos e moleculares recentes suportam a origem asiática, mais especificamente na Índia (Renner et al., 2007; Sebastian et al., 2010). Outras hipóteses apontam que a domesticação da espécie tenha ocorrido de forma independente nos dois continentes (Mallick e Masui, 1986; Bates e Robinson, 1995). Todavia, os principais centros de diversidade estão localizados na bacia do Mar Mediterrâneo (desde o Sudeste europeu até a Turquia), na Ásia Central (Irã, Iraque e Uzbequistão), na Índia e na Ásia oriental em países como China, Japão e Coreia (Whitaker e Davis, 1962).

Esses centros são visados pelos programas de melhoramento devido à diversidade genética encontrada nesses locais. Entretanto, há uma considerável parcela de recursos genéticos de melão conservado *ex-situ*. Existem bancos ativos de germoplasma (BAG) de melão em diferentes países, com destaque para a Rússia (>2900 acessos), Estados Unidos (>2300 acessos), França (>1800 acessos) e China (>1200 acessos) (Aragão, 2011). No Brasil, algumas instituições dispõem de coleções ou bancos de germoplasma, como o BAG de melão da Embrapa Hortaliças (≈ 400 acessos) e o BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste Brasileiro (≈ 150 acessos) (Aragão, 2011).

O meloeiro é considerado altamente polimórfico, com diversidade morfológica em toda a planta, mas em especial nas características de fruto (Luan et al., 2010). Essa divergência possibilitou a divisão da espécie em duas subespécies, a *C. melo* ssp *melo*, com ovário piloso, e *C. melo* ssp *agrestis*, com ovário ceroso, as quais abrangem variedades ou grupos botânicos, que foram fundidos ou divididos por diferentes propostas de classificação (Naudin, 1859; Munger e Robinson, 1991; Pitrat et al., 2000). A mais recente foi proposta por Pitrat et al.

(2000), que dividiu a subespécie *melo* em onze variedades botânicas (*cantalupensis*, *reticulatus*, *adana*, *chandalak*, *ameri*, *inodorus*, *chate*, *flexuosus*, *dudaim*, *chito* e *tibish*) e a subsp. *agrestis* em cinco (*momordica*, *conomon*, *chinensis*, *makuwa* e *acidulus*). Posteriormente, Pitrat (2013) considerou a classificação da variedade *tibish* na subespécie *melo* um erro e a reclassificou com subespécie *agrestis*.

Os melões *cantalupensis*, *inodorus* e *reticulatus* são os únicos com o interesse comercial global (Pitrat, 2008). Os melões cultivados dessas variedades botânicas, agrupados em uma classificação comercial denominada “tipo”. No Brasil, os tipos mais comercializados são o Amarelo, Pele de Sapo, Honey Dew, Cantaloupe, Charentais e Gália. Os três primeiros tipos de melão pertencem à variedade botânica *inodorus* e se caracterizam por terem frutos sem aroma, boa resistência ao transporte e elevada vida pós-colheita (Crisóstomo e Aragão, 2013). Os demais tipos pertencem à variedade botânica *cantalupensis*, exceto o tipo Cantaloupe que pertence a *reticulatus* (Pitrat, 2008). Todavia, se distinguem por serem aromáticos, terem elevados valores de sólidos solúveis e baixa conservação pós-colheita (Crisóstomo e Aragão, 2013). Vale ressaltar que não há barreiras de cruzamento entre esses tipos de melão, o que possibilita ampliar a diversidade genética, ou seja, obter progênies transgressivas e com várias características intermediárias, possibilitando selecionar novos tipos de melão.

2.1.2 Aspectos econômicos

O meloeiro, apesar de ser uma hortaliça, é comercializado como fruta, sendo cultivada em mais de 100 países em regiões temperadas, subtropicais e tropicais (FAO, 2016). A importância socioeconômica da cultura envolve a comercialização de sementes híbridas e dos diferentes tipos de frutos, que são consumidos *in natura*, principalmente.

Em 2013, a produção global de melão foi de aproximada de 29,4 milhões de toneladas, ocupando uma área de 1,18 milhões de hectares (FAO, 2016). Os principais países produtores encontram-se na Ásia, responsáveis por 72,5% dessa produção (FAO, 2016). O Brasil contribuiu com cerca de 1,9% da produção mundial, e apesar de modesta, representa grande importância socioeconômica na região semiárida nordestina. Essa região concentra o agronegócio da cultura, implicando, direta ou indiretamente, com a geração de milhares de emprego, renda e importantes divisas.

O Nordeste, nas últimas duas décadas, foi responsável por aproximadamente 95% da produção nacional de melão, a qual alcançou 590 mil toneladas em 2014, ocupando 22 mil hectares (IBGE, 2016). Sobretudo, os Estados do Ceará e do Rio Grande do Norte destacam-se

como os principais produtores de melão, contribuindo com mais de 87% da produção regional (IBGE, 2016) e com quase a totalidade (99%) das exportações, gerando, nos últimos anos, divisas acima de 150 milhões de dólares por ano (ALICEWEB, 2016). A expressão da produção nesses estados posiciona o melão como a principal fruta fresca nacional exportada, alcançando uma produção de 197 mil toneladas em 2014, tendo como destino principal a comunidade europeia (ALICEWEB, 2016). Os grandes campos de produção estão localizados no Vale do São Francisco (Bahia e Pernambuco) e, principalmente, entre o Vale Jaguaribe/CE e Vale do Açu/RN, conhecido como polo Jaguaribe-Açu.

As razões para o destaque dos referidos estados são as condições edafoclimáticas favoráveis ao desenvolvimento do meloeiro, sendo possível o cultivo de até três safras/ano, e a adoção de modernas tecnologias de produção pelas empresas produtoras, com a participação de grandes, médios e pequenos produtores (Crisóstomo e Aragão, 2013). Além disso, os campos de produção na região Nordeste são considerados área livre da mosca sul-americana das cucurbitáceas (*Anastrepha grandis*), o que viabiliza as exportações para os países que impõem restrições fitossanitárias (Door e Grote, 2012).

Não obstante ao sucesso da cultura, alguns entraves de natureza fitossanitária limitam a produção e a qualidade dos frutos, o que culmina no uso indiscriminado de defensivos agrícolas e aumento dos custos de produção, tornando a cultura um risco econômico, principalmente para os pequenos agricultores. Entre as pragas do meloeiro, a mosca-minadora *Liriomyza* spp. (Diptera: Agromyzidae) destaca-se como a praga-chave da cultura (Araújo et al., 2007; Lima et al., 2009; Costa-Lima et al., 2010).

2.2 *Liriomyza* spp.

Liriomyza Mik é o segundo maior gênero da família Agromyzidae (após *Phytomyza* Lioy) com aproximadamente 390 espécies descritas, a maioria monófagas ou oligófagas, no entanto, a maior parte das espécies polífagas que pertencem a Agromyzidea são do gênero *Liriomyza* (Boucher e Nishida, 2014). Todavia, apenas 23 espécies de *Liriomyza* apresentam alguma expressão econômica e, portanto, são consideradas pragas (Parrella, 1987).

Dentre as espécies que são pragas, *L. sativae* Blanchard 1938, *L. huidobrensis* (Blanchard, 1926) e *L. trifolii* (Burgess, 1880) se destacam por ampla polifagia e distribuição cosmopolita (Kang et al., 2009). A *L. sativae* ocorre principalmente no Novo Mundo, enquanto a mosca-minadora americana *L. trifolii* ocorre no mundo todo. A *L. huidobrensis* é endêmica da América do Sul e Central, mas tem se espalhado pelo mundo, desde os anos 1990.

Atualmente, é encontrada de modo generalizado na Europa, na região do Mediterrâneo, Oriente Médio e Ásia (Dogimont e Boissot, 2016).

A identificação da espécie e da biologia do inseto é fundamental para auxiliar na adoção práticas de manejo da praga. A identificação morfológica das espécies do gênero *Liriomyza* é difícil, pois além da diversidade de espécies e tamanho pequeno (1 a 3 mm), as características externas entre as espécies são muito semelhantes (Boucher e Nishida, 2014). A associação da espécie com a planta hospedeira muitas vezes é uma importante ferramenta na identificação, especialmente para as espécies que apresentam hospedeiros específicos (Boucher e Nishida, 2014). Além disso, alguns trabalhos mais recentes estão abordando a identificação molecular, além do uso das características morfológicas do inseto (Kox et al.;2005; Scheffer et al., 2006; Costa-Lima et al., 2009; Ferreira, 2014).

Há mais de 30 anos, uma revisão sobre a biologia de algumas espécies de *Liriomyza* foi publicada (Parrella, 1987), tornando-se referência para estudos subsequentes relacionados à biologia do mosca-minadora em várias culturas (Boucher e Nishida, 2014; Araújo et al., 2013; Costa-Lima, 2010; Costa-Lima, 2009; Parrella et al., 1983). O ciclo biológico da *L. sativae*, avaliada em meloeiro, em condições de laboratório a 25°C, foi de $15,9 \pm 0,915$ dias (ovo a adulto), sendo: ovo ($2,7 \pm 0,01$ dias), larva ($4,1 \pm 0,03$ dias) e pupa ($9,1 \pm 0,03$ dias) (Araújo et al., 2013). Entretanto, o ciclo desse inseto pode variar muito em função da temperatura, variando de 12 até 41 dias, entre 32 °C e 15 °C, respectivamente (Costa-Lima et al., 2009). As fêmeas vivem mais tempo ($19,3 \pm 1,09$ dias) que os machos ($16,2 \pm 0,96$ dias) (Araújo et al., 2013).

A descrição da morfológica da *Liriomyza* spp. de ovo a adulto foi realizada por Guimarães et al. (2009a). Os ovos são brancos e ovais, com cerca de 0,28 mm de comprimento. As larvas são vermiformes com cerca de 0,5 mm de comprimento e creme, recém-emergidas, mas chegam a 3,0 mm e amarelas, no fim do desenvolvimento. A medida que se alimentam no mesófilo foliar, originam as galerias ou minas. Terminando o desenvolvimento, deixam o interior da folha para se transformarem em pupas, ocorrendo no solo, por vezes, na superfície da folha. As pupas são ovais, cerca de 2,0 mm de comprimento, e possuem coloração amarelada e adquirem tonalidade marrom próximo à emergência dos adultos. Quando chegam à fase adulta, possui coloração predominante preta com manchas amareladas e mede entre 1 a 3 mm de comprimento. O acasalamento ocorre nas primeiras 24 horas após a emergência dos adultos, no entanto, as fêmeas acasaladas apresentam um breve período de pré-oviposição.

A fêmea utiliza o aparelho ovipositor tubular tanto para oviposição no interior do tecido foliar (fase adaxial ou abaxial) quanto para ocasionar puncturas de alimentação. Essas puncturas

são arredondadas e têm em média 0,2 mm de diâmetro. Aparecem como manchas brancas na superfície superior da folha. O macho é incapaz de fazer puncturas, portanto, dependente das puncturas realizadas pela fêmea para alimentação. Uma fêmea pode depositar de 100 a 250 ovos, a maioria colocada durante os dez primeiros dias de vida (Guimarães et al., 2009a).

No Brasil, a mosca-minadora apresenta grande importância econômica para diversas culturas, como melão, cebola, alface, tomate, batata, melancia, pepino, feijão, feijão-caupi, gérbera, entre outras (Costa-Lima et al., 2015). No meloeiro, essa praga era considerada secundária, entretanto, na década passada (\approx em 2000), alcançou a condição de praga-chave (Guimarães et al., 2009a). Atualmente, se encontra em todos os campos de produção no Nordeste, afetando o desempenho da cultura.

2.3 Meloeiro vs *Liriomyza* spp.

Populações destrutivas de mosca-minadora são comumente relatadas nos cultivos de melão no mundo (Dogimont e Boissot, 2016). No Brasil, a *L. sativae*, *L. trifolii* e *L. huidobrensis* ocorrem naturalmente em quase todos os estados, atacando 14 famílias de plantas, incluindo ornamentais, leguminosas e olerícolas, com destaque para batata, tomate, alface, melancia e melão (Guimarães et al., 2009a). A *L. sativae* e *L. trifolii* estão associadas aos cultivos de melão localizados nas regiões mais quentes ($T \geq 31^\circ \text{C}$), como a região Semiárida, enquanto que em temperaturas mais amenas ($T \cong 21^\circ \text{C}$) a espécie dominante é *L. huidobrensis* (Guimarães et al., 2009a). Todavia, a identificação molecular de populações de mosca-minadora coletadas em meloeiro, nas regiões Nordeste e Sudeste, constataram apenas *L. sativae* (Ferreira, 2014; Costa-Lima et al., 2009).

No melão, as fêmeas adultas utilizam a face adaxial da folha para alimentação e oviposição, porém são as larvas que ocasionam os danos agrônômicos (Araújo et al., 2013). Ao emergir dos ovos, as larvas penetram no mesófilo foliar, onde formam as minas, devido à sua alimentação. A confecção de galerias nas folhas reduz significativamente a capacidade fotossintética da planta, com consequentes perdas no rendimento e qualidade dos frutos (Araújo et al., 2007). Altas infestações podem provocar queda prematura das folhas expondo os frutos ao sol, o que afeta a qualidade externa dos mesmos (Guimarães et al., 2009b). O ataque do inseto em plantas jovens pode inviabilizar a produção. Além disso, o custo do controle dessa praga torna a cultura menos rentável, uma vez que representa um acréscimo de 13% do custo total de produção (Brasil et al., 2012).

Na região Nordeste, alguns fatores colaboram para que a população de *L. sativae* seja

mantida durante o ano todo, nos campos de produção de melão: o uso de cultivares suscetíveis; plantios consecutivos sem vazio sanitário (Guimarães et al., 2009a); e, o ambiente favorável ao potencial biótico do inseto ($\approx 31^{\circ}\text{C}$, baixa precipitação), que permite a redução no ciclo de vida e maior multiplicação (Costa-Lima et al., 2010). Além disso, o uso indiscriminado de poucos princípios ativos não seletivos aos inimigos naturais beneficia o surto da praga, pois, além de reduzir a eficiência do controle biológico, contribui para o desenvolvimento de populações de mosca-minadora resistentes aos inseticidas (Guantai et al., 2015; Hernández et al., 2011; Liu et al., 2011).

O método de manejo mais utilizado para controlar a mosca-minadora ainda é o controle químico. No entanto, a utilização prioritária de inseticidas apresenta limitações e, ao longo do tempo, poderá se tornar insustentável. Além disso, outro fator negativo do uso intenso de inseticidas está relacionado aos resíduos químicos indesejáveis nos frutos e no ambiente, o que pode resultar na repulsão ao produto pelo mercado consumidor. Dessa maneira, visando minimizar os riscos e manter as populações da praga abaixo do nível de dano econômico, de forma sustentável e economicamente viável, o Manejo Integrado de Pragas (MIP) tem sido praticado e incentivado.

Uma das técnicas que podem ser utilizadas no MIP é a resistência genética de plantas, a qual é considerada ecologicamente ideal, de fácil adoção pelo produtor e ainda pode ser associada a outras técnicas de manejo, proporcionando benefícios ao produtor, consumidor e ambiente (Basij et al., 2011).

2.4 Resistência genética a inseto

2.4.1 Mecanismos e tipos

Naturalmente, as plantas desenvolveram mecanismos genéticos de defesa contra os insetos, que inclui defesas químicas, com metabolitos não voláteis (toxinas, redutores de digestibilidade e impedimentos) ou voláteis (aleloquímicos) e defesas estruturais, com tricomas, espinhos ou ceras (Kessler e Baldwin, 2002). Ambos os mecanismos de defesa podem ser constitutivos, expressos mesmo na ausência do inseto, ou induzidos, sendo expressos ou em maior quantidade sob condições de estresse, os quais podem ser resultantes do ataque de herbívoros ou agentes fitopatógenos, ou ainda sob estresse ambiental (Kang et al., 2009). Além disso, as defesas podem ser diretas, afetando diretamente o inseto-praga (Chen, 2008; Kessler e Baldwin, 2002), ou indiretas, na qual atraem os inimigos naturais da praga (relação tritrófica)

(Wei e Kang, 2006; Wei et al., 2007).

Dependendo de como a defesa direta da planta afeta o inseto, a resistência pode ser classificada em dois tipos: i) antixenose (ou não-preferência), na qual a planta altera o comportamento do inseto, por apresentar, por exemplo, repelência ou deterrência alimentar, resultando na escolha de um hospedeiro alternativo; ii) antibiose, caracterizada pelo efeito negativo na biologia do inseto, como no desenvolvimento, fecundidade, entre outras (Dogimont et al., 2010), podendo ser de subletal a letal (Morais e Pinheiro, 2012). Adicionalmente, a planta pode ser considerada tolerante quando apresenta habilidade de suportar ou recuperar-se do dano causado pelo inseto, possuindo menor redução do seu potencial produtivo (Morais e Pinheiro, 2012). Diferente da antibiose e da antixenose, que resultam da associação de características da planta e do inseto, a tolerância envolve apenas características relacionadas à planta (Morais e Pinheiro, 2012).

Em todos os casos, a resistência é relativa, portanto, sendo necessária a comparação entre genótipos na mesma condição. Assim, são consideradas variáveis relacionadas ao ambiente (temperatura, umidade, entre outras), ao inseto (idade, sexo, entre outras) e a planta (idade, tamanho, entre outras) (Morais e Pinheiro, 2012). Nesse contexto, o processo de identificação de fontes de resistência ao inseto depende de informações da planta, do inseto e da interação inseto-planta, no ambiente avaliado.

A especificidade da resistência também deve ser considerada na seleção de plantas resistentes a inseto, visto que um genótipo pode ser resistente à determinada espécie da praga e suscetível a outra, ou até mesmo para biótipo dentro da mesma espécie. Por exemplo, a linhagem de meloeiro Nantais Oblong apresenta um gene dominante *Lt* que confere resistência por antibiose à *L. trifolii*, no entanto, a resistência não se aplica à *L. huidobrensis* (Dogimont, 2011). Outro exemplo em melão é o alelo do gene *Vat* que confere resistência a apenas um biótipo de *Aphis gossypii* (Hemiptera: Aphididae), enquanto outro alelo confere resistência a dois biótipos geneticamente distintos (Dogimont et al., 2008). Portanto, quando novas fontes com resistência são identificadas é fundamental caracterizá-las para as diferentes espécies da praga a qual é hospedeira, possibilitando o uso adequado da referida fonte.

Normalmente, para identificação de fontes de resistência, são realizados ensaios com e sem chance de escolha dos genótipos pelo inseto. Nos testes com escolha, os genótipos são expostos aos insetos em um mesmo espaço físico, onde os insetos podem revelar a preferência (substâncias atraentes e estimulantes) ou não-preferência (substâncias repelentes ou deterrentes) aos genótipos. Ensaios dessa natureza podem ser realizados em laboratório ou em campo, desde que todos os genótipos estejam submetidos às mesmas condições. Em testes sem

escolha é possível verificar se a resistência de um determinado genótipo é mantida caso seja o único genótipo disponível ao inseto-praga. Para os testes em laboratório é necessário estabelecer uma criação do inseto, o que normalmente é muito dispendioso. Por outro lado, para realizar o teste em campo é necessária a ocorrência do inseto na área, o que pode ser um fator limitante a sua realização.

Testes para avaliar antibiose são mais complexos, pois se deve comparar a biologia do inseto em cada genótipo avaliado, observando características como período de desenvolvimento, proporção sexual, fecundidade, mortalidade do inseto, entre outras. Portanto, as dificuldades de avaliação da resistência genética de planta ao inseto podem estar associadas ao baixo número de fontes de resistência à *Liriomyza* spp. em meloeiro (Nunes et al., 2013).

2.4.2 Fontes de resistência

A diversidade genética, também conservada em bancos de germoplasma, possibilita que fontes contendo alelos favoráveis sejam identificadas e selecionadas, por meio de caracterizações e avaliações, visando à utilização em programas de melhoramento. Apesar do germoplasma de *C. melo* ser considerado o mais polimórfico dentro das cucurbitáceas e distribuído em várias partes do mundo (Burger et al., 2010), poucas fontes de resistência à *Liriomyza* spp. foram relatadas.

Os acessos PI 282448 (África) e PI 313970 (Índia) foram descritos com boa resistência à *L. sativae*, entre 50 acessos de meloeiro avaliado (Kennedy et al., 1978). A linhagem Nantais Oblong (França) destacou-se entre 110 acessos caracterizados por apresentar resistência por antibiose à *L. trifolli* (Dogimont et al., 1995). Mais de 100 acessos de melão foram avaliados em condições de campo no Sudão, onde *L. sativae* é a espécie mais comum, e o acesso HDS 2445 foi considerada resistente por apresentar menor taxa de infestação (Gesmallah e Yousif, 2015). No Brasil, dois híbridos experimentais de melão tipo amarelo [(PR 13-3-2-1-1 x 9278-2-1- 2-1-1-1-1) e (G 1-1 x PR 62-1-4-1-1-1)] pertencentes ao programa de melhoramento genético da Embrapa Hortaliças, destacaram-se pelo baixo nível de ataque de *L. huidobrensis* (Guimarães et al., 2009b). Em outro estudo, entre 22 genótipos de meloeiro provenientes de pequenas propriedades do Nordeste brasileiro, apenas um genótipo, o AC-22, foi promissor como fonte de resistência por antixenose à mosca-minadora (Nunes et al., 2013).

Dessas fontes, apenas em três são relatadas a natureza genética da resistência. Os acessos PI 282448 (África) e PI 313970 (Índia) exibiram menor número de minas e a maior mortalidade larval à *L. sativae*, com aparente resistência recessiva e dominância incompleta,

respectivamente (Kennedy et al., 1978). A resistência na linhagem Nantais Oblong (França), por antibiose às larvas da *L. trifolii*, é condicionada por um gene com dominância completa, no qual foi denominado *Lt* (Dogimont et al., 1999; Dogimont 2011).

