



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ**  
**CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS**  
**DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA**  
**GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

**ARTHUR BRUNO DA SILVA LIMA**

**CONTROLE GENÉTICO DA RESISTÊNCIA À MOSCA-MINADORA (*Liriomyza*  
*sativae*) NA LINHAGEM DE MELOEIRO EATMEL 20230013**

**FORTALEZA**

**2026**

ARTHUR BRUNO DA SILVA LIMA

CONTROLE GENÉTICO DA RESISTÊNCIA À MOSCA-MINADORA (*Liriomyza sativae*)  
NA LINHAGEM DE MELOEIRO EATMEL 20230013

Trabalho de conclusão de curso apresentado ao Curso de Graduação em Agronomia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de Bacharel em Agronomia.

Orientadora: Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Renata Fernandes de Matos.

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

FORTALEZA

2026

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
Universidade Federal do Ceará  
Sistema de Bibliotecas  
Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

---

- L696c Lima, Arthur Bruno da Silva.  
Controle genético da resistência à mosca-minadora (*Liriomyza sativae*) na linhagem de meloeiro EATMEL 20230013 / Arthur Bruno da Silva Lima. – 2026.  
39 f. : il. color.
- Trabalho de Conclusão de Curso (graduação) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias, Curso de Agronomia, Fortaleza, 2026.  
Orientação: Profa. Dra. Renata Fernandes de Matos.  
Coorientação: Prof. Dr. Fernando Antonio Souza de Aragão.
1. Cucumis melo L.. 2. Herança genética. 3. Antibiose. 4. Resistência de plantas a insetos. I. Título.  
CDD 630
-

ARTHUR BRUNO DA SILVA LIMA

CONTROLE GENÉTICO DA RESISTÊNCIA À MOSCA-MINADORA (*Liriomyza sativae*)  
NA LINHAGEM DE MELOEIRO EATMEL 20230013

Trabalho de conclusão de curso apresentado ao  
Curso de Graduação em Agronomia do Centro  
de Ciências Agrárias da Universidade Federal  
do Ceará, como requisito parcial à obtenção do  
título de Bacharel em Agronomia.

Aprovado em: 19/01/2026.

BANCA EXAMINADORA

---

Prof<sup>ª</sup>. Dr<sup>ª</sup>. Renata Fernandes de Matos (Orientadora)  
Universidade Federal do Ceará (UFC)

---

Prof. Dr. Fernando Antonio Souza de Aragão (Coorientador)  
Embrapa Agroindústria Tropical / UNILAB

---

Dr<sup>ª</sup>. Ariana Veras de Araújo  
Embrapa Agroindústria Tropical / FUNCAP

---

Dr<sup>ª</sup>. Arlene Santisteban Campos  
Embrapa Agroindústria Tropical / CENA-USP/CNPq

À Deus.

À minha família e amigos.

## AGRADECIMENTOS

À Deus, pelo dom da vida, tudo o que conquistei e pela oportunidade de desenvolver esse trabalho.

À minha família, por ser a minha base e apoio, pelo esforço, sacrifícios e por sempre acreditarem no meu sucesso, em especial aos meus avós Elizeuda e João, minha tia Michelle, meus pais Gilson e Sarah, minhas irmãs Samira e Sophia e minha filha Pipoca.

Às minhas melhores amigas e confidentes que me acompanharam desde o início dessa jornada e que vou levar para sempre no meu coração, Kessia Sinara e Nayla Fernandes, por todos os momentos, conselhos, conversas e aventuras durante a graduação, muito obrigado por tudo.

Aos amigos incríveis que conheci ao longo do curso e compartilhei muitos momentos inesquecíveis, Larissa, Ray, Sávio, Danilo, Guilherme, Milton, Isadora, Benedito, Felipe, Juan, Juliane, Karolayne, Lailla e tantos outros, pelo companheirismo e todo apoio.

Aos professores, Carmem Dolores, João Luiz, Arlete Soares, Ítalo Coutinho e Gabrielen Dias, pelas oportunidades a mim concedidas e por contribuírem com o meu crescimento pessoal e profissional.

Aos colegas dos laboratórios de Fitopatologia e de Fisiologia Vegetal da UFC que tive a honra de conhecer, Bruno Café, Isabelle Abreu, Rogério, Pâmela e Isabelle Pereira.

À Universidade Federal do Ceará pela oportunidade de cursar esse curso que tanto amo e por todo o amparo durante a graduação.

Aos meus colegas do Laboratório de Melhoramento e Recursos Genéticos Vegetais da Embrapa, Karla Nascimento, Matheus, Marcelo, Nicole, Vitor, Erihan, Terezinha e Sullivan por todos os momentos juntos.

Às colegas que pude conhecer na Embrapa e que sempre me auxiliaram quando precisei, Lilian, Márcia Régia e Francisca.

À Embrapa Agroindústria Tropical pela estrutura e todo apoio.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo fomento por mais de dois anos de bolsa de iniciação científica.

Ao Prof. Dr. Fernando Antonio Souza de Aragão, por toda a orientação, histórias, conselhos e todo apoio durante meu período na Embrapa, muito obrigado por ter me aceitado como orientado.

À Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Renata Fernandes de Matos, por ter aceitado o convite para ser minha orientadora pedagógica no desenvolvimento deste trabalho, todo o conhecimento passado, auxílio e gentileza.

À Dr<sup>a</sup>. Ariana Veras, pela participação na banca avaliadora, todas as contribuições ao trabalho, conversas descontraídas, conselhos e todo conhecimento passado durante a nossa convivência na Embrapa.

À Dr<sup>a</sup>. Arlene Santisteban, por todas as contribuições dadas ao trabalho e por sempre se mostrar solícita quando precisei.