Na última lista de genes para melão (*2011 Gene List for Melon*), descrito por Dogimont (2011), além do gene *Lt*, são relatados outros genes de resistência para diferentes espécies de insetos. Um alelo dominante chamado *Vat* (*Virus aphid transmission*) e QTLs menores condiciona resistência para o pulgão (*Aphis gossypii*) (Boissot et al., 2010); para a mosca-da-fruta-de-melão *Bactrocera cucurbitae* (Diptera: Tephritidae) são relatados dois genes recessivos complementares (*DC-1* e *DC-2*) (Sambandam e Chelliah, 1972). No geral, a herança das resistências de plantas a insetos varia monogênica a poligênica (Dogimont et al., 2010; Morais e Pinheiro, 2012).

No caso da resistência do meloeiro ao pulgão, controlado pelo gene *Vat*, os programas de melhoramento já estão estruturados. Desde a década de 1990, o alelo de resistência *Vat* tem sido amplamente utilizado, e incorporado em mais de 30 cultivares, representando mais de 40% da área dos 15 mil hectares de cultivo de melão na França (Dogimont et al., 2010). Normalmente, a resistência monogênica é reputada por ser rapidamente suplantada (Borém e Miranda, 2013). Apesar disso, mesmo depois de 20 anos de ampla utilização de cultivares de meloeiro com resistência ao pulgão, controlada pelo gene *Vat*, no sudeste da França, nenhuma quebra da resistência foi descrita (Thomas et al., 2012ab).

Vale ressaltar que a resistência genética a insetos deve ser usada em conjunto com outros métodos de controle, como o controle biológico e cultural (HansPetersen et al., 2010; Simmons et al., 2010), além do uso correto do controle químico seletivo. A combinação de métodos de controle tem efeitos adicionais ao método de resistência de planta, pois diminui a possibilidade de quebra da resistência pelo inseto, impedindo a rápida evolução das populações da praga.

Nesse contexto, a resistência genética aparece como uma estratégia promissora para controlar insetos em melão, bem como em outras culturas agrícolas. As fontes de resistência estão disponíveis no germoplasma de meloeiro, embora ainda haja muito a se fazer para implantá-las em linhagens-elites e, por conseguinte, em híbridos comerciais. Para tanto, avanços na identificação de fontes de resistência, a compreensão da herança e dos mecanismos de defesa, assim como a identificação de marcadores moleculares ou QTL associados à resistência, devem ser abordados nos programas de melhoramento visando resistência a insetos. Sempre na perspectiva de obtenção de cultivares resistentes a inseto, em largo espectro e com boas características agronômicas, possibilitando um sistema de produção sustentável, produtivo e competitivo.

REFERÊNCIAS

- ALICEWEB/MDIC - **Sistema de Análise das Informações de Comércio Exterior/Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio Exterior**. Disponível em <<http://aliceweb.mdic.gov.br/>>. Acesso em: mar. 2016.
- ARAGÃO, F. A. S. **Divergência genética de acessos e interação genótipo x ambiente de famílias de meloeiro**. 2011. 107p. Tese (Doutorado em Fitotecnia), Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN, 2011.
- ARAÚJO, E. L.; FERNANDES, D. R. R.; GEREMIAS, L. D.; MENEZES NETTO, A. C.; FILGUEIRA, M. A. Mosca-minadora associada à cultura do meloeiro no semiárido do Rio Grande do Norte. **Revista Caatinga**, 20, 210-212, 2007.
- ARAÚJO, E. L.; NOGUEIRA, C. H. F.; MENEZES NETTO, A. C.; BEZERRA, C. E. S. Biological aspects of the leafminer *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae) on melon (*Cucumis melo* L.). **Ciência Rural**, 43, 579-582, 2013.
- BASIJ, M.; ASKARIANZAEH, A.; ASGARI, S.; MOHARRAMIPOU, S.; RAFEZI, R. Evaluation of resistance of cucumber cultivars to the vegetable leafminer (*Liriomyza sativae* Blanchard) (diptera: Agromyzidae) in greenhouse. **Chilean journal of agricultural research**, 71, 395-400, 2011.
- BATES, D. M.; ROBINSON, R. W. Cucumbers, melons and water-melons. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N.W. (Eds.), **Evolution of Crop Plants**, 2nd ed. Longman Scientific, Harlow, pp. 89–96, 1995.
- BRASIL, A. M. S.; OLIVEIRA, K. C.; ARAÚJO NETO, P. L.; NASCIMENTO, I. A.; MORAES JÚNIOR, V. F. Representatividade do custo de controle da mosca minadora na produção de melão: um estudo de caso na empresa Santa Júlia Agro Comercial Exportadora de Frutas Tropicais Ltda. **Custos e @gronegócios on line**, 8, 2012.
- BOISSOT, N.; THOMAS, S.; SAUVION, N.; MARCHAL, C.; PAVIS, C.; DOGIMONT, C. Mapping and validation of QTLs for resistance to aphids and whiteflies in melon. **Theoretical and Applied Genetics**, 121, 9-20, 2010.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. 2013. **Melhoramento de plantas**, 6 ed., Viçosa: UFV, p. 523.
- BOUCHER, S.; NISHIDA, K. Description and biology of two new species of Neotropical *Liriomyza* Mik (Diptera, Agromyzidae), mining leaves of *Bocconia* (Papaveraceae). **ZooKeys**, 369, 79, 2014.
- BURGER, Y.; PARIS, H. S.; COHEN, R.; KATZIR, N.; TADMOR, Y.; E. LEWINSOHN, E.; SCHAFFER, A. A. Genetic diversity of *Cucumis melo*. **Horticulture Review**, 36, 165–198, 2010.
- CHEN, M-S. Inducible direct plant defense against insect herbivores: A review. **Insect Science**, 15, 101-114, 2008.

COSTA-LIMA, T. C.; GEREMIAS, L. D.; PARRA, J. R. P. Efeito da temperatura e umidade relativa do ar no desenvolvimento de *Liriomyza sativae* Blanchard (Diptera: Agromyzidae) em *Vigna unguiculata*. **Neotropical Entomology**, 38(6), 727-733, 2009.

COSTA-LIMA, T. C.; GEREMIAS, L. D.; PARRA, J. R. P. Reproductive activity and survivorship of *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae) at different temperatures and relative humidity levels. **Environmental Entomology**, 39, 195-201, 2010.

COSTA-LIMA, T. C.; SILVA, C. A.; PARRA, J. R. P. **Moscas-minadoras do gênero *Liriomyza* (Diptera: Agromyzidae): aspectos taxonômicos e biologia**. Petrolina, PE: Embrapa Semiárido, 2015. 37p.

CRISÓSTOMO, J. R.; ARAGÃO, F. A. S. 2013. Melhoramento genético do meloeiro. In: VIDAL NETO F.C., CAVALCANTI J.J.V. **Melhoramento genético de plantas no Nordeste**. Brasília, DF: Embrapa, p. 209-246.

DOGIMONT, C. 2011 Gene List for Melon. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, 33, 1915-133, 2011.

DOGIMONT, C.; BENDAHMANE, A.; CHOVELON, V.; BOISSOT, N. La résistance des plantes cultivées aux pucerons: bases génétiques et moléculaires et interaction avec les populations de pucerons. **Comptes Rendus Biologies**, 333, 566-573, 2010.

DOGIMONT, C.; BOISSOT, N. 2016. Insect resistance in melon and its modification by molecular breeding. In *Functional Genomics and Biotechnology in Solanaceae and Cucurbitaceae Crops*. Heidelberg: **Springer**, p. 199-219.

DOGIMONT, C.; BORDAT, D.; PAGES, C.; BOISSOT, N.; PITRAT, M. One dominant gene conferring the resistance to the leafminer, *Liriomyza trifolii* (Burgess) Diptera: Agromyzidae in melon (*Cucumis melo* L.). **Euphytica**, 105, 63-67, 1999.

DOGIMONT, C.; BORDAT, D.; PITRAT, M.; PAGES, C. Characterization of resistance to *Liriomyza trifolii* (Burgess) in melon (*Cucumis melo*). **Fruits**, Paris, 50, 449-452, 1995.

DOGIMONT, C.; CHOVELON, V.; TUAL, S.; BOISSOT, N.; RITTENER, V.; GIOVINAZZO, N.; BENDAHMANE, A. Molecular diversity at the *Vat/Pm-W* resistance locus in melon, Cucurbitaceae 2008: **Proceedings of the IXth Eucarpia Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae**, 219-227, 2008.

DOOR, A. C.; GROTE, U. Marketing chain analysis: a case study of the melon sector in Rio Grande do Norte State in Brazil. **Organizações Rurais & Agroindustriais**, 13, 2012.

FAO – Food and Agriculture Organization. **Base de Dados Agrícolas de FAOSTAT**. Disponível em <http://faostat3.fao.org/>. Acesso em: mar. 2016.

FERREIRA, E. C. B. **Estrutura genética de populações naturais de *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae)**. 2014. 32 f. Dissertação (Mestrado em Entomologia Agrícola) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

GESMALLAH, A. E. E.; YOUSIF, M. T. Resistance in melons (*Cucumis melo* L.) to leafminers (*Liriomyza* spp.; Diptera:Agromyzidae). **Gezira J Agric Sci**, 125–130, 2015.

GUANTAI, K. M. M.; OGOL, C. P. K. O.; SALIFU, D.; KASINA, J. M.; AKUTSE, K. S.; FIABOE, K. K. M. Differential effects of pesticide applications on *Liriomyza huidobrensis* (Diptera: Agromyzidae) and its parasitoids on pea in Central. **Journal of Economic Entomology**, 108, 662-671, 2015.

GUIMARÃES, J. A.; OLIVEIRA, V. R.; MICHEREFF FILHO, M.; LIZ, R. S. **Avaliação da resistência de híbridos de melão tipo amarelo à mosca-minadora *Liriomyza* spp.** Brasília: Embrapa Hortaliças, 2009b. 16p.

GUIMARÃES, J. A.; MICHEREFF FILHO, M.; OLIVEIRA V. R.; LIZ, R. S.; ARAÚJO E. L. **Biologia e Manejo de Mosca Minadora no Meloeiro.** Brasília, DF: Embrapa Hortaliças, 2009a. 9p.

HANSPETERSEN, H. N.; MCSORLEY, R.; LIBURD, O. E. The impact of intercropping squash with non-crop vegetation borders on the above-ground arthropod community. **Fla Entomol**, 93 (4):590–608, 2010.

HERNÁNDEZ, R.; HARRIS, M.; LIU, T-X. Impact of insecticides on parasitoids of the leafminer, *Liriomyza trifolii*, in pepper in south Texas. **Journal of Insect Science**, 11, 2011.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Banco de dados Agregados.** Disponível em <http://www.sidra.ibge.gov.br/>. Acesso em: mar. 2016.

KANG, L.; CHEN, B.; WEI, J-N.; LIU, T-X. Roles of thermal adaptation and chemical ecology in *Liriomyza* distribution and control. **Annual Review of Entomology**, 54, 127-45, 2009.

KENNEDY, G. G.; BOHN, G.W.; STONER, A. K.; WEBB, R. E. Leaf resistance in muskmelon. **American Society for Horticultural Science**, Alexandria, 103, 571-574. 1978.

KESSLER, A.; BALDWIN, I. T. Plant responses to insect herbivory: the emerging molecular analysis. **Annual Review of Plant Biology**, 53, 299-328, 2002.

KOX, L. F. F.; BELD, H. E. van den; LINDHOUT, B. I.; GOFFAU, L. J. W. de. Identification of economically important *Liriomyza* species by PCR-RFLP analysis. **Bulletin OEPP/EPPO**, 35 (1), 79-85, 2005.

LIMA, T. C. C.; GEREMIAS, L. D.; PARRA, J. R. P. Efeito da temperatura e umidade relativa do ar no desenvolvimento de *Liriomyza sativae* Blanchard (Diptera: Agromyzidae) em *Vigna unguiculata*. **Neotropical Entomology**, 38, 727-733, 2009.

LIU, T.; KANG, L.; LEI, Z.; HERNANDEZ, R. 2011. Hymenopteran parasitoids and their role in biological control of vegetable *Liriomyza* leafminers. In Recent Advances in Entomological Research. Heidelberg: **Springer**, p. 376-403.

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

MALLICK, M. F. R.; MASUI, M. Origin, distribution and taxonomy of melons. **Sci. Hortic.**, 28, 251–261, 1986.

MORAIS, A. A.; PINHEIRO, J. B. 2012. Melhoramento para resistência aos insetos-praga. In: FRITSCHÉ-NETO, R.; BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de planta para condições de estresses bióticos**. Visconde do Rio Branco: Suprema, MG, p.153-186.

MUNGER, H. M.; ROBINSON, R. W. Nomenclature of *Cucumis melo* L. **Cucurbit Genet. Cooperative**, 14, 43–44, 1991.

NAUDIN, C. Essais d'une Monographie des Espèces et des Variétés du Genre Cucumis. **Ann. Sci. Nat.** 11, 5–87, 1859

NUNES, G. H. S.; MEDEIROS, A. C.; ARAÚJO, E. L.; NOGUEIRA, C. H. F.; SOMBRA, K. D. S. Resistência de acessos de meloeiro à mosca-minadora *Liriomyza* spp. (Diptera: Agromyzidae). **Revista Brasileira de Fruticultura**, 35, 746-754, 2013.

PARRELLA, M. P. Biology of *Liriomyza*. **Annual Review of Entomology**, Palo Alto, v. 32, p. 201-224, 1987.

PARRELLA, M. P.; ROBB, K. L.; BETHKE, J. Influence of selected host plants on the biology of *Liriomyza trifolii* (Diptera: Agromyzidae). **Annals of the Entomological Society of America**, 76:1, 112-115, 1983.

PITRAT, M. Phenotypic diversity in wild and cultivated melons (*Cucumis melo*). **Plant Biotechnology**. 30, 273–278, 2013.

PITRAT, M. 2008. Melon (*Cucumis melo* L.). In: Prohens J, Nuez F (eds) Handbook of crop breeding vol I: vegetables. **Springer**, New York, 283–315.

PITRAT, M. 2008. Melon. In: NUEZ, F.; PROHENS, J. Vegetables I: asteraceae, brassicaceae, chenopodiaceae, and cucurbitaceae (Handbook of Plant Breeding). **Springer**, New York, p.1-33.

PITRAT, M.; HANELT, P.; HAMMER, K. 2000. Some comments on infraspecific classification of cultivar of melon. In: Katzir N., Paris H.S., (eds.) Proceeding of Cucurbitaceae 2000, Máaleh Hahamisha, Israel, 19–23 March 2000. **Acta Horticulturae**, 510, 29–36.

RENNER, S. S.; SCHAEFER, H.; KOCYAN, A. Phylogenetics of *Cucumis* (Cucurbitaceae): cucumber (*C. sativus*) belongs in an Asian/Australian clade far from melon (*C. melo*). **Evol. Biol.**, 7, 58, 2007.

SABATO, D.; ESTERAS, C.; GRILLO, O.; PICÓ, B.; BACCHETTA, G. (2015). Seeds morpho-colourimetric analysis as complementary method to molecular characterization of melon diversity. **Scientia Horticulturae**, 192, 441-452.

SAMBANDAM, C. N.; CHELLIAH, S. *Cucumis callosus* (Rottl.) Logn., a valuable material for resistance breeding in muskmelons. In **3rd International Symposium Sub-tropical Horticulture**, 63-68, 1972.

- SCHEFFER, S. J.; LEWIS, M. L.; JOSHI, R. C. DNA barcoding applied to invasive leafminers (Diptera: Agromyzidae) in the Philippines. **Annals of Entomological Society of America**, College Park, 99:2, 2915-210, 2006.
- SEBASTIAN, P.; SCHAEFER, H.; TELFORD, I. R. H.; RENNER, S. S. Cucumber (*Cucumis sativus*) and melon (*C. melo*) have numerous wild relatives in Asia and Australia, and the sister species from melon is from Australia. **Proc. Natl. Acad. Sci.** 107, 14269–14273, 2010.
- SIMMONS, A. M.; KOUSIK, C. S.; LEVI, A. Combining reflective mulch and host plant resistance for sweetpotato whitefly (Hemiptera: Aleyrodidae) management in watermelon. **Crop Prot.**, 29 (8):898–902, 2010.
- THOMAS, S.; BOISSOT, N.; VANLERBERGHE-MASUTTI, F. What do spring migrants reveal about sex and host selection in the melon aphid? **BMC Evolutionary Biology**, 12, 47, 2012a.
- THOMAS, S.; DOGIMONT, C.; BOISSOT, N. Association between *Aphis gossypii* genotype and phenotype on melon accessions. **Arthropod Plant Interact.** 6, 93-101, 2012b.
- WEI, J. N.; KANG, L. Electrophysiological and behavioral response of a parasitoid to plant volatiles induced by two leafminer species. **Chem. Senses**, 31, 467–77, 2006.
- WEI, J. N.; WANG, L.; ZHU J.; ZHANG, S.; NANDI, O. I.; KANG, L. Plants attract parasitic wasps to defend themselves against insect pests by releasing hexenol. **PLOS one**, 2, 852, 2007.
- WHITAKER, T. W.; DAVIS, G. N. **Cucurbits: botany, cultivation, and utilization**. London: [s.n], 1962. 249 p.

CAPÍTULO I

Novas fontes de resistência à mosca-minadora em germoplasma de meloeiro²

² Esse Capítulo segue normas da Revista Científica **Pesquisa Agropecuária Brasileira** - 2016.

RESUMO

A mosca-minadora é o principal problema fitossanitário da cultura do meloeiro no Nordeste, região que concentra a produção e as exportações brasileiras. Dentre as estratégias de manejo integrado, a resistência genética é a melhor alternativa para evitar os danos causados por esse inseto-praga. Nesse contexto, o objetivo desse trabalho foi selecionar fontes de resistência à mosca-minadora em germoplasma de meloeiro. Para tanto, sete experimentos foram conduzidos em laboratório, campo e casa-de-vegetação, com e sem chance de escolha, utilizando 52 acessos de meloeiro e quatro híbridos comerciais como testemunhas. A variabilidade genética entre os acessos possibilitou a seleção de quatro novas fontes de resistência: CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077, por apresentarem menor infestação pelo inseto (antixenose); e, CNPH 00-915(R) e BAGMEL 56(R), por ocasionarem mortalidade das larvas logo após o início da alimentação no mesófilo foliar (antibiose).

Palavras-chave: antibiose; antixenose; *Cucumis melo*; *Liriomyza*.

ABSTRACT

The main problem in the cultivation of melon (*Cucumis melo* L.) in the Northeastern region of Brazil is the leafminer *Liriomyza sativae* (Diptera-Agromyzidae). The best alternative to prevent damage caused by this insect pest is the genetic resistance. This study aims at the selection of sources of resistance to the leafminer in melon germoplasm. The approach used in the present research involved seven trials conducted in laboratory, field and greenhouse, with and without choice, using 52 muskmelon accessions and four commercial hybrids used as a controls. The genetic variability among accessions enabled the selection of four new sources of resistance: 'CNPH 11-1072' and 'CNPH 11-1077', due to their lower insect infestation (antixenosis); and 'CNPH 00-915(R)' and 'BAGMEL 56(R)', by complete mortality of the larvae after the initiation of feeding the mesophyll (antibiosis).

Keywords: antibiosis; antixenosis; *Cucumis melo*; *Liriomyza*.

1 INTRODUÇÃO

O meloeiro (*Cucumis melo* L., $2n = 2x = 24$) é uma das cucurbitáceas mundialmente mais cultivadas (Sabato et al., 2015). A importância socioeconômica da cultura envolve a comercialização de sementes híbridas e dos frutos, consumidos principalmente *in natura*. No Brasil, o cultivo concentra-se na região Nordeste, sobretudo no polo agrícola Jaguaribe-Açu, por motivos de melhor adaptação climática e fisiológica. Nessa região é possível colher até três safras por ano, e o período de maior produção engloba uma janela internacional de exportação, de julho a janeiro. Esses fatos possibilitam o melão ser a principal fruta fresca brasileira em volume de exportações (ANUÁRIO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 2016), em que a comunidade europeia o destino principal (ALICEWEB, 2016).

Não obstante o sucesso da cultura, entraves de natureza fitossanitária limitam o potencial produtivo do melão, o que culmina no uso indiscriminado de defensivos agrícolas e na elevação dos custos de produção, aumentando o risco econômico dessa cultura, principalmente para os pequenos agricultores. Entre as pragas do meloeiro, a mosca-minadora *Liriomyza* spp. (Diptera: Agromyzidae) tem se destacado como o problema central. A formação de galerias nas folhas, causada pelas larvas que se alimentam do mesófilo foliar, é o principal dano causado por essa praga na planta, e tem como consequência a redução do rendimento e qualidade dos frutos (Araújo et al., 2007).

Nos últimos anos, o interesse em diminuir os custos com o controle desse inseto, as perdas causadas na produção e a crescente preocupação com resíduos químicos nos alimentos e no ambiente, têm incentivado a adoção do Manejo Integrado de Pragas (MIP) (Basij et al., 2011). A resistência genética de plantas é uma técnica de controle relevante dentro do MIP. Essa estratégia é considerada ecologicamente ideal, de fácil adoção pelo produtor e pode ser associada a outras técnicas de manejo. Por esses motivos, atualmente, os principais objetivos dos programas de melhoramento tem sido introduzir no mercado cultivares resistentes a diferentes tipos de estresses, sejam bióticos ou abióticos (Borém & Fritsche-Neto, 2012).