A mim mesmo, por toda resiliência durante os quase seis anos de graduação e por sempre ser otimista não importando a situação.

“O homem é parte da natureza e a sua guerra contra ela é, inevitavelmente, uma guerra contra si mesmo.” (Rachel Carson, 1962)

## RESUMO

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma cultura com elevada importância socioeconômica no mundo e no Brasil, com destaque para a região Nordeste. Entretanto, a olerícola é afetada pelo ataque da mosca-minadora (*Liriomyza* spp.), praga-chave da cultura, que forma minas no tecido foliar, reduz a área fotossintética e compromete o desempenho produtivo. Nesse contexto, o uso de cultivares resistentes destaca-se como uma estratégia sustentável, sendo fundamental o esclarecimento da herança genética dessa característica. Assim, o presente trabalho teve como objetivo elucidar o controle genético da resistência à mosca-minadora (*Liriomyza sativae*) na linhagem de meloeiro EATMEL 20230013. O experimento foi conduzido na Embrapa Agroindústria Tropical, em condições de laboratório e campo. Com o cruzamento entre P<sub>1</sub> e P<sub>2</sub>, obteve-se a geração F<sub>1</sub>, da qual foram derivadas a geração F<sub>2</sub>, por autofecundação, e os retrocruzamentos RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>, realizados com os genitores resistente e suscetível, respectivamente. As avaliações quanto à resistência à mosca-minadora em condições de infestação artificial e infestação natural foram feitas nas plantas obtidas de cada família da população. Em laboratório, a resistência foi avaliada com base na viabilidade larval, utilizando-se uma escala ordinal de notas para classificação da resistência por antibiose, além disso, calculou-se a relação minas por planta e viabilidade pupal, esta última apenas nas plantas com suscetibilidade. Em campo, a resistência foi estimada por meio de uma escala de notas baseada na porcentagem de folhas com minas. A partir dos dados obtidos, calculou-se a proporção de plantas resistentes e suscetíveis para as famílias da população que apresentaram segregação fenotípica, F<sub>2</sub> e RC<sub>2</sub>, tanto em laboratório quanto em campo. Com base no padrão de segregação observado, foi proposto um modelo genético esperado para a segregação do gene de resistência. As proporções de plantas resistentes e suscetíveis observadas nas gerações foram comparadas às proporções esperadas por meio do teste do Qui-quadrado, ao nível de 5% de significância. Os resultados demonstraram que todas as plantas do genitor resistente P<sub>1</sub>, da geração F<sub>1</sub> e do retrocruzamento RC<sub>1</sub> apresentaram resistência, caracterizada por viabilidade larval nula e menor relação minas por planta, enquanto o genitor suscetível P<sub>2</sub> apresentou 100% de plantas suscetíveis. Na geração F<sub>2</sub> e no retrocruzamento RC<sub>2</sub>, observou-se segregação fenotípica compatível com as proporções 3:1 e 1:1, respectivamente, tanto em condições de laboratório quanto de campo, sem diferença estatística entre os modelos observado e esperado. Esses resultados evidenciam que o controle genético da resistência à *L. sativae* do tipo antibiose na linhagem de meloeiro EATMEL 20230013 foi explicado por um modelo de dominância

completa de um gene composto por dois alelos, o qual condiciona a expressão da resistência na descendência.

**Palavras-chave:** *Cucumis melo* L.; herança genética; antibiose; resistência de plantas a insetos.

## ABSTRACT

The melon (*Cucumis melo* L.) is a crop of high socioeconomic importance worldwide and in Brazil, particularly in the Northeast region. However, this vegetable crop is affected by the leafminer (*Liriomyza* spp.), a key pest that forms mines in the leaf tissue, reduces the photosynthetic area, and compromises yield performance. In this context, the use of resistant cultivars stands out as a sustainable strategy, making it essential to clarify the genetic inheritance of this trait. Thus, the present study aimed to elucidate the genetic control of resistance to the leafminer (*Liriomyza sativae*) in the melon line EATMEL 20230013. The experiment was conducted at Embrapa Agroindústria Tropical under laboratory and field conditions. From the cross between P<sub>1</sub> and P<sub>2</sub>, the F<sub>1</sub> generation was obtained, from which the F<sub>2</sub> generation was derived by self-fertilization, along with backcrosses RC<sub>1</sub> and RC<sub>2</sub>, performed with the resistant and susceptible parents, respectively. Resistance to the leafminer under artificial and natural infestation conditions was evaluated in plants from each family of the population. In the laboratory, resistance was assessed based on larval viability using an ordinal scale to classify antibiosis resistance, additionally, the mines-per-plant ratio and pupal viability were calculated, the latter only for susceptible plants. In the field, resistance was estimated using a scoring scale based on the percentage of leaves with mines. Based on the data obtained, the proportion of resistant and susceptible plants was calculated for the population families that showed phenotypic segregation, F<sub>2</sub> and RC<sub>2</sub>, in both laboratory and field settings. Based on the observed segregation patterns, an expected genetic model for the resistance gene segregation was proposed. The observed proportions of resistant and susceptible plants across generations were compared to the expected proportions using the Chi-square test at a 5% significance level. The results demonstrated that all plants from the resistant parent P<sub>1</sub>, the F<sub>1</sub> generation and the RC<sub>1</sub> backcross exhibited resistance, characterized by zero larval viability and a lower mines-per-plant ratio, while the susceptible parent P<sub>2</sub> showed 100% susceptible plants. In the F<sub>2</sub> generation and the RC<sub>2</sub> backcross, phenotypic segregation was observed to be compatible with 3:1 and 1:1 ratios, respectively, under both laboratory and field conditions, with no statistical difference between the observed and expected models. These results indicate that a model of complete dominance of a single gene explains the genetic control of antibiosis-type resistance to *L. sativae* in the melon line EATMEL 20230013 with two alleles, which conditions the expression of resistance in the offspring.