Embora existam cultivares de meloeiro que apresentam algum nível de tolerância à mosca-minadora, ainda não existem cultivares resistentes a esse inseto. Vale ressaltar que a tolerância envolve apenas características relacionadas à planta, enquanto que resistência resulta da associação de características da planta e do inseto (Morais & Pinheiro, 2012). Em geral, a resistência pode ser classificada em dois tipos: i) antixenose (ou não-preferência), na qual a planta altera o comportamento do inseto, resultando na seleção de um hospedeiro alternativo e; ii) antibiose, em que a planta causa efeito negativo na biologia do inseto (desenvolvimento e

fecundidade, por exemplo) (Dogimont et al., 2010), e pode ser de subletal a letal (Morais & Pinheiro, 2012). Em ambos os casos, a resistência é relativa, sendo necessária a comparação entre genótipos, numa mesma condição experimental.

A identificação de fontes de resistência no germoplasma disponível é uma das primeiras ações para obtenção de cultivares resistentes. Considerável volume de germoplasma está conservado em BAGs, com destaque para a Rússia (>2900 acessos), Estados Unidos (>2300 acessos), França (>1800 acessos), China (>1200 acessos) e, no Brasil, no BAG de melão da Embrapa Hortaliças (≈400 acessos) e o BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste Brasileiro (≈150 acessos) (Aragão, 2011). A diversidade genética no germoplasma possibilita que fontes contendo alelos favoráveis sejam identificadas e selecionadas, por meio de caracterizações e avaliações. Contudo, poucos acessos foram caracterizados ou avaliados para o caráter resistência à *Liriomyza* spp., e pouquíssimas fontes promissoras foram identificadas (Dogimont & Boissot, 2016; Nunes et al., 2013).

Diante do exposto, o presente trabalho teve como objetivo identificar promissoras fontes de resistência à mosca-minadora em germoplasma de meloeiro.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Com o intuito de identificar novas fontes de resistência à mosca-minadora em meloeiro, foram realizados sete experimentos: três em laboratório (LAB1, LAB2 e LAB3), um em casa-de-vegetação (CV) e três em condições de campo (C13, C14 e C15). O ensaio sem chance de escolha (LAB1) foi delineado inteiramente ao acaso, com seis repetições. Todavia, os ensaios LAB2, LAB3 e CV (com chance de escolha) foram delineados em blocos ao acaso, com três, seis e quatro repetições, respectivamente. Nesses ensaios, cada planta constituiu uma parcela. Em campo, os experimentos foram delineados em blocos casualizados com duas repetições. Cada parcela foi constituída por seis, oito e dez plantas nos anos de 2013 (C13), 2014 (C14) e 2015 (C15), respectivamente.

2.1 Germoplasma

Foram avaliados 46 acessos de meloeiro provenientes do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Melão da Embrapa Hortaliças (Brasília-DF), dois acessos oriundos do Banco de Germoplasma de Cucurbitáceas para o Nordeste Brasileiro, da Embrapa Semiárido (Petrolina-PE) e quatro híbridos comerciais (BRS-Araguaia, Iracema, Goldex e Olympic), como padrão de

suscetibilidade. Os estudos foram divididos em experimentos com plantas jovens sob infestação controlada (gaiola) e com plantas adultas sob infestação natural (campo). Em ambos ambientes, amostras de mosca-minadora foram coletadas e enviadas para identificação taxonômica, realizada por avaliações morfológica e molecular, no Laboratório de Entomologia Agrícola da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), em Recife, PE.

2.2 Avaliações

2.2.1 *Plantas jovens sob infestação controlada*

Os ensaios foram conduzidos em casa de vegetação e no Laboratório de Melhoramento e Recursos Genéticos Vegetais (LMRGV) da Embrapa Agroindústria Tropical (latitude de 3° 44' S, longitude de 38° 33' W e altitude 19,5 metros), em Fortaleza, CE. Três ensaios foram realizados em laboratório, um sem escolha (julho/2013; LAB1) e dois com escolha [(julho/2014 (LAB2) e outubro/2014 (LAB3)], e um em casa de vegetação, com escolha (julho/2014; CV). Nos testes com escolha, os tratamentos foram alocados em uma mesma gaiola, de modo que os insetos tinham a opção de escolha entre os genótipos. No teste sem escolha, as plantas de cada genótipo foram distribuídas em gaiolas individualizadas.

Para obtenção das plantas, os genótipos foram semeados em bandejas de polietileno (200 células) preenchidas com substrato composto de pó de fibra de coco. No décimo dia após a semeadura, as plântulas foram transferidas para vasos de polietileno de 0,3 litros de substrato composto de areia e húmus de minhoca na proporção de 5:1. As plantas permaneceram em casa de vegetação da semeadura até a infestação ou avaliação, sendo fertirrigadas de acordo com as exigências nutricionais.

A infestação foi realizada quando as plantas apresentaram, em geral, seis folhas verdadeiras completamente expandidas (26 dias após o plantio). Para isso, foram transportadas para o laboratório e distribuídas em gaiolas, nas quais foram liberadas oito moscas por planta, com idade de até 48 horas. Os insetos utilizados no ensaio foram obtidos de criação mantida em laboratório, provenientes de coletas realizadas em área de produção de melão, no polo agrícola Jaguaribe-Açu, e multiplicados em feijão de porco *Canavalia ensiformis* L. (Fabaceae), para evitar o condicionamento pré-imaginal.

Após 24 horas de infestação, as plantas foram retiradas do contato com o inseto adulto, e colocadas em casa de vegetação, até a avaliação. Quatro dias após a infestação, o número de minas por folha de cada planta (NMF_{pj}) foi quantificado.

2.2.2 Plantas adultas sob infestação natural

Três ensaios foram realizados no Campo Experimental de Pacajus-CE (latitude 4° 10' S, longitude 38° 27' W e altitude 60 m), pertencente a Embrapa Agroindústria Tropical, implementados em três anos consecutivos: 12/2013, 10/2014 e 11/2015. Para isso, as plântulas, obtidas conforme descrito no item anterior, foram transplantadas em campo com dez dias após a semeadura, espaçadas de 2,0 m entre linhas e 0,4 m entre plantas. Adotou-se o sistema de irrigação por gotejamento e a adubação foi realizada diariamente via fertirrigação. Nenhum inseticida foi usado para o controle de pragas.

Na fase final do ciclo da cultura, poucos dias antes da colheita (\approx 50 dias após o transplante), foi avaliada a intensidade do ataque da mosca-minadora nos tratamentos pela atribuição de notas subjetivas e pela contagem de número de minas nas folhas. Para atribuição da nota subjetiva por planta foi utilizada uma escala de 1 a 5, em que: 1 = planta sem minas nas folhas; 2 = 1 a 25% de folhas atacadas; 3 = 26 a 50% de folhas atacadas; 4 = 51 a 75% de folhas atacadas; 5 = 76 a 100% de folhas atacadas. Para avaliar o número de minas das folhas foi coletada a décima folha dos três primeiros ramos secundários (Braga Sobrinho et al., 2003), de quatro plantas/parcela e realizada a contagem de minas/folha. Assim, a partir dos dados médios das parcelas foram estimadas a nota subjetiva (NSpa) e o número de minas das folhas (NMFpa), em planta adulta.

2.2.3 Plantas com antibiose

Plantas de meloeiro resistentes à mosca-minadora, supostamente por antibiose, foram selecionadas e o tipo de resistência avaliado por meio da progênie. Como a seleção acontece antes do florescimento, essas plantas foram autofecundadas para obtenção de suas respectivas progênies. Assim, as progênies foram conduzidas do semeio à infestação conforme descrito no item 2.2.1. Quatro dias após a infestação, o número de minas (NM) por folha de cada planta foi quantificado. Em condição de laboratório, folhas com larvas apresentando desenvolvimento normal foram mantidas em copos plásticos para coleta e determinação do número de pupas (NP) e, posteriormente, o número de adultos (NA). O híbrido Goldex foi utilizado como testemunha comercial.

A partir dos dados coletados, foi estimada a viabilidade larval por planta ($VL = 100NP/NM$), as quais foram agrupadas em cinco classes: 1- resistente (0% de VL); 2- moderadamente resistente (1-25% de VL); 3- intermediário (26-50% de VL); 4-

moderadamente suscetível (51-75% de VL); e, 5- suscetível (76-100% de VL). A viabilidade das pupas ($VP = 100NA/NP$) também foi obtida. Para cada população, a partir dos dados obtidos foi apresentada uma estatística descritiva.

2.3 Análises estatísticas

A análise dos dados das variáveis (NMFpj, NMfpa e NSpa) foi realizada pela média das parcelas utilizando Modelos Mistos. A predição dos valores genéticos foi obtida pelo método do Melhor Preditor Linear Não Viesado (BLUP) e, as estimativas dos componentes de variância por meio do procedimento da Máxima Verossimilhança Restrita (REML).

Dois blocos de experimentos, ambos com chance de escolha, foram analisados de forma conjunta. O primeiro reuniu os experimentos em campo (C13, C14 e C15), onde foram avaliados os caracteres NMfpa e NSpa, enquanto o segundo reuniu os experimentos sob infestação controlada (LAB2, LAB3 e CV), sendo avaliado o caractere NMFpj. Os dados foram analisados matricialmente, considerando os seguintes modelos estatísticos (Resende, 2007):

i) $y = Xr + Zg + Wi + e$, em que, y é o vetor das médias fenotípicas dos dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios), e X , Z e W são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos r , g e i ao vetor y (análise conjunta dos ensaios);

ii) $y = Xu + Zg + e$, em que, y é o vetor das médias fenotípicas dos dados, u é o escalar referente à média geral (efeito fixo), g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios), e X e Z são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos r e g ao vetor y (ensaios em DIC);

iii) $y = Xr + Zg + e$, em que, y é o vetor das médias fenotípicas dos dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios), e X e Z são matrizes de incidência que relacionam, respectivamente, os efeitos r e g ao vetor y (ensaios em DBC).

Para avaliar o efeito de genótipos e da interação foram realizadas as análises de deviance (ANADEVs), cujo teste para comparação é o da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* – LRT). Assim, para as variáveis com efeitos significativos, se procedeu o *ranking* com base nos valores genotípicos. Os genótipos com menores valores e que mantiveram estabilidade de desempenho, para a não-preferência da mosca-minadora, nas diferentes avaliações foram

selecionados como superiores.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A identificação taxonômica de todas as amostras de mosca-minadora evidenciou apenas a espécie *Liriomyza sativae* Blanchard 1938 (Diptera: Agromyzidae). Portanto, essa é a principal espécie das áreas produtoras de melão no polo Jaguaribe-Açu, o que corrobora estudos já realizados (Costa-Lima et al., 2009; Araújo et al., 2013; Ferreira, 2014).

O caractere NSpa não apresentou interação genótipo x ambiente (G x A), indicando comportamento não diferencial dos genótipos nos experimentos (Tabela 1). Além disso, foi observado efeito significativo de genótipos e alta correlação genética (75%) entre os ambientes, permitindo proceder a seleção com base no desempenho médio dos acessos, considerando os três anos. Desse modo, destacam-se os acessos CNPH 00-919, CNPH 01-925, CNPH 01-963, CNPH 06-19157, CNPH 11-233, CNPH 11-282, CNPH 11-1072, CNPH 11-1077, CNPH 82-0915, CNPH 93-691, CNPH 94-001, CNPH 94-002 e CNPH 94-244 (Tabela 2).

Por outro lado, para os caracteres NMFpa e NMFpj houve efeito significativo da interação G x A e efeito não significativo de genótipos (Tabela 1), indicando comportamento diferencial dos acessos nos experimentos. Após realizar o desdobramento dos acessos em cada ambiente, observou-se a presença de efeito significativo de genótipos (Tabela 1). Esse efeito significativo foi diluído quando analisado conjuntamente, sugerindo uma interação complexa, que foi corroborada pela baixa correlação genética (NMFpj = 14%; NMFpa = 24%) entre os ambientes (Tabela 1). Nesse caso, procedeu-se a seleção dos acessos superiores que não apresentaram variação de desempenho entre os ambientes. Assim sendo, apenas o acesso CNPH 11-1072 foi selecionado para a variável NMFpj, e os acessos CNPH 11-1072, CNPH 11-1077 e CNPH 94-244 para a variável NMFpa (Tabela 2).

Para a característica NMFpj, também avaliada no experimento sem escolha (LAB1), houve efeito significativo entre os tratamentos (Tabela 1), permitindo a seleção dos seguintes genótipos: BRS ARAGUAIA, CNPH 01-925, CNPH 01-963, CNPH 03-972, CNPH 11-196, CNPH 11-282, CNPH 11-1067, CNPH 11-1072, CNPH 11-1077, CNPH 82-009, CNPH 93-690, CNPH 93-691, CNPH 94-254 e CNPH 98-248 (Tabela 2).

Tabela 1. Deviances, componentes de variância, parâmetros genéticos estimados e média para os caracteres número de minas por folha (NMFpa) e nota subjetiva (NSpa), avaliados em plantas adultas, em campo nos anos de 2013 (C13), 2014 (C14) e 2015 (C15), e para o caractere número de minas por folha (NMFpj) avaliado em planta jovem, em infestação controlada com escolha, no laboratório (LAB2 e LAB3) e casa de vegetação (CV), e sem escolha, no laboratório (LAB1), em genótipos de meloeiro.

ANÁLISE CONJUNTA									
Efeito / Parâmetros	NMFpa			NSpa			NMFpj		
	Deviance	LRT (χ^2)	Variância	Deviance	LRT (χ^2)	Variância	Deviance	LRT (χ^2)	Variância
Completo	373,05			-278,27			2432,31		
Genótipo (G)	374,46 ⁺	(1,41) ^{ns}	0,192	-249,92 ⁺	(28,35) ^{**}	0,053	2433,50 ⁺	(1,19) ^{ns}	0,889
G x A	380,76 ⁺	(7,71) ^{**}	0,328	-274,90 ⁺	(3,37) ^{ns}	0,017	2487,20 ⁺	(54,89) ^{**}	5,318
Resíduo			0,949			0,086			12,609
Fenotípico			1,381			0,156			18,817
c^2 (G x A)	0,237			0,112			0,283		
h^2_{mg}	0,275			0,722			0,239		
Ac_g	0,525			0,850			0,489		
r_{gloc}	0,241			0,752			0,143		
Média	1,943			2,44			6,735		
ANÁLISE INDIVIDUAL									
Efeito / Parâmetros	NMFpa			NMFpj					
	C13	C14	C15	LAB1	LAB2	LAB3	CV		
Completo	-180,14	214,09	79,69	1337,76	647,05	1062,91	701,94		
Genótipo (G)	-174,62 ⁺	220,34 ⁺	83,33 ⁺	1464,33 ⁺	651,14 ⁺	1115,25 ⁺	737,34 ⁺		
LRT (χ^2)	(5,52 [*])	(6,25 [*])	(3,64 [*])	(126,57 ^{**})	(4,09 [*])	(52,34 ^{**})	(35,40 ^{**})		
h^2_{mg}	0,34	0,51	0,43	0,88	0,38	0,76	0,74		
V_{FEN}	0,05	2,95	0,81	56,44	2,01	15,69	19,06		
V_{GEN}	0,01	1,00	0,22	31,50	4,09	5,35	7,84		
V_E	0,92	1,95	0,59	24,94	19,91	10,34	11,22		
Ac_g	0,58	0,71	0,65	0,94	0,62	0,87	0,86		
CV_g	35,88	27,64	24,64	55,32	28,99	30,77	52,21		
CV_e	71,05	38,56	40,49	49,22	63,96	42,78	62,44		
CV_r	0,50	0,72	0,61	1,23	0,45	0,72	0,84		
Média	0,28	3,62	1,89	10,15	6,98	7,52	5,36		

⁺Deviance do modelo ajustado sem o referido efeito; Teste de razão de verossimilhança (LRT), testado por meio do Qui-quadrado com 1 grau de liberdade. ** significativo a 1% de probabilidade, * a 5% de probabilidade e ^{ns} não-significativo; c^2 (G x A): efeito da interação G x A sobre a variância fenotípica; h^2_{mg} : herdabilidade média; Ac_g : Acurácia seletiva; r_{gloc} : correlação genética entre todos os ambientes; V_{FEN} : variância fenotípica; V_{GEN} : variância genotípica; V_E : variância residual; CV_g : coeficiente de variação genético; CV_e : coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativa ($CV_r = CV_g/CV_e$).

Tabela 2. Valores genotípicos (u+g) para os caracteres número de minas por folha (NMFpa) e nota subjetiva (NSpa) avaliados em plantas adultas e nos ensaios com escolha, em campo (C13, C14 e C15), e para o caractere número de minas por folha (NMFpj) avaliada em planta jovem nos ensaios com escolha, no laboratório (LAB2 e LAB3) e casa de vegetação (CV), e sem escolha, no laboratório (LAB1), preditos em genótipos de meloeiro.

Genótipo ¹	NMFpa			NSpa	NMPpj			
	C13	C14	C15	Média	LAB1	LAB2	LAB3	CV
CNPH 00-900	0,22 ²	3,56	1,57	2,33	8,21	9,61	7,33	-
CNPH 00-902	0,26	3,01	1,57	2,53	11,35	9,34	6,80	7,01
CNPH 00-915	0,23	2,88	1,25	2,41	12,00	7,02	5,40	6,78
CNPH 00-919	0,21	3,05	1,94	2,31	7,31	7,81	8,56	5,95
CNPH 01-925	0,27	3,05	1,50	2,32	6,55	6,61	7,25	3,37
CNPH 01-930	0,28	3,03	1,76	2,63	10,93	8,05	10,83	4,32
CNPH 01-933	-	3,20	2,12	2,41	12,71	8,15	8,08	8,05
CNPH 01-960	-	3,56	1,73	2,63	6,83	8,02	-	9,01
CNPH 01-963	-	3,85	1,83	2,21	2,82	7,91	9,06	8,55
CNPH 03-966	0,20	3,69	1,92	2,44	7,81	10,18	6,37	5,72
CNPH 03-972	0,40	3,10	2,01	2,52	4,30	7,92	4,17	5,56
CNPH 915-980	0,14	3,20	1,67	2,42	6,93	7,85	9,57	5,88
CNPH 06-1046	0,21	2,82	2,06	2,39	7,38	8,05	8,51	6,27
CNPH 06-1047	0,17	3,71	1,52	2,15	19,34	7,27	6,58	8,96
CNPH 10-1055	0,42	3,52	2,08	2,71	10,90	6,16	6,38	6,04
CNPH 11-196	0,24	2,99	2,30	2,55	3,69	8,40	5,07	7,81
CNPH 11-233	0,27	3,43	1,96	2,18	8,88	5,92	8,47	3,35
CNPH 11-247	0,45	4,57	1,83	2,36	20,07	7,78	4,06	4,45
CNPH 11-282	0,18	3,31	1,62	2,26	3,50	7,10	7,26	7,86
CNPH 11-537	0,46	3,56	-	2,41	20,56	8,26	8,49	-
CNPH 11-1059	0,32	3,58	1,89	2,36	12,45	5,18	3,99	-
CNPH 11-1061	0,35	3,01	2,22	2,7	14,73	6,81	8,30	3,58
CNPH 11-1063	0,38	2,69	2,01	2,74	9,45	6,86	7,69	7,33
CNPH 11-1065	0,48	3,16	2,58	2,6	17,61	6,54	5,90	13,22
CNPH 11-1066	0,30	3,66	2,67	2,74	11,70	7,32	7,69	8,02
CNPH 11-1067	0,25	4,22	2,26	2,53	5,13	5,54	15,21	5,24
CNPH 11-1068	0,35	4,70	1,99	2,78	18,49	5,19	5,53	6,96
CNPH 11-1069	0,33	4,36	1,78	2,44	14,52	8,27	5,67	8,14
CNPH 11-1070	0,30	3,52	2,14	2,83	17,92	6,40	7,66	4,55
CNPH 11-1072	0,16	2,19	1,43	1,82	5,22	4,73	4,24	2,17
CNPH 11-1074	0,38	3,47	2,37	2,57	9,50	6,65	6,81	3,16
CNPH 11-1076	0,45	4,99	1,87	2,59	13,93	9,15	9,05	3,63
CNPH 11-1077	0,17	2,95	1,54	2,20	5,38	5,99	-	-
CNPH 82-004	0,22	4,09	-	2,28	17,78	7,88	8,26	-
CNPH 82-006	0,29	3,39	2,13	2,42	11,67	6,27	9,49	5,47
CNPH 82-009	0,38	4,34	1,85	2,51	3,78	5,78	10,66	3,12
CNPH 86-277	0,17	3,96	1,78	2,35	12,13	5,80	6,62	2,38
CNPH 89-574	0,45	4,64	2,03	2,67	13,62	5,57	7,55	3,74
CNPH 93-690	0,27	3,35	1,89	2,49	5,64	6,38	5,98	3,92
CNPH 93-691	0,21	4,36	1,53	2,25	4,03	6,46	5,83	3,00
CNPH 93-693	0,25	3,52	1,64	2,5	13,88	4,89	8,55	2,63
CNPH 94-001	0,27	3,37	1,85	2,13	8,16	6,07	5,27	4,89
CNPH 94-002	0,18	3,28	1,97	2,31	8,49	6,13	8,09	2,45
CNPH 94-244	0,21	3,14	1,39	2,11	11,69	4,72	7,36	1,72
CNPH 94-254	0,18	3,16	2,23	2,38	4,76	7,15	7,45	2,98
CNPH 98-248	0,24	3,24	1,78	2,51	2,39	5,56	8,72	2,17
BAGMEL 45	0,24	3,41	-	2,33	11,71	7,54	7,62	2,52
BAGMEL 56	0,34	3,60	1,53	2,46	8,92	6,42	8,55	6,64
'BRS Araguaia'	0,20	4,13	2,23	2,57	4,43	7,13	8,80	8,16
'Olimpic'	-	4,45	2,13	2,51	-	7,45	7,40	5,37
'Iracema'	-	6,24	1,76	2,49	-	6,62	6,83	5,49
'Goldex'	0,38	5,06	2,21	2,53	22,61	6,99	10,78	4,50

^{1/} CNPH – provenientes do BAG Embrapa Hortaliças; BAGMEL – provenientes do BAG Embrapa Semiárido. ^{2/} Os valores em negrito correspondem aos melhores acessos, por avaliação.