**Keywords:** *Cucumis melo* L.; genetic inheritance; antibiosis; insect resistance in plants.

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Laboratório de Melhoramento e Recursos Genéticos Vegetais (A) e Campo Experimental de Pacajus (B).....	22
Figura 2	Esquema dos cruzamentos usados na obtenção da população.....	23
Figura 3	Plantas de feijão-de-porco ( <i>C. ensiformes</i> ) com puncturas decorrentes da infestação por adultos de <i>L. sativae</i> (A) e utilizadas como hospedeiras alternativas visando o aumento da população de insetos (B).....	25
Figura 4	Semeadura em bandeja (A); plântulas transplantadas em vasos após 10 dias de plantio (B) e plantas desenvolvidas com cerca de 22 dias após semeadura (C).....	26
Figura 5	Gaiola usada na infestação das plantas de meloeiro em laboratório (A); plantas dispostas dentro da gaiola (B) e plantas com copos plásticos nas folhas com larvas em desenvolvimento (C).....	26
Figura 6	Transplântio dez dias após a semeadura (A), disposição das plantas a partir dos camaleões (B), avaliação quanto à resistência (C) e plantas suscetíveis ao final do ciclo (D).....	28
Figura 7	Plantas cultivadas em campo com a presença de minas nas folhas.....	29

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Reação de resistência à mosca-minadora ( <i>L. sativae</i> ) em gerações obtidas a partir do cruzamento entre os genótipos de meloeiro resistente (EATMEL 20230013 – P <sub>1</sub> ) e suscetível (EHMEL 200910 – P <sub>2</sub> ), avaliados em gaiola.....	30
Tabela 2	Classificação da reação de resistência (resistente ou suscetível) em gaiola, com base da viabilidade larval (VL%) da mosca-minadora ( <i>L. sativae</i> ) em meloeiros obtidos a partir do cruzamento entre o genótipo resistente (EATMEL 20230013 – P <sub>1</sub> ) e o suscetível (EHMEL 200910 – P <sub>2</sub> ).....	31
Tabela 3	Viabilidade larval (VL%) e pupal (VP%) da reação de resistência em gaiola, de meloeiros suscetíveis à mosca-minadora ( <i>L. sativae</i> ), obtidos a partir do cruzamento entre os genótipos EATMEL 20230013 (P <sub>1</sub> – resistente) e EHMEL 200910 (P <sub>2</sub> – suscetível).....	32
Tabela 4	Teste do modelo proposto (um gene com dois alelos e relação de dominância completa) para avaliação da reação de resistência à mosca-minadora ( <i>L. sativae</i> ), em gaiola, em meloeiros obtidos a partir do cruzamento entre os genótipos EATMEL 20230013 (P <sub>1</sub> – resistente) e EHMEL 200910 (P <sub>2</sub> – suscetível).....	32
Tabela 5	Teste do modelo proposto (um gene com dois alelos e relação de dominância completa) para avaliação da reação de resistência de meloeiros à mosca-minadora ( <i>L. sativae</i> ), em condições de campo, obtidos a partir do cruzamento entre o genótipo resistente (EATMEL 20230013 – P <sub>1</sub> ) e o suscetível (EHMEL 200910 – P <sub>2</sub> ).....	33

## LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

°Brix	Teor de Sólidos Solúveis
Ad	Adulto
AGROFIT	Sistema de Agrotóxicos Fitossanitários
cm	Centímetro
COVs	Compostos Orgânicos Voláteis
DNA	Ácido Desoxirribonucleico
EMBRAPA	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
EPPO	Organização Europeia e Mediterrânea para a Proteção das Plantas
F <sub>1</sub>	Geração filial 1
F <sub>2</sub>	Geração filial 2
FAO	Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura
g L <sup>-1</sup>	Gramas por litro
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
L	Litro
M	Minas
m	Metro
mL	Mililitro
mm	Milímetro
nA	Número de adultos
nM	Número de minas
nP	Número de pupas
P <sub>1</sub>	Parental 1
P <sub>2</sub>	Parental 2
Pl	Planta
Pu	Pupa
RC <sub>1</sub>	Retrocruzamento 1
RC <sub>2</sub>	Retrocruzamento 2
VL	Viabilidade larval
VP	Viabilidade pupal

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO.....</b>	<b>14</b>
<b>2</b>	<b>REVISÃO DE LITERATURA .....</b>	<b>16</b>
<b>2.1</b>	<b>A cultura do melão .....</b>	<b>16</b>
<b>2.2</b>	<b>Mosca-minadora .....</b>	<b>17</b>
<b>2.3</b>	<b>Resistência de plantas a insetos .....</b>	<b>19</b>
<b>2.4</b>	<b>Estudo de herança.....</b>	<b>20</b>
<b>3</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>22</b>
<b>3.1</b>	<b>Local do experimento .....</b>	<b>22</b>
<b>3.2</b>	<b>Germoplasma .....</b>	<b>23</b>
<b>3.3</b>	<b>Obtenção da população .....</b>	<b>23</b>
<b>3.4</b>	<b>Criação das moscas-minadoras .....</b>	<b>24</b>
<b>3.5</b>	<b>Controle genético da população.....</b>	<b>25</b>
<b>3.5.1</b>	<b><i>Infestação artificial em laboratório .....</i></b>	<b>25</b>
<b>3.5.2</b>	<b><i>Infestação natural em campo .....</i></b>	<b>27</b>
<b>3.6</b>	<b>Análise estatística .....</b>	<b>28</b>
<b>4</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>30</b>
<b>4.1</b>	<b>Ensaio em laboratório .....</b>	<b>30</b>
<b>4.2</b>	<b>Validação em campo .....</b>	<b>33</b>
<b>5</b>	<b>CONCLUSÃO.....</b>	<b>34</b>
<b>6</b>	<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>35</b>