O experimento sem chance de escolha possibilita informações complementares aos experimentos com chance de escolha, uma vez que um acesso com desempenho superior entre vários infestados, conjuntamente, pode ser severamente atacado quando for a única opção de hospedeiro para o inseto. Dentre os selecionados, o acesso CNPH 11-1072 manteve comportamento resistente semelhante, nos dois tipos de experimentos. Por outro lado, o acesso CNPH 94-244, embora tenha sido considerado superior na maioria dos ensaios com escolha, foi classificado como susceptível no experimento sem chance de escolha, ficando entre os genótipos mais atacados.

Portanto, considerando as variáveis analisadas, os acessos CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077 foram selecionados como fontes de resistência do tipo antixenose, uma vez que ambos permaneceram entre os genótipos menos atacados em todos os experimentos a que foram submetidos. No entanto, outros acessos também merecem atenção, tais como: CNPH 01-925, CNPH 11-282, CNPH 93-691, CNPH 94-002 e CNPH 94-244; pois apresentaram bom desempenho na maioria dos ensaios e devem ser incluídos nos próximos ensaios (Tabela 2).

Os híbridos comerciais ficaram entre os acessos com menores valores genotípicos para o caractere NMFpa, e entre os intermediários para os caracteres NMFpj e NSpa, exceto o 'BRS Araguaia' para NMFpa (C13) e NMFpj (LAB 1). Vale ressaltar que, dentre as testemunhas, o 'BRS Araguaia' é o único que teve as linhagens genitoras e o próprio desempenho *per se* avaliados no polo Jaguaribe-Açu. Todavia, a maioria dos acessos apresentou desempenho contraditório. Isso se deve, possivelmente, às condições distintas inerentes a cada ambiente, bem como ao tipo de característica avaliada (Nunes et al., 2013).

Resultado semelhante foi observado na avaliação de 22 acessos de meloeiro quanto à reação à *Liriomyza* spp., pois também não houve concordância no desempenho dos acessos em casa de vegetação e em campo (por dois anos), com exceção do acesso AC-22 (Nunes et al., 2013). Outros trabalhos também relatam a seleção de poucos acessos resistentes à mosca-minadora em avaliação de germoplasma de meloeiro. Por exemplo, entre 50 acessos, apenas os acessos PI 282448 e PI 313970 foram descritos apresentando boa resistência à *L. sativae* (Kennedy et al., 1978). A linhagem Nantais Oblong destacou-se entre 110 acessos por apresentar resistência à *L. trifolli* (Dogimont et al., 1995). Em condições de campo no Sudão, onde a *L. sativae* é a espécie mais comum, apenas o acesso HDS 2445 foi considerado resistente por apresentar menor taxa de infestação, entre 100 acessos avaliados (Gesmallah & Yousif, 2015).

No processo seletivo é fundamental averiguar a precisão dos experimentos realizados. Essa precisão na seleção pode ser atestada por meio de parâmetros genéticos, como a de

herdabilidade e acurácia (Albuquerque et al., 2015). O caractere NMFpj, nos experimentos com infestação controlada, apresentou as maiores magnitude de herdabilidade (74 a 88%), exceto no ensaio LAB2 (38%). Considerando os três anos, as avaliações em campo revelaram uma variação de 34 a 51% na herdabilidade da variável NMFpa e de 72% para NSpa (Tabela 1). Em geral, para esses caracteres, uma fração considerável da variância fenotípica foi devida às causas genéticas, evidenciando o controle genético na expressão dos caracteres e possibilitando o sucesso na seleção de genótipos superiores.

No presente estudo, as variáveis avaliadas apresentaram acurácia com magnitude variando de moderada a elevada (Tabelas 1), de acordo com Resende e Duarte (2007). Maiores magnitudes de acurácia condicionam alta confiabilidade para os valores genotípicos preditos, contribuindo para o processo de seleção dos melhores acessos (Albuquerque et al., 2015). A acurácia seletiva vem sendo utilizada para inferir acerca da precisão, uma vez que envolve informações do coeficiente de variação relativo (CVr) e do número de repetições (Resende & Duarte, 2007). Portanto, os valores obtidos pelos parâmetros supracitados garantem a superioridade dos genótipos selecionados, CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077.

Fontes de resistência do tipo antibiose

Nos ensaios LAB2 e C14, duas plantas foram selecionadas, uma planta no acesso CNPH 00-915 e outra no acesso BAGMEL 56, respectivamente. Essas plantas foram denominadas CNPH 00-915(R) e BAGMEL 56(R), por apresentarem possível resistência do tipo antibiose à *L. sativae*. Esses genótipos ocasionam a morte das larvas logo após o início da alimentação no mesofilo foliar e, por conseguinte, apresentavam minas menores que um centímetro de comprimento nas folhas.

Em ambos os casos, apenas uma planta destacou-se entre as demais repetições do acesso. Isso sugere que esses acessos sejam constituídos de mais de um genótipo. Esse fato pode decorrer da própria coleta do acesso, visto que a maioria dos acessos é proveniente de cultivos em campo, com ampla variabilidade genética nas populações, favorecida pelo sistema reprodutivo misto do meloeiro. A presença de mais de um genótipo no acesso pode ocorrer também por meio de mistura de sementes, cruzamentos naturais ou mutação (Borém & Miranda, 2013).

Adicionalmente, a resistência por antibiose observada nas plantas selecionadas ser devido a mecanismos de defesa genéticos pode ser questionada, visto que erroneamente plantas podem ser caracterizadas como resistente por apresentar uma pseudo-resistência, como por escape, indução, assincronia fenotípica ou outros fatores não hereditários (Gallo et al., 2002).

Entretanto, essa dúvida foi descartada com a avaliação da primeira geração de autofecundação, as progênies CNPH 00-915(S₁) e BAGMEL 56(S₁), em que foram avaliadas sob infestação controlada em 10/2014 e 02/2015, respectivamente (Tabela 3).

Tabela 3. Distribuição das progênies de meloeiro CNPH 00-915(S₁), BAGMEL 56(S₁) e ‘Goldex’ (testemunha) nas classes de VL e, VL e VP de cada população.

Progênies	Viabilidade Larval (%)*					VL	VP	Nº de Plantas
	0%	1-25%	26-50%	51-75%	76-100%	Média	Média	
CNPH 00-915 (S ₁)	19	4	3	3	9	38,80	80,28	38
BAGMEL 56 (S ₁)	31	0	1	4	4	26,02	81,88	40
‘Goldex’	0	0	0	4	11	84,59	75,08	15

*VL = viabilidade larval/planta; VP = viabilidade pupal/planta.

Houve segregação nas duas populações de autofecundação: CNPH 00-915(S₁) e BAGMEL-56(S₁). As plantas agrupadas na primeira classe apresentaram desempenho semelhante às plantas genitoras, ou seja, apresentaram antibiose letal (0% de VL) às larvas da *L. sativae*, o que comprova a natureza hereditária da resistência. Portanto, a resistência do tipo antibiose nas duas progenitoras foi mantida pelas progênies e é devido a mecanismos de defesa genéticos.

A antibiose letal em larvas de *Liriomyza* spp. em meloeiro já foi anteriormente relatada em outros três genótipos. Os acessos PI 282448 (África) e PI 313970 (Índia), selecionados por exibirem menor número de minas e a maior mortalidade larval à *L. sativae*, apresentam aparente resistência recessiva e dominância incompleta, respectivamente (Kennedy et al., 1978). Na linhagem Nantais Oblong (França) o mesmo fenótipo foi observado quanto à *L. trifolli* (Dogimont et al., 1995). A resistência dessa linhagem francesa é controlada por um gene com dominância completa (Dogimont et al., 1999; Dogimont, 2011). Embora essas fontes tenham sido descritas há mais de 20 anos, não existe relato da introgressão em cultivares comerciais, tampouco foram descritos os mecanismos de defesa da planta, responsáveis pela mortalidade larval do inseto (Dogimont & Boissot, 2016).

Vale ressaltar que as plantas selecionadas no presente trabalho não estavam em homozigose para o caráter em questão, o que pode ser verificado pela segregação na geração S₁ (Tabela 3). Na progênie CNPH 00-915(S₁) pode-se observar distribuição das plantas nas diferentes classes de viabilidade larval, em que metade das plantas apresentou antibiose letal às larvas (VL = 0%) e, nas demais a VL apresentou amplitude de 3 a 100%. Nas progênies BAGMEL 56(S₁) mais de 70% apresentaram o mesmo comportamento da progenitora (VL = 0%), e nas demais a VL variou de 47 a 100%. A VL no ‘Goldex’ variou de 63 a 100%. Essa distribuição permite a obtenção de linhagens contrastantes (resistentes e suscetíveis), a partir

das duas populações segregantes.

O baixo valor de VL média observado nas duas populações S_1 em relação ao 'Goldex' se deve principalmente às plantas que não permitiram o desenvolvimento larval (Tabela 3). Por outro lado, com relação à VP média, as populações S_1 apresentaram valores próximos ao 'Goldex'. A VP do Goldex poderia ter sido maior caso tivesse sido menos infestado. Provavelmente, ocorreu competição das larvas por alimento, uma vez que ocorreu elevada infestação nas plantas do genótipo comercial. Essa competição ocasionou a má formação das pupas, impedindo-as de alcançar a forma adulta do inseto.

Nas duas populações S_1 , mesmo com a presença de plantas suscetíveis, percebe-se que mais de 70% das larvas não chegaram a fase adulta. Assim, além da antibiose não permitir a formação de galerias nas folhas com potencial para reduzir a capacidade fotossintética da planta, e conseqüentemente contribui para diminuir a população da praga. Portanto, a introgressão dessas fontes em híbridos comerciais pode reduzir, consideravelmente, a utilização do controle químico nas áreas de cultivo, contribuindo para uma produção sustentável e economicamente viável, com benefícios para o homem e o ambiente.

Vale ressaltar que as plantas selecionadas no presente trabalho não estão em homozigose para o caráter em questão, que pode ser verificado pela segregação na geração S_1 (Tabela 3). Na progênie CNPH 00-915(S_1) pode-se observar distribuição das plantas nas diferentes classes de viabilidade larval, em que metade das plantas apresentou antibiose letal às larvas (VL = 0%) e, nas demais a VL apresentou amplitude de 3 a 100%. Nas progênies BAGMEL-56(S_1) mais de 70% apresentaram o mesmo comportamento da progenitora (VL = 0%), e nas demais a VL variou de 47 a 100%. A VL no 'Goldex' variou de 63 a 100%. Essa distribuição permite a obtenção de linhagens contrastantes (resistentes e suscetíveis), a partir das duas populações segregantes.

O baixo valor de VL média observado nas duas populações S_1 em relação ao 'Goldex' se deve principalmente às plantas que não permitiram o desenvolvimento larval (Tabela 3). Por outro lado, com relação à VP média, as populações S_1 apresentaram maiores valores que o 'Goldex', provavelmente, pela competição das larvas por alimento, pois ocorreu alta infestação no genótipo comercial. Essa competição ocasionou a má formação das pupas, impedindo-as de alcançar a forma adulta do inseto.

Nas duas populações S_1 , mesmo com a presença de plantas suscetíveis, percebe-se que mais de 70% das larvas não chegaram a fase adulta. Assim, além da antibiose não permitir a formação de galerias nas folhas com potencial para reduzir a capacidade fotossintética da planta, também contribui para diminuir a população da praga. Portanto, a introgressão dessas

fontes em híbridos comerciais pode reduzir, consideravelmente, a utilização do controle químico nas áreas de cultivo, contribuindo para uma produção sustentável e economicamente viável, com benefícios para o homem e o ambiente.

4 CONCLUSÕES

Há variabilidade genética entre os acessos de meloeiro quanto à resistência à mosca-minadora. Quatro novas fontes de resistência à mosca-minadora em meloeiro foram identificadas: CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077 (com antixenose) e CNPH 00-915(R) e BAGMEL 56(R) (com antibiose).

REFERÊNCIAS

ALICE WEB/MDIC. **Sistema de Análise das Informações de Comércio Exterior/Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio Exterior**. Disponível em <<http://aliceweb.mdic.gov.br/>>. Acesso em: mar. 2016.

ALBUQUERQUE, L.B.; ANTONIO, R.P.; NUNES, G.H.S.; MEDEIROS, R.V.; SILVA FILHO, A.J.R. Caracterização morfológica de fontes de resistência de meloeiro a *Pseudoperonospora cubensis*. **Revista Caatinga**, v.28, p.100-107, 2015.

ANUÁRIO BRASILEIRO DA FRUTICULTURA: **BRAZILIAN FRUIT YEARBOOK 2016**. 2016. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta Santa Cruz, p.92. Disponível em: <http://www.grupogaz.com.br/tratadas/eo_edicao/4/2016/915/201691514_0d40a2e2a/pdf/5149_2016fruticultura.pdf>. Acesso em: mar. 2016.

ARAGÃO, F.A.S. **Divergência genética de acessos e interação genótipo x ambiente de famílias de meloeiro**. 2011. 107p. Tese (Doutorado em Fitotecnia), Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN.

ARAÚJO, E.L.; FERNANDES, D.R.R.; GEREMIAS, L.D.; MENEZES NETTO, A.C.; FILGUEIRA, M.A. Mosca-minadora associada à cultura do meloeiro no semiárido do Rio Grande do Norte. **Revista Caatinga**, v.20, p.210-212, 2007.

ARAÚJO, E. L.; NOGUEIRA, C. H. F.; MENEZES NETTO, A. C.; BEZERRA, C. E. S. Biological aspects of the leafminer *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae) on melon (*Cucumis melo* L.). **Ciência Rural**, 43, 579-582, 2013.

BASIJ, M.; ASKARIANZAEH, A.; ASGARI, S.; MOHARRAMIPOU, S.; RAFEZI, R. Evaluation of resistance of cucumber cultivars to the vegetable leafminer (*Liriomyza sativae* Blanchard) (diptera: Agromyzidae) in greenhouse. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v.71, p.395-400, 2011.

BRAGA SOBRINHO, R.; GUIMARÃES, J. A.; LINDEMBERGUE, A. M. M.; CHAGAS, M. C. M.; FERNANDES, O. A.; FREITAS, J. A. D. Monitoramento de pragas na produção integrada do meloeiro. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2003. 25 p. (Embrapa Agroindústria Tropical. Documentos, 69).

BORÉM A., FRITSCHÉ-NETO R. Os desafios bióticos do melhoramento de plantas para alimentar o mundo. In: FRITSCHÉ-NETO R.; BORÉM A. (Ed.) **Melhoramento de planta para condições de estresses bióticos**. 2012. Visconde do Rio Branco: Suprema, p.9-24.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. 2013. **Melhoramento de plantas**, 6 nd ed., Viçosa: UFV, p. 523.

COSTA-LIMA, T. C.; GEREMIAS, L. D; PARRA, J. R. P. Efeito da temperatura e umidade relativa do ar no desenvolvimento de *Liriomyza sativae* Blanchard (Diptera: Agromyzidae) em *Vigna unguiculata*. **Neotropical Entomology**, 38(6), 727-733, 2009.

DOGIMONT, C. Gene List for Melon. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, v.33, p.1915-133, 2011.

DOGIMONT, C.; BENDAHMANE, A.; CHOVELON, V.; BOISSOT, N. La résistance des plantes cultivées aux pucerons: bases génétiques et moléculaires et interaction avec les populations de pucerons. **Comptes Rendus Biologies**, v.333, p.566-573, 2010.

DOGIMONT, C.; BOISSOT, N. 2016. Insect resistance in melon and its modification by molecular breeding. In *Functional Genomics and Biotechnology in Solanaceae and Cucurbitaceae Crops*. **Springer**, p. 199-219.

DOGIMONT, C.; BORDAT, D.; PAGES, C.; BOISSOT, N.; PITRAT, M. One dominant gene conferring the resistance to the leafminer, *Liriomyza trifolii* (Burgess) Diptera: Agromyzidae in melon (*Cucumis melo* L.). **Euphytica**, Wageningen, v.105, p.63-67, 1999.

DOGIMONT, C.; BORDAT, D.; PITRAT, M.; PAGES, C. Characterization of resistance to *Liriomyza trifolii* (Burgess) in melon (*Cucumis melo*). **Fruits**, v.50, p.449-452, 1995.

FERREIRA, E. C. B. **Estrutura genética de populações naturais de *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae)**. 2014. 32 f. Dissertação (Mestrado em Entomologia Agrícola) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

GALLO, D.; NAKANO, O.; SILVEIRA NETO, S.; CARVALHO, R.P.L.; BAPTISTA, G.C.; BERTI FILHO, E.; PARRA, J.R.; ZUCCHI, R.A.; ALVES, B.; VENDRAMIN, J.D.; MARCHINI, J.D.; LOPES, J.R.S.; OMOTO, C. 2002. **Manual de entomologia agrícola**. Piracicaba: FEALQ, p. 920.

GESMALLAH, A.E.E.; YOUSIF, M.T. Resistance in melons (*Cucumis melo* L.) to leafminers (*Liriomyza* spp.; Diptera:Agromyzidae). **Gezira Journal of Agricultural Science**, 20915, p.125–130, 2015.

KENNEDY, G.G.; BOHN, G.W.; STONER, A.K.; WEBB, R.E. Leaf resistance in muskmelon. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v.103, p.571-574, 1978.

MORAIS, A.A.; PINHEIRO, J.B. Melhoramento para resistência aos insetos-praga. In: FRITSCHÉ-NETO, R.; BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de planta para condições de estresses bióticos**. 2012. Visconde do Rio Branco: Suprema, MG, p.153-186.

NUNES, G.H.S.; MEDEIROS, A.C.; ARAÚJO, E.L.; NOGUEIRA, C.H.F.; SOMBRA, K.D.S. Resistência de acessos de meloeiro à mosca-minadora *Liriomyza* spp. (Diptera: Agromyzidae). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.35, p.746-754, 2013.

RESENDE, M.D.V; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, p.182-194, 2007.

SABATO, D.; ESTERAS, C.; GRILLO, O.; PICÓ, B.; BACCHETTA, G. Seeds morpho-colourimetric analysis as complementary method to molecular characterization of melon diversity. **Scientia Horticulturae**, v.192, p.441-452, 2015.

CAPÍTULO II

Herança genética simples condiciona resistência à *Liriomyza sativae* em meloeiro³

³ Esse Capítulo segue normas da Revista Científica **Anais da Academia Brasileira de Ciências** - 2016.

RESUMO

A mosca-minadora *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae) destaca-se como o principal problema fitossanitário em meloeiro no Nordeste brasileiro, que é a principal região produtora e exportadora da fruta. A resistência genética de plantas apresenta-se como importante estratégia no manejo dessa praga. A planta BAGMEL 56-R foi selecionada como nova fonte de resistência por antibiose à *L. sativae*, caracterizando-se por ocasionar mortalidade das larvas logo após iniciarem a alimentação no mesofilo foliar, resultando em pequenas minas, insignificantes para redução de produtividade. Linhagens contrastantes para a resistência foram obtidas a partir das progênes dessa fonte de resistência, por meio de sucessivas autofecundações, conduzidas pelo método de melhoramento genealógico. Por meio do padrão de segregação das progênes e do cruzamento-teste, foi determinada a natureza genética da resistência; um gene com dominância completa condiciona a resistência. A simbologia *Ls/lS* é sugerida para representar esse novo gene. Além disso, por meio de um teste de não-preferência, com linhagens contrastantes para antibiose e híbrido suscetível Goldex, foi evidenciada a presença de antixenose, nessa fonte de resistência. Provavelmente, esses diferentes tipos de resistência na fonte BAGMEL 56-R estejam associados a distintos mecanismos de defesa. Portanto, com essa nova fonte é possível a introgressão da resistência à *L. sativae* em linhagens-élite ou híbridos comerciais de meloeiro.

Palavras-chave: *antibiose; antixenose; Cucumis melo; dominância completa; resistência a insetos.*

ABSTRACT

The leafminer *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae) is the main phytosanitary problem for melons in Northeast Brazil, which is the main producing and exporting region of the fruit. The genetic resistance of plants was presented as an important strategy in the management of this pest. The 'BAGMEL 56-R' plant was selected as a new source of antibiosis to *L. sativae*. This resistance characterized by complete mortality of larvae soon after start feeding on leaf mesophyll, resulting in small mines, and do not interfere with the productivity. Contrasting lines for resistance were obtained from the progeny of this source of resistance, through successive selfing, conducted by the pedigree breeding methods. The genetic nature of the resistance was determined by the pattern of segregation observed in the progenies and also by test cross. One dominant gene conferring the resistance to the leafminer. The '*Ls/lS*' symbology is suggested to represent this new gene. Moreover, through of non-preference test, with contrasting lines for antibiosis and susceptible hybrid 'Goldex', it revealed the presence of antixenosis, this source of resistance. These different types of resistance in 'BAGMEL 56-R' source are associated with different defense mechanisms. Therefore, with this new source can introgression of resistance to *L. sativae* in elite lines and commercial hybrids of melon.

Keywords: antibiosis; antixenosis; *Cucumis melo*; complete dominance; insect resistance.

1 INTRODUÇÃO

Espécies de mosca-minadora pertencentes ao gênero *Liriomyza* Mik (Diptera: Agromyzidae) são importantes pragas em várias culturas de expressão econômica no mundo (Kang et al. 2009; Liu et al. 2011). Na região Nordeste, detentora de quase a totalidade da produção e exportação brasileira do melão (IBGE 2016; ALICEWEB 2016), a *Liriomyza sativae* Blanchard 1938 (Diptera: Agromyzidae) tem se destacado como o principal problema fitossanitário na cultura, limitando consideravelmente a produtividade (Costa-Lima et al. 2009; Araújo et al. 2013; Oliveira et al. 2016).

As fêmeas adultas de *L. sativae* perfuram a face adaxial da folha do meloeiro para alimentação e oviposição, porém são as larvas que ocasionam os principais danos. Ao emergir dos ovos, as larvas se alimentam do mesofilo foliar e formam as minas que reduzem a capacidade fotossintética da planta e, dependendo do nível de infestação, diminuem o rendimento produtivo e o teor de sólidos solúveis do fruto, inviabilizando a comercialização (Araújo et al. 2007). Altas infestações provocam queda prematura das folhas expondo os frutos ao sol, afetando a qualidade externa dos mesmos (Guimarães et al. 2009). Além disso, o custo do controle dessa praga torna a cultura menos rentável, pois representa mais de 13% do custo total de produção (Brasil et al. 2012).

O controle da mosca-minadora é realizado principalmente pelo método químico, contudo, alguns inseticidas utilizados não são seletivos aos inimigos naturais e existem poucas opções de princípios ativos registrados (Nunes et al. 2013). Assim, além de reduzir a eficiência do controle biológico, contribui para o desenvolvimento de populações de mosca-minadora resistentes (Hernández et al. 2011; Liu et al. 2011; Guantai et al. 2015). Isso favorece o surto da praga nas áreas de produção. Adicionalmente, na região Nordeste, apesar da produção se concentrar entre os meses de julho a janeiro, o meloeiro vem sendo cultivado durante o ano inteiro. Essa falta de vazio fitossanitário associada ao uso de cultivares suscetíveis e às condições climáticas favoráveis ao potencial biótico do inseto ($\approx 31^{\circ}\text{C}$, baixa precipitação), possibilitam a incidência da praga durante todo período de produção.

Os programas de melhoramento de meloeiro vêm buscando desenvolver cultivares com resistência genética à *Liriomyza* spp., visando contornar os problemas supracitados e tornar a produção mais sustentável e economicamente viável. Essa técnica de controle é considerada eficaz, de fácil adoção pelo produtor e pode ser associada a outros métodos de manejo, proporcionando benefícios ao produtor, ao consumidor e ao ambiente (Basij et al. 2011; Dogimont e Boissot 2016). A resistência direta da planta a insetos pode ser por antixenose (ou

não-preferência), que altera o comportamento do inseto, resultando na escolha de um hospedeiro alternativo; e por antibiose, afetando negativamente a biologia do inseto (Dogimont et al. 2010).

O programa de melhoramento genético de meloeiro da Embrapa tem priorizado a identificação de fontes de resistência à mosca-minadora (Guimarães et al. 2009; Oliveira et al. 2016). Em recente avaliação de germoplasma de meloeiro quanto à reação à *L. sativae* na Embrapa Agroindústria Tropical, novas fontes de resistência foram identificadas, algumas por reduzirem a sobrevivência das larvas (antibiose) e outras por apresentarem menor infestação pelo inseto (antixenose) (Celin et al. dados não publicados). Dentre essas, uma planta do acesso BAGMEL 56 se destacou por apresentar minas menores que um centímetro, devido à morte das larvas logo após iniciarem a alimentação no mesófilo foliar caracterizando uma resistência do tipo antibiose. Essa planta foi selecionada visando à introgressão dessa resistência em genótipos-elite de meloeiro, passando a ser denominada BAGMEL 56-R.

Alguns estudos abordam determinação de herança da resistência do tipo antibiose à *Liriomyza* spp. em meloeiro (Kennedy et al. 1978; Dogimont et al. 1999), entretanto, quando uma nova fonte é identificada, torna-se imprescindível elucidar a natureza genética da resistência. Essa informação auxilia o melhorista na escolha do método de melhoramento e da estratégia de seleção mais adequados para introgressão da resistência, possibilitando maiores ganhos com a seleção.

Portanto, a partir do acesso de meloeiro BAGMEL 56-R, resistente por antibiose à *L. sativae*, o objetivo desse trabalho foi obter linhagens resistentes, estudar a herança genética da resistência e investigar a existência de antixenose nas linhagens resistentes obtidas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Germoplasma

Foi utilizada uma planta do acesso BAGMEL 56, um meloeiro do tipo Charentais da variedade botânica *cantalupensis*, que pertence ao Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro (BAGMEL) da Embrapa Semiárido (Petrolina, PE). Em novembro de 2014, essa planta (BAGMEL 56-R) foi selecionada por apresentar resistência do tipo antibiose à mosca-minadora. Como a seleção da referida planta resistente ocorreu antes do florescimento, permitiu tanto a autofecundação (geração S₁) quanto o cruzamento-teste com o híbrido Goldex, suscetível à mosca-minadora.

2.2 Obtenção de linhagens

2.2.1 *População segregante*

O método de melhoramento genealógico foi utilizado para conduzir a população segregante, obtida por autofecundação da planta BAGMEL 56-R, até a obtenção das linhagens (resistente e suscetível) à mosca-minadora; importante para o estudo de herança. Os ensaios de seleção foram realizados em plantas jovens sob infestação controlada em gaiolas. Adicionalmente, com o intuito de validar a seleção, as famílias da segunda (S_{1:2}) e terceira (S_{2:3}) gerações de autofecundação foram avaliadas em campo, sob infestação natural. Em ambos os ambientes, amostras de mosca-minadora foram coletadas e enviadas para identificação taxonômica, por meio de avaliações morfológica e molecular, no Laboratório de Entomologia Agrícola da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), em Recife, PE.

2.2.2 *Avaliação sob infestação controlada*

As gerações S₁, S_{1:2} e S_{2:3} foram avaliadas, respectivamente, em 02/2015, 07/2015 e 01/2016, conduzidas em casa de vegetação e no Laboratório de Melhoramento e Recursos Genéticos Vegetais (LMRGV) da Embrapa Agroindústria Tropical (latitude de 3° 44' S, longitude de 38° 33' W e altitude 19,5 metros), em Fortaleza, CE. Para a obtenção das plantas, a semeadura das progênies de cada geração foi realizada em bandejas de polietileno (200 células) preenchidas com substrato composto de pó de fibra de coco e HS-florestais®, na proporção de 1:1. Dez dias após o plantio, as plântulas foram transplantadas para vasos de polietileno com 0,3 litros de substrato composto de HS-florestais® e húmus de minhoca, na proporção de 3:1. As plantas permaneceram em casa de vegetação da semeadura até a infestação, sendo irrigadas duas vezes ao dia.

As infestações controladas foram realizadas em plantas com três folhas verdadeiras completamente expandidas (22 dias após o plantio), transportadas da casa de vegetação para o laboratório e distribuídas em gaiolas (60 x 80 x 50 cm e/ou 115 x 380 x 90 cm; revestidas com tecido *voil*). Nessas gaiolas, foram liberadas oito moscas por planta, com idade de até 48 horas. Os insetos utilizados nesses ensaios foram obtidos da criação estabelecida em laboratório, provenientes de coletas periódicas em áreas de produção de melão no polo agrícola Jaguaribe-Açu (Icapuí, CE) e multiplicados em feijão de porco *Canavalia ensiformis* L. (Fabaceae).

Após 24 horas de infestação, as plantas foram retiradas das gaiolas e levadas de volta

para a casa de vegetação. Do quinto ao décimo dia após a infestação foi acompanhado o desenvolvimento larval, sendo as plantas classificadas como: resistentes (não permitiram o desenvolvimento das larvas até a pupação) ou suscetíveis (permitiram o desenvolvimento de pelo menos uma larva até a pupação). Nas gerações S_1 e $S_{1:2}$ também foi avaliado o número de minas por planta (intensidade de infestação), no quarto dia após a infestação. A análise dos dados foi realizada de forma descritiva.

2.2.3 Avaliação em campo

O experimento foi conduzido de 09/2015 a 01/2016 no Campo Experimental de Pacajus (latitude 4° 10' S, longitude 38° 27' W e altitude 60 m), pertencente a Embrapa Agroindústria Tropical, em Pacajus, CE. Foram avaliadas as dez famílias $S_{1:2(R)}$, cinco famílias $S_{1:2(S)}$ e quatorze famílias $S_{2:3(R)}$. Os símbolos (R) e (S) significam seleção para resistentes e suscetíveis, respectivamente. Parcelas compostas por 10 plantas foram distribuídas em delineamento em blocos casualizados, com duas repetições.

A obtenção das plântulas foi realizada como descrito no item anterior. Dez dias após a semeadura, as plantas foram transplantadas para o campo com espaçamento de 0,4 m entre plantas e 2,0 m entre fileiras. Durante todo o cultivo, adotou-se o sistema de irrigação por gotejamento e a adubação foi realizada diariamente via fertirrigação. Nenhum inseticida foi usado para o controle de pragas. A avaliação foi realizada 46 dias após o transplante classificando as plantas como resistentes ou suscetíveis, conforme o item anterior. A análise dos dados foi realizada de forma descritiva.

2.2.4 Estratégia de seleção

Para obtenção da linhagem resistente, no primeiro ensaio, as plantas S_1 resistentes com menor NM/planta foram selecionadas, autofecundadas e colhidas individualmente, gerando as famílias $S_{1:2(R)}$. Na geração $S_{1:2(R)}$, foram selecionadas entre famílias, aquelas com a maior proporção de plantas resistentes e, dentre de famílias, as plantas resistentes com menores NM/planta. Essa estratégia de seleção foi repetida até a obtenção de uma família homozigota resistente, ou seja, apresentando apenas plantas resistentes e com progênies com o mesmo padrão fenotípico. Paralelamente, em sentido contrário, foi conduzida a seleção de plantas suscetíveis, com maior NM/planta, visando à obtenção da linhagem suscetível.

Em cada geração, as plantas selecionadas foram transferidas para vasos de polietileno

preenchidos com 5,0 litros de substrato (HS-florestais® e húmus de minhoca; 3:1). Na floração foi realizada a autofecundação artificial das flores femininas, as quais foram protegidas com cápsulas de gelatina para evitar contaminação de pólen. Essas plantas foram conduzidas até a obtenção das sementes, as quais foram colhidas individualmente por planta visando constituir as famílias da próxima geração.

2.3 Herança genética da resistência

Visando elucidar a herança genética da resistência, foram utilizados os dados de desempenho do caráter antibiose das progênies da população segregante do acesso BAGMEL 56-R e do cruzamento-teste (BAGMEL 56-R x 'Goldex'). A avaliação da progênie do cruzamento-teste foi realizada conforme descrito no item 2.2.2, em um experimento conduzido em 02/2015, no LMRGV.

Os dados obtidos nessas populações foram analisados pelo teste de Qui-quadrado ($P < 0,05$), com o intuito de identificar um modelo genético adequado à herança do caráter.

2.4 Teste de não-preferência

Foram avaliados as linhagens contrastantes A56-06-02 (resistente) e A56-16 (suscetível) para o caráter antibiose, e o híbrido Goldex, em experimentos com e sem chance escolha. O experimento foi conduzido em 02/2016, no LMRGV. Os experimentos foram conduzidos em delineamento inteiramente casualizado, com nove repetições, nos quais cada planta constituiu uma parcela.

A obtenção e infestação das plantas foram realizadas conforme descrito no item 2.2.2. No teste com escolha, todos os genótipos foram alocados em uma mesma gaiola, de modo que os insetos tinham a opção de escolha entre os genótipos. Por outro lado, no teste sem escolha, as plantas de cada genótipo foram distribuídas em gaiolas individualizadas.

Quatro dias após a infestação, o número de minas (NM) por folha de cada planta foi quantificado. Em condição de laboratório, folhas com larvas apresentando desenvolvimento normal foram mantidas em copos plásticos para coleta e determinação do número de pupas (NP) e, posteriormente, o número de adultos (NA). A partir dos dados coletados, foi estimada a viabilidade larval ($VL = 100NP/NM$) e a viabilidade das pupas ($VP = 100NA/NP$) por planta. Os dados do número de minas, viabilidade larval e pupal foram submetidos à ANOVA conjunta e ao teste de Tukey, ao nível de 5% de probabilidade.

3 RESULTADOS

3.1 Obtenção de linhagens

A identificação taxonômica de todas as amostras de mosca-minadora evidenciaram apenas a espécie *Liriomyza sativae* Blanchard 1938 (Diptera: Agromyzidae).

Das 272 plantas do ensaio com progênes S_1 , 77% apresentaram antibiose letal às larvas de *L. sativae* (Tabela 1). A primeira seleção individual de plantas resistentes S_1 possibilitou obtenção de 10 famílias $S_{1:2(R)}$, das quais, quatro (A56.04, A56.06, A56.07 e A56.10) se destacaram por apresentar plantas totalmente resistentes (Tabela 1). Dentre essas quatro famílias cinco plantas de cada, com menores NM/planta, foram selecionadas para formar a próxima geração (população $S_{2:3(R)}$). No entanto, foram obtidas apenas 14 famílias $S_{2:3(R)}$, pois as plantas selecionadas da família A56.04, foram altamente infestadas por oídio (*Podosphaera xanthii*), e uma planta da família A56.07 não atingiu frutificação.

As famílias $S_{2:3(R)}$ foram testadas no terceiro ensaio, no qual 100% da progênie (350 plantas) mostrou-se resistente à mosca-minadora (Tabela 1). Esse resultado permitiu especular, inicialmente, que as 14 famílias $S_{2:3(R)}$, assim como as respectivas progenitoras, seriam homozigotas para resistência do caráter em questão. Todavia, a avaliação em campo não comprovou essa expectativa.

Embora as avaliações nos dois ambientes tenham sido semelhantes para a maioria das famílias, algumas que não segregaram sob infestação controlada segregaram em campo (Tabela 1). Isso aconteceu com as famílias $S_{1:2(R)}$ A56.07 e $S_{2:3(R)}$ A56.07.01 e A56.07.04, sendo essas duas últimas famílias progênes da primeira. Assim, evidenciou-se que a família A56.07 não estava em homozigose para a resistência.

A família $S_{1:2(R)}$ A56.06 e A56.10, assim como as respectivas famílias progênes, merecem destaque pelo ótimo desempenho observado em todos os ensaios, apresentando apenas plantas com antibiose letal às larvas de *L. sativae*. Portanto, considerando as avaliações em ambos os ambientes, as famílias dentre as progênes da A56.06 e A56.10 mostram-se em homozigose para resistência e, podem ser utilizadas como linhagens.

Tabela 1. Avanço de gerações da população segregante de meloeiro, obtidas a partir da planta BAGMEL 56(R), visando obtenção de linhagens resistentes à mosca-minadora.

População	Número de plantas								
	Gaiola				Campo			Total	
	R ⁺		S	R (%)	R	S	R (%)		
S ₁ : A56	210	(7,54)	62	(10,95)	77,21	-	-	-	272
S _{1:2(R)}	173	(16,15)	25	(31,13)	87,37	145	42	77,54	385
A56.01	16	(13,8)	4	(33,8)	80,00	12	8	60,00	40
A56.02	16	(09,9)	4	(21,0)	80,00	6	10	37,50	36
A56.03	17	(16,8)	3	(22,5)	85,00	17	2	89,47	39
A56.04	20	(13,2)	0	(00,0)	100,00	19	0	100,00	39
A56.05	16	(15,1)	4	(24,8)	80,00	15	4	78,95	39
A56.06	20	(12,3)	0	(00,0)	100,00	28	0	100,00	48
A56.07	20	(25,1)	0	(00,0)	100,00	10	9	52,63	39
A56.08	15	(14,2)	3	(34,7)	83,33	8	4	66,67	30
A56.09	13	(22,1)	7	(40,0)	65,00	12	5	70,59	37
A56.10	20	(18,8)	0	(00,0)	100,00	18	0	100,00	38
S _{2:3(R)}	350	-	0	-	100,00	260	11	95,94	271
A56.06.01	25	-	0	-	100,00	30	0	100,00	55
A56.06.02	25	-	0	-	100,00	19	0	100,00	44
A56.06.03	25	-	0	-	100,00	20	0	100,00	45
A56.06.04	25	-	0	-	100,00	19	0	100,00	44
A56.06.05	25	-	0	-	100,00	19	0	100,00	44
A56.07.01	25	-	0	-	100,00	8	7	53,33	40
A56.07.02	25	-	0	-	100,00	20	0	100,00	45
A56.07.03	25	-	0	-	100,00	19	0	100,00	44
A56.07.04	25	-	0	-	100,00	16	4	80,00	45
A56.10.01	25	-	0	-	100,00	17	0	100,00	42
A56.10.02	25	-	0	-	100,00	17	0	100,00	42
A56.10.03	25	-	0	-	100,00	18	0	100	43
A56.10.04	25	-	0	-	100,00	20	0	100,00	45
A56.10.05	25	-	0	-	100,00	18	0	100,00	43

⁺R= resistente; S= suscetível; R (%)= proporção de plantas resistentes; entre parênteses a média do número de minas por planta de cada classe (R e S).

Para obtenção da linhagem suscetível, inicialmente foram selecionadas dez plantas S₁ suscetíveis, como progenitoras das famílias S_{1:2(S)}. No ensaio em gaiola, essas famílias não segregaram, isto é, todas mantiveram o mesmo comportamento suscetível das progenitoras (Tabela 2). O mesmo desempenho foi observado em campo, nas cinco famílias avaliadas (Tabela 2). Deduziu-se, então, que todas as plantas suscetíveis estavam em homozigose para suscetibilidade à mosca-minadora.

Tabela 2. Avanço de gerações da população segregante de meloeiro, obtidas da planta BAGMEL 56(R), visando obtenção de linhagens suscetíveis à mosca-minadora.

População	Número de plantas						Total
	Gaiola			Campo			
	R ⁺	S	S (%)	R	S	S (%)	
S ₁	210	62	22,79	-	-	-	272
S _{1:2} (S)	0	197	100,00	0	101	100,00	298
A56.11	0	20	100,00	-	-	-	20
A56.12	0	20	100,00	0	25	100,00	45
A56.13	0	20	100,00	-	-	-	20
A56.14	0	20	100,00	-	-	-	20
A56.15	0	20	100,00	0	23	100,00	43
A56.16	0	20	100,00	0	20	100,00	40
A56.17	0	20	100,00	-	-	-	20
A56.18	0	20	100,00	0	15	100,00	35
A56.19	0	20	100,00	0	18	100,00	38
A56.20	0	17	100,00	-	-	-	17

*R= resistente; S= suscetível; R (%)= proporção de plantas resistentes.

3.2 Herança da resistência

A partir dos dados observados nos ensaios do cruzamento-teste e da população segregante (gaiola e campo) foi proposto o modelo de um gene com dominância completa, onde o alelo que confere a resistência (*Ls*) é dominante sobre que confere a suscetibilidade (*ls*), para explicar o controle genético da resistência por antibiose à *L. sativae*, observado na planta BAGMEL 56-R e em suas progênes.

Por esse modelo, ao genótipo da planta BAGMEL 56-R pode ser atribuído *Lsls*, pois encontrava-se em heterozigose quanto à resistência. No cruzamento-teste, essa planta heterozigota (*Lsls*) foi cruzada com o genitor suscetível 'Goldex' (*lsls*), sendo esperado que as progênes apresentassem a proporção de 1:1, de plantas resistentes (*Lsls*) e plantas suscetíveis (*lsls*). Observou-se 85 resistentes e 84 suscetíveis (Tabela 3). Nesse sentido, a progênie S₁ da planta BAGMEL 56-R dispõe de plantas resistentes com genótipos *LsLs* ou *Lsls*, em uma proporção fenotípica esperada de $\frac{3}{4}$, e de plantas suscetíveis com genótipo *lsls*, com uma proporção de $\frac{1}{4}$. O valor observado foi de 210 plantas resistentes e 62 suscetíveis (Tabela 3). Em ambas as populações, os desvios entre as frequências esperadas e as observadas não foram significativas pelo Qui-quadrado (Tabela 3). Isso sugere que o modelo proposto se adequa a herança do caráter em questão.

Tabela 3. Teste de Qui-quadrado (χ^2) aplicado na população segregante da BAGMEL 56(R) e do cruzamento-teste entre a BAGMEL 56(R) e o ‘Goldex’.

População	Frequência Absoluta		Razão Esperada	χ^2	p	
	Resistente	Suscetível				
Cruzamento-Teste	85	84	(1:1)	0,06	0,9387	
S ₁	210	62	(3:1)	0,71	0,4008	
Seleção em S _{1:2}	(<i>LsLs</i>)	(<i>Lsls</i>)	(<i>lsls</i>)			
Resistentes	3	7	-	(1:2)	0,50	0,8231
Suscetíveis	-	-	10	-	-	-
S _{1:2(R)}	318	67	(5:1)	0,15	0,6984	
S _{1:2(S)}	0	298	(0:1)	-	-	

O modelo também foi testado na seleção de plantas resistentes na geração S₁ e nas progênes das mesmas (geração S_{1:2(R)}). A dominância completa do caráter não possibilitou a diferenciação dos genótipos *LsLs* e *Lsls*, dificultando a seleção fenotípica de plantas resistentes homozigotas. Na geração S₁, com a exclusão das plantas suscetíveis, restaram apenas plantas resistentes, sendo esperados que $\frac{1}{3}$ apresentassem genótipos *LsLs* e $\frac{2}{3}$ genótipos *Lsls*, ou seja, uma frequência genotípica de 1:2. Foi observado que em dez plantas resistentes selecionadas, três foram homozigotas (*LsLs*) e as demais heterozigotas (*Lsls*), constatado pela segregação das respectivas progênes S_{1:2(R)} (Tabela 3). Diante dessas informações, a frequência fenotípica esperada na geração S_{1:2(R)} é de cinco plantas resistentes e uma suscetível (5:1), visto que as progenitoras homozigotas apresentem apenas progênes resistentes (*LsLs*) e as heterozigotas segreguem na proporção 1 *LsLs*:2 *Lsls*:1 *lsls*, ou seja 3 resistentes para cada 1 suscetível. Observou-se 318 plantas resistentes e 67 suscetíveis (Tabela 3). Portanto, nos dois casos, os desvios entre as frequências esperadas e observadas não foram significativos pelo teste do Qui-quadrado (Tabela 3).