## 1 INTRODUÇÃO

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma espécie polimórfica e pertencente à ordem Cucurbitales, família Cucurbitaceae e ao gênero *Cucumis* (Nursanto et al., 2023). A cultura tem enorme importância socioeconômica, tendo sido colhidas mais de 28,2 milhões de toneladas, em 1,04 milhão de hectares, mundialmente em 2024 (FAO, 2026). No Brasil, o cultivo da olerícola impulsiona a economia local, gera empregos e movimentada a cadeia produtora, potencializando o desenvolvimento social e econômico nas regiões produtivas (Oliveira et al., 2025). Em 2024, o país colheu 816.939 toneladas do fruto, em 31.287 hectares, o quinto maior produtor mundial, com a região Nordeste responsável por 98,4% da produção nacional (IBGE, 2026).

O meloeiro, assim como outras culturas agrícolas, é suscetível a diversos problemas fitossanitários, especialmente ao ataque de pragas como pulgões, brocas, mosca-das-frutas, mosca-branca (*Bemisia tabaci* Gennadius) e, com maior destaque, a mosca-minadora (*Liriomyza* spp.), considerada praga-chave dessa cucurbitácea (Costa-Lima; Bueno; Alencar, 2013). As espécies do gênero *Liriomyza* representam o principal entrave fitossanitário da cultura (Celin et al., 2017a), pois as galerias formadas pelas larvas no tecido foliar comprometem a fotossíntese e reduzem o teor de sólidos solúveis totais (°Brix) dos frutos (Araújo et al., 2007).

O método de controle por meio de defensivos químicos é o mais utilizado no manejo da mosca-minadora no meloeiro (Ferraz; Santos; Lemos, 2020). Em casos de manejo inadequado, aplicações excessivas de inseticidas levam a maiores gastos do produtor e afetam negativamente o ambiente e a saúde humana, além de fomentarem o desenvolvimento da resistência das pragas ao controle químico (Oliveira et al., 2023). Ademais, a baixa diversidade de moléculas disponíveis para o controle de *Liriomyza* spp. em meloeiro, a maioria dos produtos à base de abamectina, também contribui com o surgimento de insetos resistentes (AGROFIT, 2026).

Estratégias de manejo de resistência são implementadas com o objetivo de reduzir as chances de aparecimento de insetos-praga resistentes, entre essas estratégias destaca-se o manejo por moderação, que se baseia na utilização de práticas que exerçam baixa pressão de seleção e no uso reduzido de inseticidas, conciliando o controle químico com outras formas de controle, como o cultural, com o uso de variedades resistentes ao ataque de pragas (Nogueira; Melville, 2020). Com relação ao uso de plantas resistentes, a resistência genética possui papel essencial na redução de perdas das culturas e na proteção do meio ambiente nas áreas cultivadas, além de não demandar habilidades ou custos adicionais aos produtores (Padmavathi; Padmaja,

2022). Por isso, torna-se fundamental o desenvolvimento de variedades de meloeiro resistentes à mosca-minadora.

A resistência de plantas a insetos pode ser classificada em constitutiva, expressa na planta, com os genes que codificam substâncias químicas e características morfológicas sendo expressos ao longo do desenvolvimento e, induzida, quando ocorre após a ação de um estímulo ou estresse, como herbivoria ou algum fator abiótico (Souza et al., 2021).

Outra forma de classificação distingue a resistência em três categorias principais: antibiose, antixenose ou não preferência e tolerância. A antibiose envolve o efeito negativo provocado pela planta resistente sobre a biologia de artrópodes herbívoros, afetando a sobrevivência, crescimento e fecundidade (Hernández et al., 2025). A antixenose trata da influência de características físicas, morfológicas e químicas de plantas com resistência sobre a alimentação, colonização e oviposição de determinado inseto. Por outro lado, a tolerância ocorre quando a planta é capaz de se recuperar do ataque de uma praga sem perdas na produção, dependendo do nível de tolerância, mesmo a planta não estando diretamente associada à biologia ou o comportamento do inseto-praga (Baldin et al., 2021).

Para o desenvolvimento de genótipos comerciais resistentes, estudos têm avaliado o germoplasma de meloeiro e identificado fontes de genes de resistência a insetos-praga (Subburaj et al., 2025; Celin et al., 2017a; Oliveira et al., 2017). No entanto, para que essas fontes possam ser efetivamente utilizadas em programas de melhoramento genético, é necessário compreender o padrão da herança dessa resistência para que se possa adotar as estratégias mais adequadas objetivando a obtenção de cultivares resistentes (Ferreira et al., 2022).

Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo elucidar o controle genético da resistência à mosca-minadora (*Liriomyza sativae*) na linhagem de meloeiro EATMEL 20230013.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 A cultura do melão

O meloeiro (*C. melo* L.) é uma planta trepadeira herbácea pertencente à família Cucurbitaceae e que apresenta, em sua estrutura, caules longos, ramificados e trepadores, que se apoiam em suportes ou no próprio solo (Oliveira et al., 2025). Suas folhas são de tamanho variável, alternadas, simples, ásperas, providas de pelos, limbo orbicular, reniforme, pentalobadas e com as margens denteadas (Hora et al., 2018). Possui flores amarelas constituídas por cinco pétalas. As flores podem ser imperfeitas (apenas um órgão sexual presente) e perfeitas ou hermafroditas (órgãos feminino e masculino presentes na mesma flor) em pontos distintos da planta (Kirkbride, 1993; Oliveira et al., 2017a; Oliveira et al., 2017b). Os frutos são bagas carnudas, com morfologia variável quanto ao tamanho e ao formato, podendo ser achatados longos ou cilíndricos. A casca pode ser lisa, ondulada ou rendilhada, com coloração branca, amarela, preta, verde ou marrom (Hora et al., 2018).

Pitrat (2016) sistematizou 19 grupos botânicos para *C. melo*: *acidulus*, *agrestis*, *ameri*, *cantalupensis*, *cassaba*, *chandalak*, *chate*, *chinensis*, *chito*, *conomon*, *dudaim*, *flexuosus*, *ibericus*, *indicus*, *inodorus*, *kachri*, *makuwa*, *momordica* e *tibish*, além de 33 subgrupos: *adjour*, *amarillo*, *ananas*, *american eastern*, *american western*, *arya*, *bargi*, *branco*, *bucharici*, *charentais*, *earl's*, *garma*, *ginmakuwa*, *hassanbey*, *honeydew*, *kanro*, *kirkagac*, *kuscular*, *maculati*, *mashhadi*, *nashi-uri*, *ogen*, *ogon*, *pele de sapo*, *prescott*, *rochet*, *saccharunus*, *seikan*, *tachmi*, *tara*, *tendral*, *yuki* e *zami*. Os melões que são cultivados pertencem aos grupos botânicos *inodorus*, que inclui frutos não-aromáticos, não-climatéricos, com casca lisa ou levemente enrugada e coloração amarela, branca ou verde-escura, e *cantalupensis*, que engloba frutos aromáticos, climatéricos, mais doces que os inodoros e com baixa conservação pós-colheita (Robinson; Decker-Walters, 1997; Aragão et al., 2019).

O centro de origem da espécie ainda não é exato, porém muitos autores consideram a África como o local onde a forma selvagem de *C. melo* se originou (Akashi et al., 2002; Al-Naggar et al., 2022), bem como a Ásia Central, com uma grande diversidade botânica encontrada na Índia, Irã, Afeganistão e na China (Sanabria-Viéron et al., 2019). As áreas especuladas como centros de origem do meloeiro são tropicais e possuem condições edafoclimáticas de regiões semiáridas, semelhantes às encontradas nos polos agrícolas da região Nordeste, o que justifica parte do sucesso do cultivo nessa região do Brasil (Oliveira et

al., 2017). Dentre estas características, tem-se as altas temperaturas, baixa umidade relativa do ar e alta luminosidade em grande parte do ano (Cavalcanti et al., 2015).

A China é o maior produtor mundial, com 14,27 milhões de toneladas colhidas em 380.800 hectares, no ano de 2024 (FAO, 2026). No mesmo ano, o Brasil ocupou a quinta posição, dentre os maiores produtores mundiais dessa olerícola, produzindo 816.939 toneladas em 31.526 hectares (IBGE, 2026).

A cultura possui grande importância econômica e social, sendo muito consumida no Brasil e tendo papel relevante na geração de empregos e renda no Semiárido brasileiro. O Rio Grande do Norte é o maior produtor nacional, respondendo por cerca de 61,8% da produção nacional, equivalente a 505.212 toneladas (IBGE, 2026). Os estados de Pernambuco, Bahia, Ceará e Piauí correspondem, respectivamente, ao segundo, terceiro, quarto e quinto maiores estados produtores, e juntos foram responsáveis por 35,9% da produção brasileira da cultura em 2024. O Nordeste brasileiro foi responsável por 98,4% da produção nacional no mesmo ano, o que equivale a 803.493 toneladas do fruto colhidas em 29.844 hectares (IBGE, 2026).

A produção de melão tem aumentado nos últimos anos, porém o ataque de pragas em diferentes fases de cultivo ainda é um fator limitante, resultando em perdas consideráveis de produção, inclusive favorecendo a proliferação de doenças, devido aos danos causados por pragas secundárias e pragas-chave, como a mosca-branca (*Bemisia tabaci* [Genn.] biótipo B) e a mosca-minadora (*Liriomyza* spp.) (Amorim et al., 2025).

## 2.2 Mosca-minadora

A mosca-minadora (*Liriomyza* spp.) é um inseto-praga díptero pertencente à família Agromyzidae. O gênero *Liriomyza* possui mais de 300 espécies, distribuídas amplamente no mundo, em regiões temperadas e tropicais (Parella, 1987). Indivíduos destas espécies, incluindo espécies-praga, atacam qualquer parte da planta, da raiz até o caule e vagens de plantas herbáceas e de árvores (Spencer, 1973).

Segundo Spencer (1973), as espécies de minadores mais importantes são *L. huidobrensis* Blanchard e *L. sativae* Blanchard, ambas com ampla distribuição pela América do Sul, chegando até a Califórnia e Flórida, e altamente polífagas. Estes insetos atacam uma grande variedade de culturas, incluindo plantas das famílias Cucurbitaceae, Fabaceae e Solanaceae, além de muitas espécies de plantas daninhas, como o caruru (*Amaranthus* spp.) (EPPO Global Database, 2025).

No Brasil, as espécies *L. huidobrensis* Blanchard, *L. sativae* Blanchard e *L. trifolii* Burgess, nativas das Américas, ocorrem naturalmente em quase todos os estados e atacam cerca de 14 famílias de plantas. No Semiárido nordestino, entre os estados do Rio Grande do Norte, Ceará, Bahia e Pernambuco, onde se concentra a produção nacional de melão, a mosca *Liriomyza* spp. tornou-se praga-chave da cultura devido ao manejo inadequado adotado no controle da mosca-branca (*Bemisia tabaci* biótipo B), vetor do vírus do Amarelão (Melon yellowing-associated virus - MYaV) (Costa et al., 2017), desde o final dos anos 90 e início dos anos 2000, contribuindo com a redução dos inimigos naturais da mosca-minadora e resultando no aumento populacional da praga (Guimarães et al., 2009).

Os principais danos provocados por *Liriomyza* spp. no meloeiro são a redução da área fotossintética, decorrente da alimentação das larvas no mesófilo foliar, formando galerias (Nogueira et al., 2019). Os danos podem levar a redução do teor de sólidos solúveis (°Brix), ressecamento e desfolha, o que causa a exposição dos frutos ao sol e queimaduras, e a abertura de portas de entrada para microrganismos patogênicos oportunistas (Guimarães et al., 2009).

Os adultos de *Liriomyza* spp. medem de 1 a 3 mm de comprimento, com coloração preta e manchas amarelas no escutelo (Guimarães et al., 2005). Em condições controladas, com disponibilidade de plantas hospedeiras ou fontes de carboidrato, as fêmeas podem viver de 15 a 20 dias, enquanto os machos apresentam, normalmente, menor longevidade, cerca de 10 a 15 dias (Parella, 1987). As fêmeas possuem aparelho ovipositor tubular usado para a postura dos ovos no interior das folhas e para fazer puncturas, de onde saem os exsudatos foliares consumidos na alimentação. O acasalamento ocorre nas primeiras 24 horas após a emergência dos adultos e as fêmeas podem colocar de 100 até 600 ovos ao longo da vida (Guimarães et al., 2005).

Os ovos esbranquiçados e translúcidos podem ser depositados nas superfícies abaxial e adaxial das folhas, com variação no tamanho dos ovos em relação ao tamanho das espécies. O período de desenvolvimento embrionário é dependente das variações de temperatura, com intervalo de 2 a 8 dias (Parella, 1987). As larvas começam a se alimentar imediatamente após a eclosão e continuam incessantemente até atingirem a maturidade (Webster; Parks, 1913). As espécies de *Liriomyza* spp. se alimentam em diferentes partes do mesófilo foliar (Parella, 1987), por exemplo, *L. sativae*, que se alimenta exclusivamente do parênquima paliçádico (Araújo, 2019). As pupas são ovais e pouco achatadas ventralmente, medindo cerca de 2 mm. A coloração varia de um amarelo-laranja até atingir um marrom mais escurecido, que é indicativo da emergência do adulto (Costa-Lima; Silva; Parra, 2015).

A grande capacidade reprodutiva, justificada pela natureza multivoltina, o alto nível de polifagia e o desenvolvimento rápido de resistência aos principais pesticidas de *L. huidobrensis*, *L. trifolii* e *L. sativae* justificam, em parte, o status de praga destas espécies (Reitz; Trumble, 2002). Esse cenário evidencia a necessidade do desenvolvimento de técnicas de controle que tenham menor impacto no desenvolvimento da resistência dos insetos a defensivos agrícolas. Desse modo, as variedades resistentes destacam-se como economicamente viáveis, socialmente corretas e ambientalmente sustentáveis, pois reduzem o uso de inseticidas, conferindo benefícios aos produtores, consumidores e meio ambiente (Basij et al., 2011).

### 2.3 Resistência de plantas a insetos

Desde o surgimento da agricultura, há cerca de 10 mil anos, o ser humano reconhece a necessidade de selecionar plantas mais adaptadas a condições adversas impostas por agentes bióticos e abióticos. Os primeiros registros históricos associados à diferença de susceptibilidade entre plantas ao ataque de insetos-praga foram atribuídos a Teophrastos, no século III a.C (Bastos et al., 2015). A ocorrência de plantas resistentes é decorrente das interações insetos-plantas, as quais consistem em associações evolutivas que envolvem mecanismos de sobrevivência, a seleção de genes de resistência pelas plantas e a quebra dessa resistência pelos insetos, em um processo conhecido como coevolução (Souza et al., 2021).

Uma planta resistente expressa características fenotípicas codificadas por determinados genes presentes no seu genoma e que resultam em menos injúrias e danos causados por uma ou mais espécies de insetos-praga. Tais características podem ser expressas por mecanismos físicos, químicos ou morfológicos, individualmente ou em conjunto (Boiça Júnior et al., 2017). A resistência de plantas a insetos ocorre por meio de diferentes formas: tolerância, antixenose (ou não-preferência) ou antibiose (Queiroz et al., 2020).

A tolerância é um complexo conjunto de características genéticas que permitem a planta suportar ou se recuperar do dano causado por artrópodes-praga. Por outro lado, a antixenose, ou não-preferência, envolve fatores químicos, físicos ou morfológicos que as plantas apresentam e que afetam negativamente o comportamento do artrópode, levando a uma aceitação tardia ou possível rejeição da planta como hospedeira. Já a antibiose ocorre quando a planta resistente adversamente afeta algum caractere ou traço da biologia da praga, como a sobrevivência, o desenvolvimento e/ou a fecundidade (Smith; Clement, 2012).

A resistência de plantas a insetos pode ainda ser dividida em constitutiva e indutiva, que por sua vez podem ser subdivididas em direta ou indireta (Mithöfer; Boland, 2012). A

resistência constitutiva é própria da planta e expressa independentemente do histórico prévio, não dependendo de estímulos, enquanto a resistência indutiva é aquela que ocorre apenas após uma injúria. A resistência direta trata de características das plantas com efeito direto sobre o comportamento ou a biologia dos herbívoros, já a indireta depende do seu efeito sobre os inimigos naturais (Stout, 2013).