Outra observação que corrobora a adequação do modelo sugerido, é que as dez plantas suscetíveis selecionadas em S₁ apresentaram apenas progênes suscetíveis, evidenciando que estavam em homozigose recessiva (*lsls*). Portanto, a frequência observada foi idêntica a esperada, tanto nas plantas selecionadas quanto na população S_{1:2(S)} (Tabela 3).

3.3 Teste de não preferência

Nos ensaios com as gerações S₁ e S_{1:2(R)} foi observado que a média do NM entre as progênes resistentes foi sempre menor que nas suscetíveis (Tabela 1), evidenciando que, além da antibiose, também existe resistência à *L. sativae* do tipo antixenose nas progênes da planta BAGMEL 56-R. Essa constatação corroborou com os resultados dos testes de não-preferência,

com e sem escolha, realizado com linhagens contrastantes, obtidas a partir da planta BAGMEL 56-R, e o híbrido Goldex (Tabela 4). Todavia, nas gerações S₁ e S_{1:2(R)} as plantas resistentes por antibiose apresentaram variação de infestação (NM/planta) semelhante as suscetíveis.

Tabela 4. Média do número de minas, viabilidade larval e pupal em três genótipos de melão avaliados quanto à resistência à mosca-minadora, em teste com e sem escolha.

Genótipos	Teste sem escolha	Teste com escolha	Média
Número de minas/planta			
A56-06-02 (R) ¹	7,11 aA ²	4,90 aA	6,00
Goldex	14,22 aA	27,56 bB	20,90
A56-16 (S)	27,67 aB	28,00 aB	27,90
Média	16,33	20,15	
Viabilidade larval/planta (%)			
A56-06-02 (R)	0,00	0,00	0,00 A
Goldex	92,23	91,10	91,66 B
A56-16 (S)	92,93	92,87	92,91 B
Média	61,71 a	61,33 a	
Viabilidade pupal/planta (%)			
A56-06-02 (R)	- ³	-	-
Goldex	85,68	85,42	85,43 A
A56-16 (S)	80,72	81,74	81,23 A
Média	83,20 a	83,58 a	

¹(R) e (S) significa linhagem resistente e suscetível, respectivamente; ²Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente entre si, maiúscula na coluna e minúscula na linha, pelo teste Tukey a 5% de probabilidade; ³Para estatística da Viabilidade pupal/planta (%) a linhagem resistente não foi considerada.

No teste de não-preferência, a linhagem resistente A56-06-02 foi menos infestada do que a linhagem suscetível A56-16, constatado pela diferença NM/planta (Tabela 4). Nos dois ensaios, para essa variável, o comportamento das linhagens não variou. No entanto, o ‘Goldex’ expressou desempenho instável, pois no teste sem escolha, por ter sido menos atacado pela mosca-minadora em comparação com o teste com escolha, apresentou desempenho semelhante à linhagem resistente. Contudo, no teste com escolha foi semelhante à linhagem suscetível (Tabela 4).

Os dados de VL/planta reforçam a constatação da resistência do tipo antibiose letal nas larvas da mosca-minadora na linhagem A56-06-02, uma vez que apresentaram o NP/planta igual a zero, embora tenham sido ovipositadas (presença de minas). A linhagem A56-16 e o ‘Goldex’ apresentaram valores semelhantes e elevados para VL/planta (> 91%) demonstrando não apresentarem nenhum efeito negativo no desenvolvimento larval do inseto (Tabela 4). Além disso, esses dois genótipos também demonstraram valores semelhantes e elevados para VP/planta (> 81%). Para a linhagem A56-06-02, essa variável não foi estimada, pois não permitiu o desenvolvimento dos insetos até a fase de pupa e, conseqüentemente, adulto.

4 DISCUSSÃO

A identificação taxonômica apenas de *L. sativae* demonstra ser essa a principal espécie presente nas áreas produtoras de melão na região Nordeste, o que corrobora com estudos já realizados (Costa-Lima et al. 2009; Araújo et al. 2013; Ferreira 2014; Oliveira et al. 2016). Essa espécie, junto à *L. trifolii* e *L. huidobrensis*, são as principais pragas do gênero descritas em várias culturas de expressão econômica, e apresentam ampla dispersão geográfica e hábito polífago (Kang et al. 2009). Apesar da ocorrência da *L. sativae* se destacar no Novo Mundo (Dogimont e Boissot 2016), no Sudão (África) foi citada como a espécie mais comum, em avaliação de 100 acessos de melão, em condições de campo (Gesmallah e Yousif 2015).

A hereditariedade da resistência do tipo antibiose à *L. sativae*, evidenciada pela segregação da característica na progênie da planta BAGMEL 56-R, permitiu concluir que a resistência detectada foi devido aos mecanismos genéticos de defesa da planta. Erroneamente uma planta pode ser caracterizada como resistente por apresentar uma pseudo-resistência, que pode ocorrer por escape, indução ou outros fatores (Gallo et al. 2002).

Além disso, a segregação da progênie indica que a progenitora não estava em homozigose para resistência. A segregação observada no acesso e na progênie da planta selecionada evidencia que o acesso BAGMEL 56 é composto por mais de um genótipo. Esse fato pode ser em decorrência da própria coleta do acesso, visto que é proveniente de cultivos de pequenos produtores do Nordeste brasileiro. Vale salientar, que o meloeiro apresenta sistema reprodutivo misto, o que favorece a ampliação da variabilidade genética nos campos de produção. Ademais, a presença de mais de um genótipo no acesso, pode ocorrer também por meio de mistura de sementes, cruzamentos naturais ou mutação (Borém e Miranda 2013).

Nesse contexto, a autofecundação da planta BAGMEL 56-R possibilitou manter a característica de resistência por meio das progênies, como observado nos resultados obtidos na população segregante. Assim, a segregação da característica de antibiose em duas classes distintas permitiu a obtenção de linhagens contrastantes, ou seja, resistentes e suscetíveis.

Ressalta-se ainda que a seleção realizada em plantas jovens sob infestação controlada foi eficiente para a obtenção dessas linhagens. Esse fato possibilita seleção e avanços de gerações em qualquer período do ano, desde que a praga esteja disponível. No entanto, a avaliação realizada em campo evidenciou a segregação de algumas famílias consideradas em homozigose nos ensaios em gaiola, mostrando-se fundamental na seleção das linhagens resistentes. Resultados discrepantes em campo e casa de vegetação podem ocorrer em razão das condições distintas inerentes a cada condição (Nunes et al. 2013).

Algumas suposições podem ser cogitadas para explicar essas diferenças, como por exemplo, o tempo de exposição da planta à praga. No campo, a planta fica exposta durante todas as fases fenológicas, aumentando a probabilidade de externar o fenótipo de resistência ou suscetibilidade. De modo diferente, a infestação controlada expõe a planta ao inseto por um dia e apenas na fase inicial do desenvolvimento fenológico. Sendo assim, as avaliações da resistência em campo devem ser realizadas para complementar os resultados obtidos em condições controladas.

Adicionalmente, o número de indivíduos avaliado por família também pode ser considerado um fator limitante na seleção de famílias homocigotas. No entanto, 16 plantas descendentes de autofecundação de um progenitor resistente seriam suficientes para se concluir, com 99% de certeza, que o progenitor está em homocigose ou heterocigose, considerando um modelo com um gene com dominância completa (Ramalho et al. 2012). Contudo, o número de plantas avaliadas, nos dois ambientes, foi superior ao mínimo necessário para observação da segregação do caráter.

A planta BAGMEL 56-R é a primeira fonte com resistente do tipo antibiose letal as larvas da *L. sativae* registrada em acesso de melão coletados no Brasil, sendo anteriormente descrita nos acessos PI 282448 (Africana) e PI 313970 (Indiana), também à *L. sativae* (Kennedy et al. 1978) e, na linhagem Nantais Oblong (Francesa) à *L. trifolli* (Dogimont et al. 1995). Vale salientar, que a resistência caracteriza-se pela morte das larvas logo após iniciarem a alimentação no mesófilo foliar, resultando em galerias nas folhas quase imperceptíveis (menores que 1 cm) e, quando comparadas as ocasionadas em plantas suscetíveis, são insignificantes. Visivelmente, a presença de minas nas progênies resistentes não reduziu a capacidade fotossintética da planta e conseqüentemente não afetaram o rendimento e qualidade dos frutos. Além disso, por não permitirem o desenvolvimento larval, contribuem para diminuir a população de inseto em campo, além dos benefícios ao homem e ao ambiente, por reduzir a utilização de inseticidas no manejo da praga.

A herança simples do caráter de antibiose facilitou a rápida obtenção das linhagens contrastantes, necessitando apenas de três gerações de autofecundação, considerando a última geração, na qual foi utilizada para confirmar a suposição de homocigose do caráter nas progenitoras. A herança da resistência do tipo antibiose da planta BAGMEL 56-R foi explicada por um modelo de dominância completa em um gene composto por dois alelos (*Ls* e *ls*). Herança semelhante foi obtida na análise de gerações realizado com a fonte resistente Nantais Oblong (França) (Dogimont et al. 1999; Dogimont 2011). Essa linhagem apresenta resistência por antibiose às larvas de *L. trifolli*, com resistência controlada por um gene com dominância

completa, o qual foi denominado *Lt*. Entretanto, nos acessos PI 282448 (África) e PI 313970 (Índia), que exibiram menor número de minas e a maior mortalidade larval à *L. sativae*, apresentam aparente resistência recessiva e dominância incompleta, respectivamente (Kennedy et al. 1978).

Apesar da resistência semelhante entre a BAGMEL 56-R e a linhagem francesa, existem evidências que são controladas por genes distintos. Em condições de campo, a linhagem Nantais Oblong foi avaliada em um ensaio justaposto ao experimento de avaliação das progênes da planta BAGMEL 56-R, porém diferente dessa fonte, não apresentou resistência à *L. sativae*, ou seja, as larvas dessa espécie apresentaram desenvolvimento normal na linhagem Nantais Oblong (Celin et al. dados não publicados). A resistência na linhagem francesa também não foi evidenciada quando infestada com a *L. huidobrensis* (Dogimont 2011). Portanto, é sugerido um novo gene de resistência, com o símbolo *Ls*, presente nas linhagens resistentes obtidas a partir da planta BAGMEL 56-R.

Desse modo, fica demonstrada a especificidade da resistência à determinada espécie de *Liriomyza*, nos genótipos de meloeiro resistentes. No entanto, novos estudos abordando a especificidade do proposto gene *Ls* frente às diferentes espécies de mosca-minadora que atacam o meloeiro precisam ser realizados, para que a resistência seja empregada de forma segura. Essa preocupação existe devido à ocorrência de mais de uma espécie de *Liriomyza* em meloeiro (Musundire et al. 2012; Dogimont e Boissot 2016), ressaltando a importância da identificação das espécies nos estudos de resistência dada a especificidade da mesma.

Embora antibiose seja notoriamente o principal tipo de resistência a *L. sativae* nas progênes resistentes da planta BAGMEL 56-R, a antixenose pode também desempenhar resistência na fase adulta do inseto. Essa observação também foi especulada na linhagem Nantais Oblong (Dogimont et al. 1995).

Nesse estudo, a herança foi proposta apenas para a antibiose, pois a antixenose só foi observada com os resultados dos ensaios da população segregante e, posteriormente, confirmada nos testes de não-preferência. Porém, acredita-se que os dois tipos de resistência não estejam associados ao mesmo gene, pois nas primeiras gerações ocorreu variação semelhante de infestação em plantas contrastantes com antibiose. Entretanto, na condução da população segregante, além da seleção de plantas resistentes e suscetíveis para o caráter de antibiose, foram selecionados plantas com menores e maiores números de minas, respectivamente, ou seja, contrastantes para antixenose. Portanto, isso pode explicar os resultados obtidos no teste de não-preferência, onde plantas com antibiose foram menos preferidas que a linhagem suscetível.

A identificação de algumas fontes com antixenose à *Liriomyza* spp. são relatadas, porém para nenhuma é conhecida a natureza genética do caráter (Kennedy et al. 1978; Dogimont et al. 1995; Gesmallah e Yousif 2015; Guimarães et al. 2009; Nunes et al. 2013). Para elucidar a herança da antixenose é indicado um estudo com um delineamento genético clássico, onde, comumente, é avaliado simultaneamente os pais contrastantes, P_1 e P_2 , as gerações F_1 ($P_1 \times P_2$), F_2 ($F_1 \times F_1$) e nos retrocruzamentos, RC_1 ($F_1 \times P_1$) e RC_2 ($F_1 \times P_2$) (Cruz et al. 2012); o que pode ser possível com as linhagens obtidas nesse estudo.

Adicionalmente, ao se identificar novas fontes de resistência, é importante que além da elucidação da natureza genética da resistência, que também seja investigado os mecanismos de defesa responsável pela reação, uma vez que, o mesmo fenótipo pode ser devido a distintos mecanismos. De modo geral, a resistência à *Liriomyza* spp. em diferentes culturas foi associada tanto a mecanismos de defesa estruturais (tricomas, espessura de parede, entre outros) (Wei et al. 2000), como químicos (metabolitos secundários, proteínas antidigestivas, entre outras) (Kang et al. 2009). É sugerido que o(s) mecanismo(s) de defesa à *L. sativae* da fonte BAGMEL 56-R seja(m) elucidado(s).

Deve-se enfatizar que a resistência genética a insetos deve ser usada em conjunto com outros métodos de controle, como o controle biológico e práticas culturais (Hans Petersen et al. 2010; Simmons et al. 2010), além do uso correto do controle químico seletivo. A combinação de métodos de controle tem efeitos aditivos ao método de resistência de planta, uma vez que diminui a possibilidade de quebra da resistência pelo inseto, impedindo a rápida evolução das populações da praga. Além disso, vale ressaltar que linhagens resistentes obtidas a partir da planta BAGMEL 56-R apresentam outras características favoráveis, como boa cobertura de folha, boa produção, resistência a oídio e boa qualidade de fruto. Desse modo, métodos de melhoramento genético como o SSD (*Single Seed Descent*) e retrocruzamento são indicados para introgressão dessa resistência à *L. sativae*, sobretudo em melões do tipo Charentais.

Existe uma expectativa que essa fonte de resistência seja, futuramente, disponibilizada aos produtores de melão em cultivares com boas características agrônômicas e resistente à *L. sativae*, possibilitando um sistema de produção sustentável, com alta produtividade e competitividade.

5 CONCLUSÃO

Foram obtidas linhagens de meloeiro com resistência do tipo antibiose à *Liriomyza sativae*. Um gene com dominância completa condiciona a resistência do tipo antibiose à *L.*

sativae na fonte BAGMEL 56-R. Além da antibiose, essa fonte de resistência também apresenta antixenose.

REFERÊNCIAS

ALICE WEB/MDIC - Sistema de Análise das Informações de Comércio Exterior/Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio Exterior. Disponível em <<http://aliceweb.mdic.gov.br/>>. Acesso em: jun. 2016.

Araújo EL, Fernandes, DRR, Geremias LD, Netto, ACM and Filgueira, MA. 2007. Mosca minadora associada à cultura do meloeiro no semi-árido do Rio Grande do Norte. Rev Caat 20 (3): 210-212.

Araújo EL, Nogueira CHF, Menezes Netto AC and Bezerra CES. 2013. Biological aspects of the leafminer *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae) on melon (*Cucumis melo* L.). Ciên Rur 43 (4): 579-582.

Basij M, Askarianzaeh A, Asgari S, Moharramipou S and Rafezi R. Evaluation of resistance of cucumber cultivars to the vegetable leafminer (*Liriomyza sativae* Blanchard) (diptera: Agromyzidae) in greenhouse. Chilean journal of agricultural research, 71, 395-400, 2011.

Borém A and Miranda GV. 2013. Melhoramento de plantas, 6 nd ed., Viçosa: UFV, p. 523.

Brasil AMS, Oliveira KC, Araújo Neto PL, Nascimento IA and Moraes Júnior V.F. Representatividade do custo de controle da mosca minadora na produção de melão: um estudo de caso na empresa Santa Júlia Agro Comercial Exportadora de Frutas Tropicais Ltda. Custos e @gronegocio on line, 8, 2012.

Costa-Lima TC, Geremias LD and Parra JRP. 2009. Efeito da temperatura e umidade relativa do ar no desenvolvimento de *Liriomyza sativae* Blanchard (Diptera: Agromyzidae) em *Vigna unguiculata*. Neotr Ent 38 (6): 727-733.

Cruz CD, Regazzi AJ, Carneiro PCS. 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: Editora UFV, v.1, 514p.

Dogimont C. 2011. Gene List for Melon. Cucurbit Genet Coop Rep 33: 1915-133.

Dogimont C, Bendahmane A, Chovelon V and Boissot N. La résistance des plantes cultivées aux pucerons: bases génétiques et moléculaires et interaction avec les populations de pucerons. Comptes Rendus Biologies, 333, 566-573, 2010.

Dogimont C and Boissot N. 2016. Insect resistance in melon and its modification by molecular breeding. In Functional Genomics and Biotechnology in Solanaceae and Cucurbitaceae Crops. Heidelberg: Springer, p. 199-219.

Dogimont C, Bordat D, Pages C, Boissot N and Pitrat M. 1999. One dominant gene conferring the resistance to the leafminer, *Liriomyza trifolii* (Burgess) Diptera: Agromyzidae in melon (*Cucumis melo* L.). Euphytica 105: 63-67.

Dogimont C, Bordat D, Pages C, Pitrat M and Pages C. 1995. Characterization of resistance to *Liriomyza trifolii* (Burgess) in melon (*Cucumis melo*). *Fruits* 50: 449-452.

Ferreira ECB. Estrutura genética de populações naturais de *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae). 2014. 32 f. Dissertação (Mestrado em Entomologia Agrícola) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife.

Gallo D, Nakano O, Silveira Neto S, Carvalho RPL, Baptista GC, Berti Filho E, Parra JR, Zucchi RA, Alves B, Vendramin JD, Marchini JD, Lopes JRS and Omoto C. 2002. Manual de entomologia agrícola. Piracicaba: FEALQ, p. 920.

Gesmallah AEE and Yousif MT. 2015. Resistance in melons (*Cucumis melo* L.) to leafminers (*Liriomyza* spp.; Diptera:Agromyzidae). *J Agric Sci* 125–130.

Guantai MM, Ogol CPKO, Salifu D, Kasina JM, Akutse KS and Fiaboe KKM. 2015. Differential effects of pesticide applications on *Liriomyza huidobrensis* (Diptera: Agromyzidae) and its parasitoids on pea in Central Kenya. *J Econ Ent* 108 (2): 662-671.

Guimarães JA, Oliveira VR, Michereff Filho M and Liz RS. 2009. Avaliação da resistência de híbridos de melão tipo amarelo à mosca-minadora *Liriomyza* spp. Embrapa, Embrapa Hortaliças, 2009. 16 p.

HansPetersen HN, McSorley R, Liburd OE. The impact of intercropping squash with non-crop vegetation borders on the above-ground arthropod community. *Fla Entomol* 93 (4):590–608, 2010.

Hernández R, Harris M and Liu TX. 2011. Impact of insecticides on parasitoids of the leafminer, *Liriomyza trifolii*, in pepper in south Texas. *J insect Sci* 11: 61.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Banco de dados Agregados. Disponível em <http://www.sidra.ibge.gov.br/>. Acesso em: jun. 2016.

Kang L, Chen B, Wei JN, and Liu TX. 2009. Roles of thermal adaptation and chemical ecology in *Liriomyza* distribution and control. *Ann Rev Ent* 54:127-145.

Kennedy GG, Bohn GW, Stoner AK and Webb RE. 1978. Leaf resistance in muskmelon. *J Am Soc Hortic Sci* 103: 571-574.

Liu T, Kang L, Lei Z and Hernandez R. 2011. Hymenopteran parasitoids and their role in biological control of vegetable *Liriomyza* leafminers. In *Recent Advances in Entomological Research*. Heidelberg: Springer 376-403.

Musundire R, Chabi-Olaye A and Krüger K. 2012. Host plant effects on morphometric characteristics of *Liriomyza huidobrensis*, *L. sativae* and *L. trifolii* (Diptera: Agromyzidae). *J Appl Entomol* 136: 97-108.

Nunes GHS, Medeiros AC, Araujo EL, Nogueira CHF and Sombra KDS. 2013. Resistência de acessos de meloeiro à mosca-minadora *Liriomyza* spp. (Diptera: Agromyzidae). *Rev Bras Frutic* 35: 746-754.

Ramalho MAPR, Santos JB, Pinto CABP, Souza EA, Gonçalves FMA, Souza JC. 2012. Genética na agropecuária. Lavras: UFLA, MG, 566p.

Simmons AM, Kousik CS, Levi A. Combining reflective mulch and host plant resistance for sweetpotato whitefly (Hemiptera: Aleyrodidae) management in watermelon. *Crop Prot* 29 (8):898–902, 2010.

Oliveira FIC, Fiege LBC, Celin EF, Innecco R, Nunes GHS and Aragão FAZ. 2016. Screening of melon genotypes for resistance to vegetable leafminer and your phenotypic correlations with colorimetry. *An. Acad. Bras. Ciênc. (no prelo)*.

Wei J, Zou L, Kuang R and He L. 2000. Influence of leaf tissue structure on host feeding selection by pea leafminer *Liriomyza huidobrensis* (Diptera: Agromyzidae). *Zool Stud* 39 (4): 295-300.

CAPÍTULO III

A915.34.01.08 – linhagem de meloeiro resistente à mosca-minadora⁴

⁴ Esse Capítulo segue normas da Revista Científica **Crop Breeding and Applied Biotechnology** - 2016 (*Seção Cultivar Release*).

RESUMO

A linhagem A915.34.01.08 é uma nova fonte de resistência à *Liriomyza sativae* em meloeiro, desenvolvida pela Embrapa. Apresenta resistência do tipo antibiose, causando mortalidade larval logo após iniciarem a alimentação no mesófilo foliar, evitando a redução da fotossíntese e conseqüentemente da produtividade. Essa linhagem possibilitará a introgressão dessa resistência em híbridos comerciais.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, *Liriomyza sativae*, antibiose.

ABSTRACT

The 'A915.34.01.08' line is a new source resistance in melon of *Liriomyza sativae*, developed by 'Embrapa'. The mentioned line provides resistance of the type antibiosis, causing larval mortality after feeding on mesophyll. The resistant plant avoids reduction of photosynthesis as well as lost of yields. This line may provide a new source for introgression of the resistance in the commercial hybrids.

Keywords: *Cucumis melo*, *Liriomyza sativae*, antibiosis.

1 INTRODUÇÃO

No Brasil, há mais de duas décadas, pelo menos 95% da produção de melão se concentra na região Nordeste, sobretudo os Estados do Ceará e Rio Grande do Norte, entre o Vale Jaguaribe/CE e Vale do Açu/RN (IBGE 2016). Nessa região, embora a maior produção ocorra de julho a janeiro, englobando uma janela internacional de exportações, o melão vem sendo cultivado durante todos os meses do ano. Assim, o cultivo consecutivo permite colher até três safras por ano, contribuindo para o agronegócio da cultura. Contudo, por outro lado, possibilita o aumento da incidência de pragas e doenças.

Os problemas fitossanitários, além de limitar a produtividade, tornam a cultura menos rentável devido ao custo de manejo. Dentre esses problemas, a mosca-minarora *Liriomyza* spp. (Diptera: Agromyzidae) vem sendo considerada como a principal praga do meloeiro (Guimarães et al. 2009, Nunes et al. 2013). A confecção de galerias nas folhas, causada pela alimentação das larvas, é o principal dano direto dessa praga, que tem como consequência final redução da produtividade e qualidade dos frutos (Araújo et al. 2007).

Embora o programa de melhoramento genético do meloeiro da Embrapa tenha sido iniciado na década de 1980, os primeiros trabalhos visando resistência genética à *Liriomyza* spp. iniciaram na década passada. Haja vista que, a partir do final da década de 1990, a mosca-minadora deixou de ser considerada uma praga secundária e alcançou a condição de praga-chave da cultura (Guimarães et al. 2009), destacando-se como o principal problema fitossanitário do meloeiro na região Nordeste (Oliveira et al. 2016).

Atualmente, apesar de existirem cultivares que apresentam algum nível de tolerância ao inseto, ainda não existem cultivares resistentes no mercado. Além disso, poucas fontes de resistência são relatadas na literatura (Nunes et al. 2013, Dogimont e Boissot 2016).

Recentemente, em uma avaliação de germoplasma à resistência à *Liriomyza sativae* Blanchard 1938 (Diptera: Agromyzidae) na Embrapa Agroindústria Tropical (Fortaleza, CE, Brasil), uma planta com antibiose foi selecionada dentro do acesso CNPH 00-915, pertencente ao Banco Ativo de Germoplasma de Melão da Embrapa Hortaliças. Essa planta foi denominada CNPH 00-915(R) e caracterizou-se por afetar negativamente o desenvolvimento larval. A seleção foi antes do florescimento, o que possibilitou a autofecundação da CNPH 00-915(R) gerando a primeira geração de autofecundação (S₁). Ao avaliar a geração S₁ observou segregação da resistência, iniciando assim, a condução da população segregante até a obtenção de uma linhagem resistente.

Portanto, o presente estudo descreve a obtenção da linhagem A915.34.01.08 e as principais características dessa nova fonte de resistência à *L. sativae*.

2 MÉTODO DE MELHORAMENTO

O método de melhoramento genealógico foi utilizado e, a partir da geração S₁, foram selecionadas plantas individuais cujas famílias foram avaliadas, selecionadas ou descartadas, nas gerações sucessivas de autopolinização até a geração S_{4:5}. Para selecionar as plantas superiores, em cada geração de autofecundação, foi realizado ensaios em laboratório, na qual as progênes foram infestadas com a praga. Adicionalmente, para validar a seleção em laboratório, as gerações S_{2:3} e S_{3:4} foram avaliadas em campo. No final desse processo, a família A915.34.01.08 foi selecionada como a linhagem resistente uma vez que, o caráter resistência à *L. sativae* alcançou a homozigose.

Em cada ensaio, amostras de moscas-minadora foram coletadas para classificação taxonômica da(s) espécie(s) por meio de avaliações morfológica e molecular, realizadas no Laboratório de Entomologia Agrícola da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), em Recife, PE. Apenas a espécie *Liriomyza sativae* Blanchard 1938 (Diptera: Agromyzidae) foi identificada.

2.1 Ensaios laboratoriais

As gerações S₁, S_{1:2}, S_{2:3}, S_{3:4} e S_{4:5} foram avaliadas em 10/2014, 02/2015, 06/2015, 12/2015 e 04/2016, respectivamente, em casa de vegetação e no Laboratório de Melhoramento e Recursos Genéticos (LMRGV) da Embrapa Agroindústria Tropical (latitude de 3° 44' S, longitude de 38° 33' W e altitude 19,5 metros), em Fortaleza, CE.

Em cada geração, as plantas foram acondicionadas em vasos de polietileno com 0,3 litros de substrato e mantidas em casa de vegetação da semeadura até a infestação, sendo fertirrigadas diariamente. Quando atingiram a fase de desenvolvimento de três folhas completamente expandidas (≈ 22 dias após o plantio), foram transportadas para o laboratório, alocadas em gaiolas revestidas com tecido *voil*, nas quais foram liberadas oito moscas adultas por plantas, com 48 horas de vida. Os insetos utilizados foram obtidos da criação mantida em laboratório, provenientes de coletas periódicas realizadas em áreas de produção de melão, no polo agrícola Jaguaribe-Açu, e multiplicados em feijão de porco *Canavalia ensiformis* L. (Fabaceae).

Após 24 horas de infestação, as plantas foram transportadas de volta para casa de vegetação. Do quinto ao décimo dia após a infestação foi acompanhado o desenvolvimento larval, sendo as plantas classificadas como: resistentes (não permitiram o desenvolvimento das larvas até a pupação) ou suscetíveis (permitiram o desenvolvimento de pelo menos uma larva até a pupação). Nas gerações S_1 , $S_{1:2}$ e $S_{2:3}$ também foi avaliado o número de minas por plantas (intensidade de infestação), no quarto dia após a infestação.

2.2 Teste em campo

O desempenho da resistência das famílias $S_{2:3}$ e $S_{3:4}$ também foi avaliado em campo, de 11/2014 a 01/2015, no Campo Experimental de Pacajus (latitude 4° 10' S, longitude 38° 27' W e altitude 60 m), pertencente a Embrapa Agroindústria Tropical, em Pacajus, CE.

As plantas foram transplantadas para o campo com dez dias após o semeio, em espaçamento de 0,4 m entre plantas e 2,0 m entre fileiras. Durante todo o cultivo, adotou-se o sistema de irrigação por gotejamento e a adubação foi realizada diariamente via fertirrigação. Nenhum inseticida foi usado para o controle de pragas. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente ao acaso, sendo as parcelas compostas de 10 plantas, com duas repetições. Aos 46 dias após o transplantio foi realizada a avaliação classificando as plantas como resistentes ou suscetíveis (conforme descrito no item anterior).

2.3 Estratégia de seleção

No primeiro ensaio, as plantas resistentes S_1 com menor número de minas por plantas foram selecionadas, autofecundadas e colhidas individualmente, gerando as famílias $S_{1:2}$. Nas gerações seguintes, foram selecionadas entre famílias, aquelas com a maior proporção de plantas resistentes e, dentro de famílias, plantas resistentes menos infestadas (menor número de minas por plantas) e com minas menores que um centímetro. Essa estratégia de seleção foi repetida até a obtenção de uma família homozigota resistente, ou seja, com famílias apresentando apenas plantas resistentes e progênes com o mesmo padrão fenotípico. As seleções foram realizadas entre as plantas avaliadas em laboratório, no entanto, na última seleção (em $S_{3:4}$) os dados de campo também foram utilizados na seleção.

As plantas selecionadas, em cada geração, foram transferidas para vasos de polietileno preenchidos com 5,0 litros de substrato, em casa de vegetação, sendo fertirrigadas diariamente. Na floração foi realizada a autofecundação artificial das flores hermafroditas, as quais foram

emasculadas antes da antese e protegidas com cápsulas de gelatina para evitar contaminação de pólen, antes e após a polinização. Essas plantas foram conduzidas até obtenção das sementes, que foram colhidas individualmente para constituir as famílias da próxima geração.

3 DESENVOLVIMENTO DA LINHAGEM RESISTENTE

No laboratório, metade das 38 plantas S_1 avaliadas apresentaram antibiose letal às larvas de *L. sativae* e foram classificadas como resistentes. Dez dessas plantas geraram as famílias $S_{1:2}$ e todas segregaram, variando de 35 a 92 % a proporção de plantas resistentes. Procedeu-se a seleção de três plantas resistentes com menor número de minas por plantas, nas famílias com mais de 70% de plantas resistentes (A915.05, A915.09, A915.13, A915.24, A915.32, A915.34 e A915.35.), com exceção da família A915.18, que apresentou maior número de minas por plantas entre as progênes resistentes (Tabela 1). Assim, foram obtidas 15 famílias $S_{2:3}$. As plantas da família A915.09 não geraram descendentes.

Em laboratório, as famílias $S_{2:3}$ apresentaram de 65 a 100% de plantas resistentes, exceto a A915.05.16 que apresentou apenas 13,3% (Tabela 1). Optou-se por selecionar quatro plantas superiores (menor número de minas por plantas) dentro das quatro famílias com pelo menos 95% plantas resistentes. Desta forma, foram selecionadas as famílias A915.34.01, A915.13.06, A915.24.10 e A915.34.13. No quarto ensaio, foram avaliadas 13 famílias $S_{3:4}$, das quais quatro (A915.34.13.05, A915.34.01.08, A915.34.13.12 e A915.34.13.19) não segregaram, ou seja, todas as plantas avaliadas foram resistentes.

Essas duas últimas gerações ($S_{2:3}$ e $S_{3:4}$) também foram avaliadas em campo, onde a proporção de plantas resistentes foi menor que a avaliação em gaiola, na maioria das famílias. As maiores discrepâncias na proporção entre plantas resistentes sob infestação controlada e no campo foram observadas nas famílias: A915.05.16 (90 e 0%), A915.35.03 (100 e 15%), A915.35.30 (65 e 5%), geração $S_{2:3}$; e na A915.34.13.06 (88 e 10%), geração $S_{3:4}$ (Tabela 1). A família A915.34.01 foi a que destacou em campo por apresentar maior número de plantas resistentes (96%), semelhante ao observado em gaiola (95%), e também por suas progênes ($S_{3:4}$, pois todas apresentaram 100% de plantas resistentes em campo e pelo menos 88% em gaiola. Dentre essas, a família A915.34.01.08 não apresentou segregação em ambos os ambientes, com 100% das plantas resistentes.

A avaliação da geração $S_{3:4}$ foi realizada primeiro em campo, depois em gaiola, sendo a informação de ambos os ambientes utilizada para a seleção das plantas resistentes. A geração

S_{4:5} foi obtida por meio da seleção das plantas superiores das famílias A915.34.01.03, A915.34.01.08 e A915.34.01.17. Todas as progênies dessas famílias foram resistentes, no ensaio em gaiola (Tabela 1). Portanto, a família A915.34.01.08 foi considerada em homozigose para a resistência, uma vez que apresentou apenas plantas resistentes e progênie com o mesmo padrão fenotípico. Observando a segregação da população, a herança genética da antibiose parece ser dominante e controlada por mais de um gene. Todavia, uma análise de gerações deve ser realizada para constatar a herança genética dessa resistência.

4 CARACTERIZAÇÃO DA RESISTÊNCIA

A resistência por antibiose na linhagem A915.34.01.08 se caracteriza pela morte das larvas logo após iniciarem a alimentação no mesofilo foliar da planta, resultando em minas muito pequenas (< 1 cm). Essas galerias, comparadas às ocasionadas em plantas suscetíveis, são insignificantes e, portanto, não reduzem a capacidade fotossintética da planta e, conseqüentemente, não afeta o rendimento e qualidade dos frutos. Ademais, por não permitirem o desenvolvimento larval, as plantas resistentes contribuem para reduzir a população de inseto em campo, além de propiciarem benefícios ao homem e ao ambiente, por reduzir a utilização de agroquímicos no manejo da praga. Essa antibiose deve estar associada a mecanismos de defesa morfológicos ou químicos da planta e, portanto, futuros estudos devem ser realizados com essa nova fonte de resistência.

5 CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA

A linhagem A915.34.01.08 pertence ao tipo comercial Gália, da variedade botânica *reticulatus*. Os frutos caracterizam-se por serem arredondados, reticulados, com casca verde no início do desenvolvimento e amarela/laranja quando estão maduros. A polpa apresenta cor branca-esverdeada quando verde e, quando madura, é salmão, tendo baixo teor de sólidos solúveis e sendo pouco firme. A planta apresenta comprimento de ramos mediano (\approx 1,5 metros) e frutificação precoce (\approx 35 após o plantio), produzindo de um a dois frutos comerciais por planta, com peso entre 0,7 a 1,5 kg. Em campo, apresentou suscetibilidade ao oídio (*Podosphaera xanthii*) e ao vírus do amarelão (*Melon yellowing-associated virus*, MYaV) e, alguns frutos racharam (*cracking*) durante o amadurecimento.

Portanto, a linhagem A915.34.01.08 é recomendada para cruzamentos em programas de melhoramento genético que visam à introgressão da resistência à *L. sativae* em meloeiro.

6 MANUTENÇÃO E INCORPORAÇÃO DA RESISTÊNCIA

A Embrapa Agroindústria Tropical é responsável pela manutenção da linhagem A915.34.01.08 e por experimentos de introgressão dessa resistência em linhagens-elite ou híbridos experimentais de meloeiro.

REFERÊNCIAS

Araújo EL, Fernandes DRR, Geremias LD, Netto ACM and Figueira MA (2007) Mosca minadora associada à cultura do meloeiro no semi-árido do Rio Grande do Norte. **Revista Caatinga** **20**: 210-212.

Dogimont C and Boissot N (2016) Insect resistance in melon and its modification by molecular breeding. In *Functional Genomics and Biotechnology in Solanaceae and Cucurbitaceae Crops*. Springer, Heidelberg, p. 199-219.

Guimarães JA, Oliveira VR, Michereff Filho M and Liz RS (2009) **Avaliação da resistência de híbridos de melão tipo amarelo à mosca-minadora *Liriomyza* spp.** Editora Embrapa Hortaliças, Brasília, 16p.

IBGE - **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Banco de dados Agregados. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/>>. Acesso em: jun. 2016.

Nunes GHS, Medeiros AC, Araujo EL, Nogueira CHF and Sombra KDS (2013) Resistência de acessos de meloeiro à mosca-minadora *Liriomyza* spp. (Diptera: Agromyzidae). **Revista Brasileira de Fruticultura** **35**: 746-754.

Oliveira FIC, Fiege LBC, Celin EF, Innecco R, Nunes GHS and Aragão FAZ (2016) Screening of melon genotypes for resistance to vegetable leafminer and your phenotypic correlations with colorimetry. **Anais da Academia Brasileira de Ciências** (*in prelo*).

Tabela 1. Avaliação das cinco gerações segregantes do genótipo de meloeiro CNPH-A915R, quanto à resistência à *Liriomyza sativae*.

Pedigree	Gaiola					Campo			
	Resistente		Suscetível		R (%)	R NP	S NP	R (%)	
	NP*	NM/P	NP	NM/P					
S ₁ A915	19	21,4	19	45,3	50,0	-	-	-	
S _{1:2} A915.05	20	3,7	2	8,0	90,9	-	-	-	
A915.08	8	4,9	15	11,2	34,8	-	-	-	
A915.09	29	4,3	9	10,7	76,3	-	-	-	
A915.13	26	4,9	9	11,4	74,3	-	-	-	
A915.18	20	7,3	6	11,5	76,9	-	-	-	
A915.20	15	5,7	21	12,1	41,7	-	-	-	
A915.24	32	5,8	6	14,7	84,2	-	-	-	
A915.32	23	5,3	2	7,0	92,0	-	-	-	
A915.34	29	6,0	9	8,0	76,3	-	-	-	
A915.35	32	4,3	6	8,0	84,2	-	-	-	
S _{2:3} A915.05.16	18	8,2	2	21,0	90,0	0	19	0,0	
A915.05.16	2	17,5	13	31,3	13,3	6	13	31,6	
A915.05.20	13	9,9	7	28,1	65,0	9	11	45,0	
A915.13.06	19	11,1	1	22,0	95,0	14	6	65,0	
A915.13.25	19	15,9	1	49,0	95,0	7	11	38,9	
A915.24.10	19	15,5	1	-	95,0	14	6	70,0	
A915.24.29	19	14,6	1	64,0	95,0	15	5	75,0	
A915.32.03	17	12,2	3	16,0	85,0	6	14	30,0	
A915.32.06	15	19,5	5	23,6	75,0	6	14	30,0	
A915.32.25	18	22,3	2	29,5	90,0	6	14	30,0	
A915.34.01	19	13,3	1	25,0	95,0	27	1	96,4	
A915.34.13	20	9,8	0	0,0	100,0	20	6	76,2	
A915.35.03	20	15,1	0	0,0	100,0	3	17	15,0	
A915.35.19	14	20,5	6	30,6	70,0	5	7	41,7	
A915.35.30	13	17,8	7	24,0	65,0	1	19	5,0	
S _{3:4} A915.13.06.09	12	-	13	-	48,0	12	8	60,0	
A915.13.06.11	16	-	9	-	64,0	6	13	31,6	
A915.13.06.15	16	-	9	-	64,0	8	12	40,0	
A915.13.06.17	20	-	5	-	80,0	7	12	36,8	
A915.24.10.03	21	-	4	-	84,0	10	10	50,0	
A915.24.10.05	22	-	3	-	88,0	13	7	65,0	
A915.34.01.03	13	-	1	-	92,9	10	0	100,0	
A915.34.01.08	25	-	0	-	100,0	20	0	100,0	
A915.34.01.17	22	-	3	-	88,0	20	0	100,0	
A915.34.13.05	25	-	0	-	100,0	21	3	87,5	
A915.34.13.06	22	-	3	-	88,0	1	9	10,0	
A915.34.13.12	25	-	0	-	100,0	14	5	73,7	
A915.34.13.19	25	-	0	-	100,0	17	7	70,8	
S _{4:5} P ⁺ -A915.34.01.03	25	-	0	-	100,0	-	-	-	
P-A915.34.01.08	92	-	0	-	100,0	-	-	-	
P-A915.34.01.17	98	-	0	-	100,0	-	-	-	

*NP= número de plantas; NM/P= número de minas por planta; R= resistente; S= suscetível; R (%)= porcentagem de plantas resistentes; +/P= progênie da respectiva família.

CONCLUSÕES GERAIS

Há variabilidade genética entre os acessos de meloeiro quanto à resistência à mosca-minadora.

Quatro novas fontes de resistência à mosca-minadora em meloeiro foram identificadas: CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077 (com antixenose) e CNPH 00-915(R) e BAGMEL 56(R) (com antibiose).

Linhagens resistentes à mosca-minadora foram obtidas a partir das respectivas progênies de cada fonte de resistência com antibiose.

A resistência da fonte BAGMEL 56(R) é condicionada por um gene com dominância completa; o símbolo *Ls* foi sugerido para representar esse novo gene.

Embora tenha sido obtida uma linhagem resistente a partir da fonte CNPH 00-915(R), não foi possível determinar o controle genético dessa fonte de resistência.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Resistência genética é uma estratégia promissora para controlar mosca-minadora em melão. Para tanto, as fontes de resistência obtidas nesse trabalho contribuirão para os avanços na estruturação de programa de melhoramento genético de meloeiro visando resistência à mosca-minadora. Como a resistência é específica, antes da introgressão em linhagens-elites estudos de caracterização às diferentes espécies de mosca-minadora que ocorrem no meloeiro devem ser realizados. O estudo do controle genético também deve ser realizado, uma vez que as informações advindas auxiliam o melhorista na definição do método de melhoramento genético e da estratégia de seleção mais adequados.

Outros estudos com marcadores moleculares ou QTL associados à resistência à resistência e a investigação dos mecanismos de defesa responsáveis pela resistência são importantes, pois permitem a seleção assistida por marcador molecular e por bio-marcadores. Essas ferramentas são complementares à seleção fenotípica e, possibilitam a piramidação de alelos favoráveis em um mesmo genótipo, principalmente porque um mesmo fenótipo pode ser devido a distintos mecanismos de defesa.