A presença de espinhos, acúleos, alto nível de lignificação e tricomas, que funcionam como barreira física ou afetam a biologia dos insetos, são exemplos de características morfológicas relacionadas à resistência direta. Além disso, metabólitos especializados presentes em vários tecidos e que podem ser tóxicos, indigestíveis e/ou impalatáveis também atuam de forma direta. Por sua vez, a resistência indireta envolve a atração de organismos de um nível trófico superior ao dos herbívoros, como inimigos naturais. Desta forma, compostos orgânicos voláteis (COVs), principalmente terpenóides, liberados por plantas atacadas, podem atrair parasitoides ou predadores de insetos-praga (Mithöfer; Boland, 2012).

Estudos que objetivam identificar genes responsáveis por características fenotípicas de resistência a insetos em genomas de plantas silvestres, linhagens e genótipos são imprescindíveis (Boiça Júnior et al., 2017). Diante disso, Kennedy et al. (1978) descreveram duas das primeiras fontes de resistência à mosca-minadora (*L. sativae*) em genótipos selvagens de *C. melo* advindos da África e Índia. Nunes et al. (2013) avaliaram 22 acessos de melão a partir de sementes adquiridas de propriedades do Semiárido nordestino e evidenciaram duas fontes de resistência à mosca-minadora, por antibiose e antixenose. Quatro novas fontes de resistência à *L. sativae* foram identificadas em bancos de germoplasma da Embrapa, com acentuados níveis de antibiose e antixenose (Celin et al., 2017b).

Com base nisso, a introgressão de genes de resistência em cultivares comerciais que apresentem características agronômicas desejáveis, por meio de métodos convencionais de melhoramento ou biotecnologia, contribuirá para um manejo de pragas mais eficiente, seguro e sustentável em diferentes culturas, independentemente do sistema produtivo (Boiça Júnior et al., 2017).

## 2.4 Estudo de herança

A herança genética consiste na transmissão de informações genéticas à descendência por meio da transferência do DNA e pode ser estudada a partir de parâmetros genéticos envolvendo populações segregantes (Baldissera et al., 2014). As gerações segregantes permitem a obtenção de estimativas relacionadas a parâmetros genéticos importantes, como herdabilidade,

epistasia, aditividade, dominância, sobredominância, heterose e o número estimado de genes (Leffel; Weiss, 1958; Baldissera et al., 2014).

Uma população segregante pode ser obtida por meio de cruzamentos controlados entre genitores (parentais) homocigotos contrastantes em relação a uma ou mais características, originando híbridos F<sub>1</sub>, que são heterocigotos e uniformes. Por meio de autofecundações, podem ser geradas sucessivas gerações segregantes até alcançar linhagens em homocigose e, por meio de cruzamentos com os próprios parentais formam as gerações de retrocruzamentos (RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>, respectivamente) (Ramalho et al., 1993; Baldissera et al., 2014). Com essa estrutura populacional é possível elucidar o controle genético envolvido na expressão dos genes responsáveis por determinadas características.

As características observadas em um estudo de herança podem ser quantitativas, ou seja, controladas por vários genes, possuindo herança poligênica (Ferreira et al., 2022), ou qualitativas, que possuem herança mono ou oligogênica, sendo controladas por um ou poucos genes e sofrendo menor influência do ambiente, o que facilita estudos com a hibridização em programas de melhoramento (Nascimento et al., 2019). Elucidar o tipo de ação e expressão gênica envolvida na herança de uma característica contribui para a escolha das estratégias de seleção e dos métodos de melhoramento a serem adotados (Al-Naggar et al., 2022).