O alelo de resistência com dominância completa da fonte BAGMEL 56(R) facilitará a introgressão da resistência, por apresentar herança simples e ser facilmente observada fenotipicamente. Além disso, essa fonte ainda apresenta características agrônômicas favoráveis: boa cobertura de folha, alta produção, resistência a oídio e boa qualidade de fruto. Desse modo, métodos de melhoramento genético menos sofisticados, como o SSD (Single Seed Descent) e retrocruzamento, são indicados para introgressão dessa resistência à *L. sativae*, sobretudo em melões do tipo Charentais. Por outro lado, para a linhagem A915.34.01.08 métodos de melhoramento genético mais complexos deverão ser utilizados, pois além da herança ser mais complexa, a fonte apresenta algumas características agrônômicas indesejáveis, como suscetibilidade a doenças, ciclo muito precoce e frutos com cracking durante o amadurecimento.

De modo geral, a metodologia de avaliação para seleção de fontes promissoras pode apresentar limitações. Experimentos de laboratório, com plantas jovens, podem revelar resultados contraditórios aos conduzidos em campo ou em casa de vegetação. Nesse trabalho, a certeza de indicar as fontes de resistência foi garantida pela grande quantidade de experimentos, nos distintos ambientes. Portanto, metodologias de avaliação mais eficazes e eficientes devem ser desenvolvidas, com o intuito de reduzir a quantidade de experimentos e, por conseguinte, recursos dispensados.

A disponibilidade de fontes de resistência no germoplasma configura apenas no primeiro passo, sendo necessário introgridir os genes de resistência em linhagens-elites e, por conseguinte, em híbridos comerciais. Vale ressaltar ainda que a resistência genética a insetos deve ser usada em conjunto com outros métodos de controle, como o controle biológico e cultural, além do uso correto do controle químico seletivo. A combinação desses métodos tem efeitos adicionais ao método de resistência de planta, diminuindo a possibilidade de quebra da resistência pelo inseto e impedindo a rápida evolução das populações da praga.

Por fim, a perspectiva é que essas fontes de resistência sejam disponibilizadas aos produtores de melão em cultivares com boas características agronômicas e resistente à *L. sativae*, possibilitando um sistema de produção sustentável, com alta produtividade e competitividade.

APÊNDICE

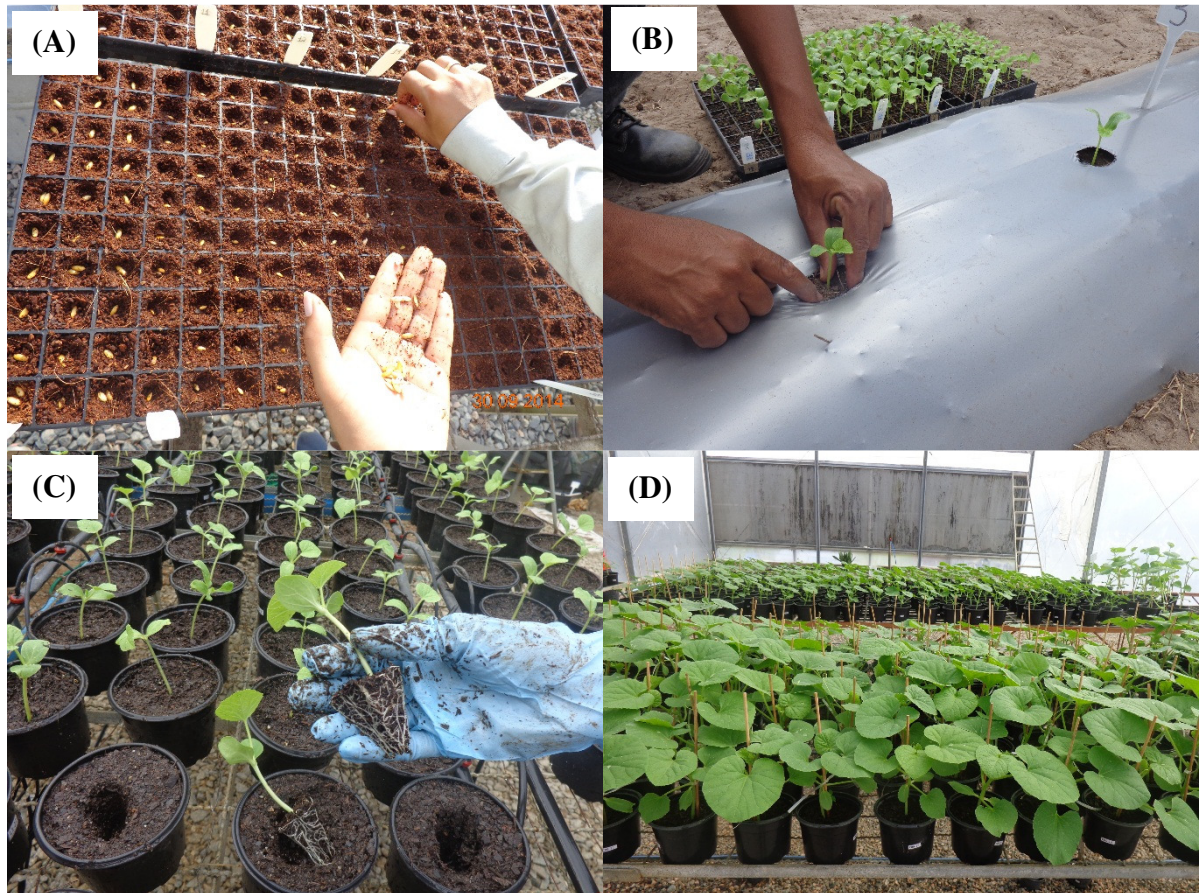


Figura 1. Obtenção da plantas: (A) Semeio dos genótipos; (B) Transplântio em campo; (C) Transplântio em vaso; (D) Plantas jovens em vaso.

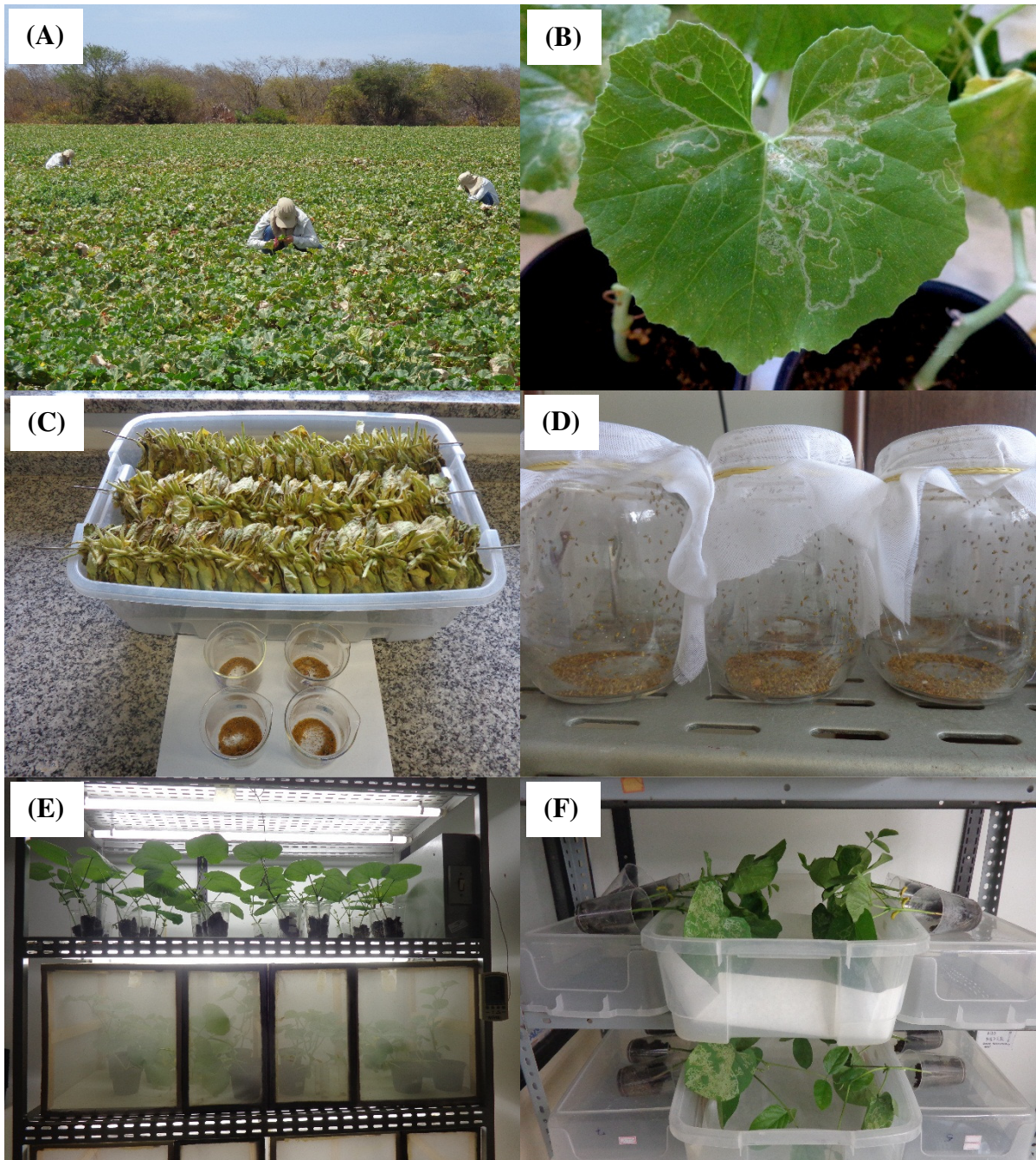


Figura 2. Obtenção e manutenção dos insetos: (A) Coleta de folhas com larvas de mosca-minadora em área de produção; (B) Folha com larvas; (C) Condicionamento das folhas até a coleta de pupas; (D) Moscas adultas; (E) Sala de criação; (F) Multiplicação do inseto em feijão de porco.

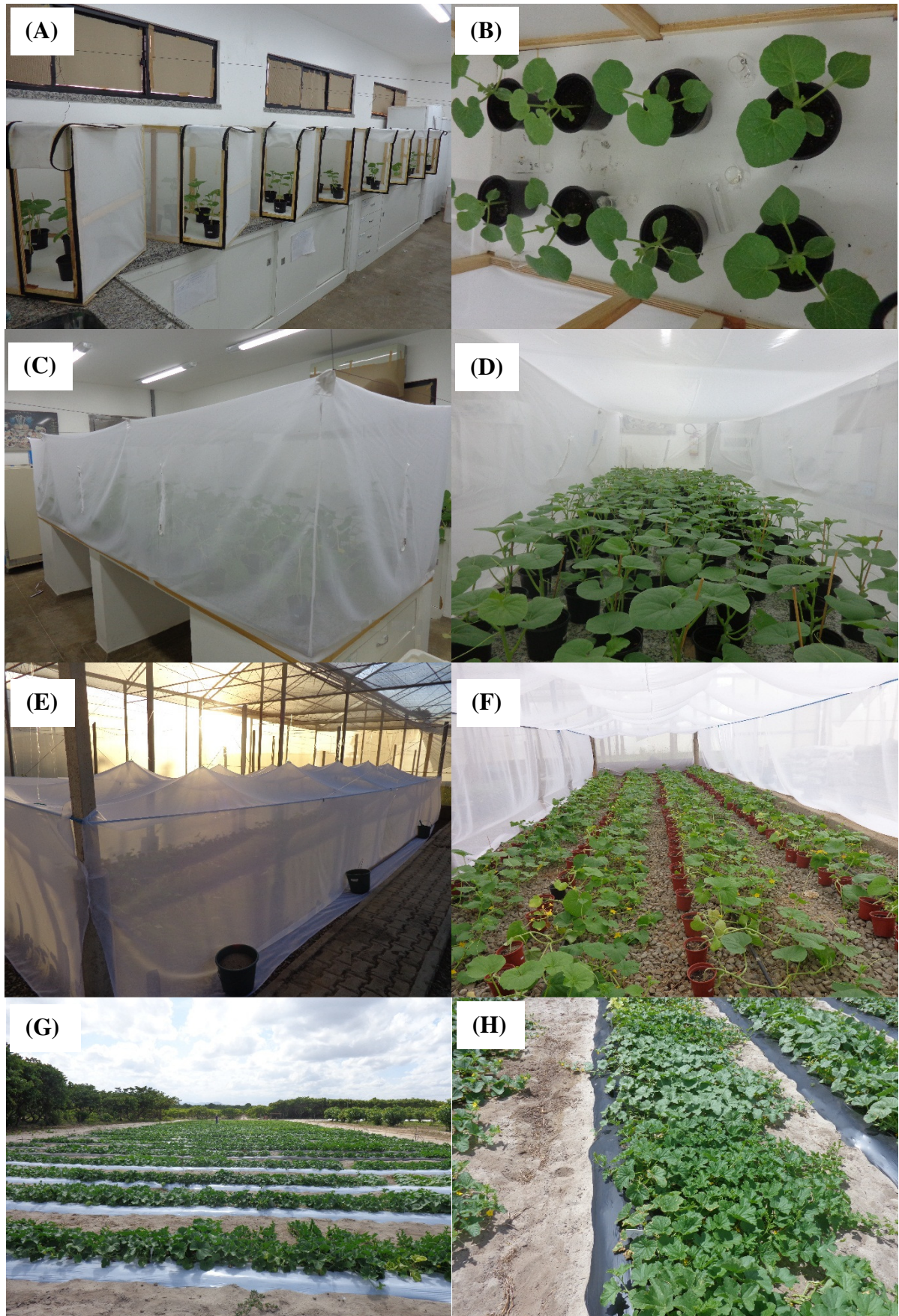


Figura 3. (A) e (B) Experimento em laboratório, sem escolha; (C) e (D) Experimento em laboratório, com escolha; (E) e (F) Experimento em casa de vegetação, com escolha; (G) e (H) Experimento em campo, com escolha.

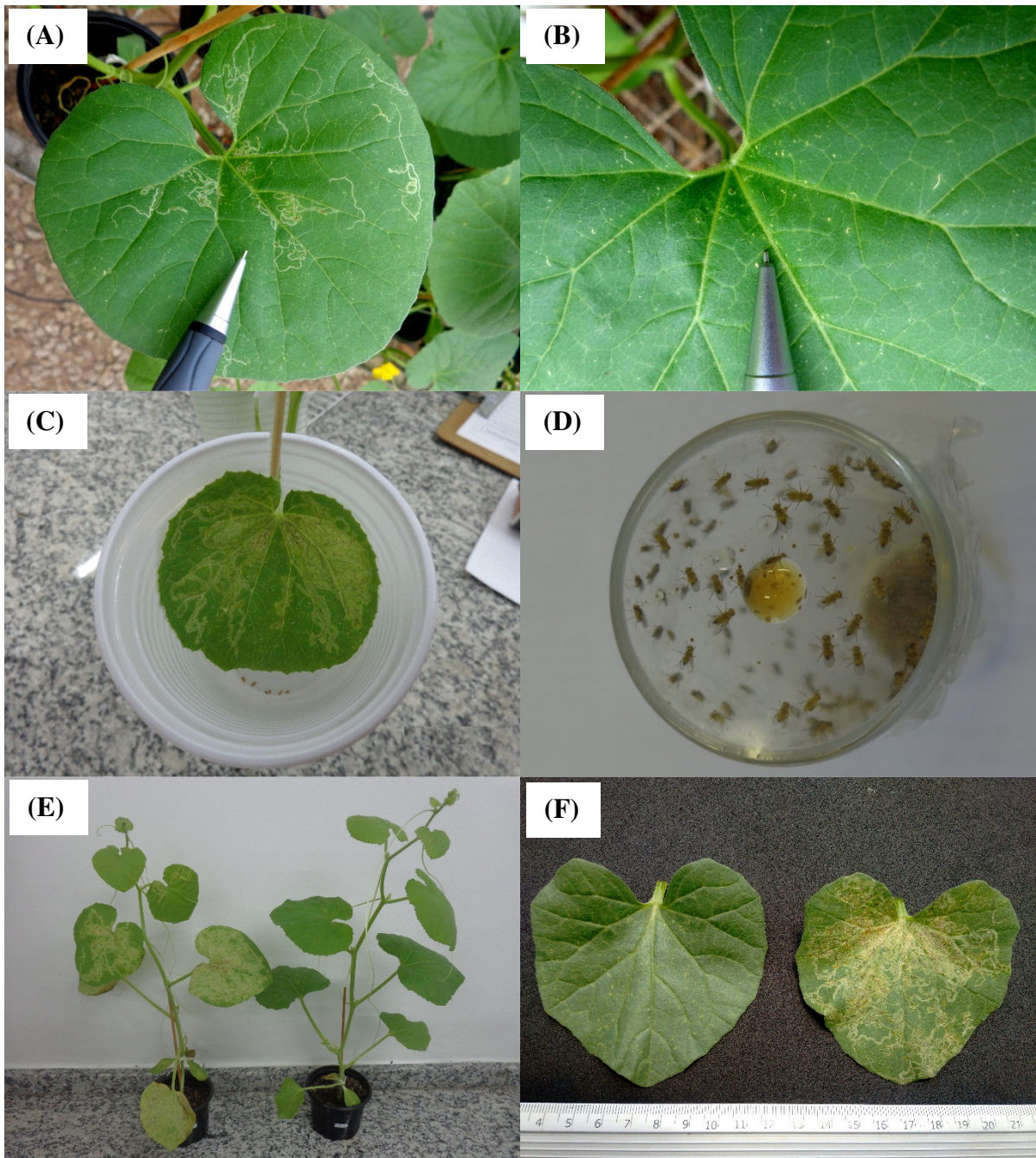


Figura 4. (A) Folha com larva com desenvolvimento normal, planta suscetível; (B) Folha com larva mortas no início do desenvolvimento larval, plantas resistentes; (C) Coleta de pupas; (D) Adultos condicionados em tubo de ensaio para quantificação; (E) e (F) Progênes resistentes e suscetíveis do acesso BAGMEL 56(R) e CNPH 00-915(R), respectivamente.

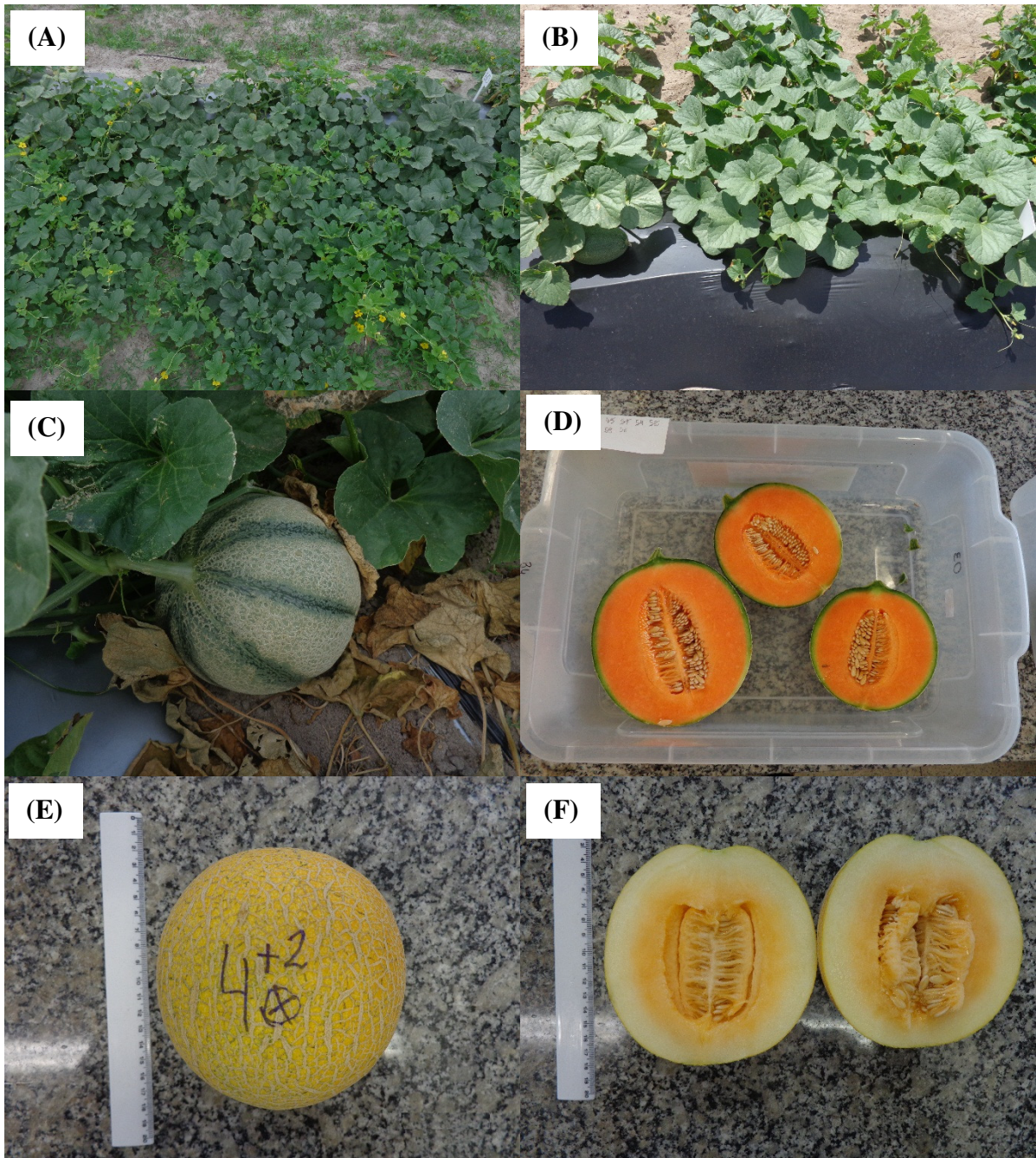


Figura 5. (A) e (B) Progênes resistentes do acesso BAGMEL 56(R) e CNPH 00-915(R), respectivamente. (C) e (D) Frutos do acesso BAGMEL 56(R); (E) e (F) Frutos do acesso CNPH 00-915(R).