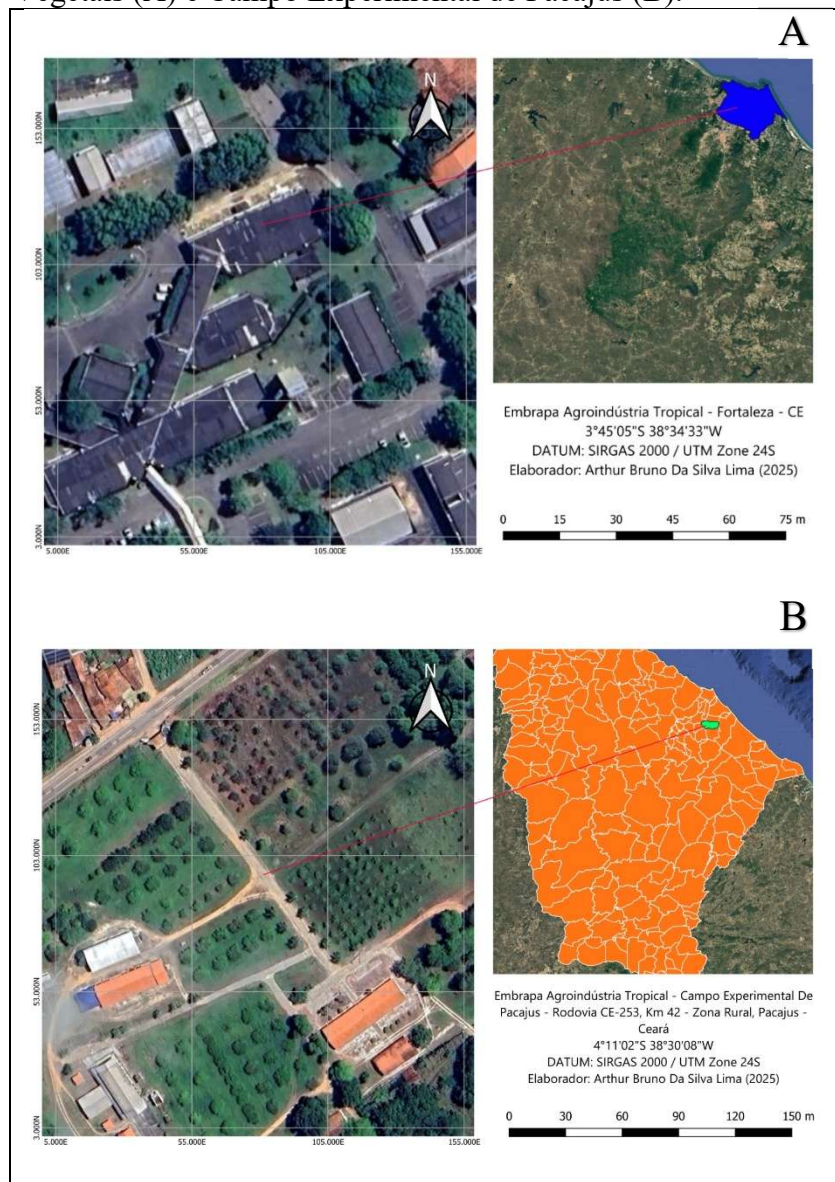
Pesquisas têm sido conduzidas com o intuito de determinar quais ações gênicas e efeitos genéticos estão atrelados à herança da resistência a *Liriomyza* spp. em meloeiro. Foi demonstrado que a resistência à *L. trifolii* na variedade de melão Nantais Oblong é controlada por um gene dominante (Dogimont et al., 1999). De forma semelhante, a linhagem BAGMEL 56-R possui resistência por antibiose à *L. sativae* condicionada por gene com dominância completa (Celin et al., 2017a). Um gene dominante também está envolvido na expressão da resistência a mosca-minadora na linhagem AM-RT (Ferreira et al., 2022). Ademais, Araújo et al. (2025) mostraram que a herança genética da resistência por antibiose a *L. sativae* na linhagem CNPH 94-244 envolve predominantemente efeitos aditivos, com heranças poligênica e oligogênica dentre as características avaliadas.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Local do experimento

Os experimentos foram conduzidos na Embrapa Agroindústria Tropical, nos laboratórios de Melhoramento e Recursos Genéticos Vegetais (Figura 1A) e de Entomologia, assim como em casa de vegetação, todos localizados em Fortaleza, Ceará. As validações em campo foram realizadas no Campo Experimental de Pacajus (Figura 1B), também pertencente a Embrapa, situado no município de Pacajus, CE.

Figura 1 – Laboratório de Melhoramento e Recursos Genéticos Vegetais (A) e Campo Experimental de Pacajus (B).



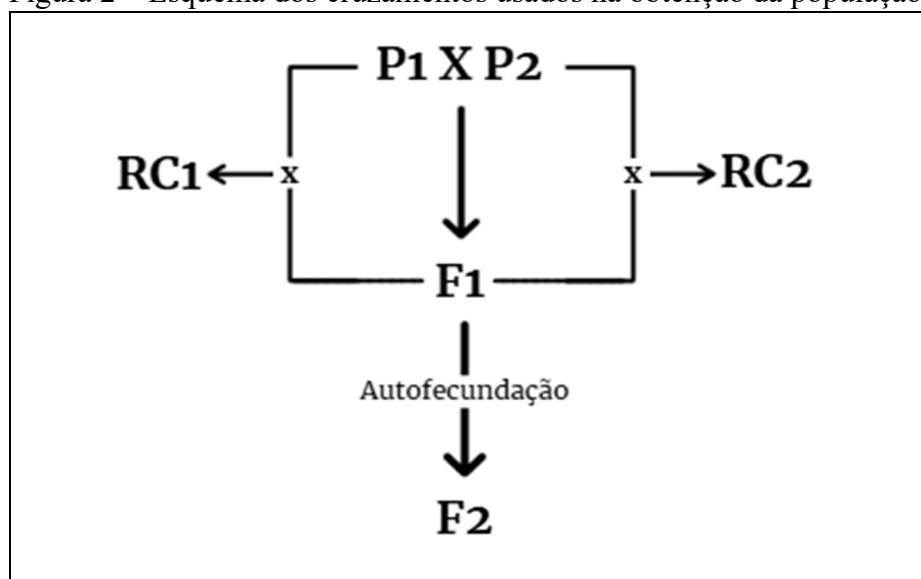
### 3.2 Germoplasma

Para estruturação da população experimental, foram utilizadas a linhagem EATMEL 20230013 e a linhagem-elite EHMEL 200910. Ambas pertencem ao grupo de melão Amarelo e são provenientes das coleções de germoplasma da Embrapa Agroindústria Tropical e da Embrapa Hortaliças, respectivamente. A linhagem EATMEL 20230013 foi selecionada como genitor resistente ( $P_1$ ), em razão do elevado nível de resistência por antibiose à *L. sativae*, que ocasiona a morte das larvas nos primeiros instares do inseto, além de expressar resistência por antixenose. Por sua vez, a linhagem-elite EHMEL 200910 foi utilizada como genitor suscetível ( $P_2$ ), devido ao seu excelente desempenho agrônomo em relação às características comerciais.

### 3.3 Obtenção da população

As famílias utilizadas no estudo de herança foram obtidas a partir do cruzamento entre a linhagem resistente à mosca-minadora EATMEL 20230013, designada como parental 1 ( $P_1$ ) e a linhagem-elite suscetível EHMEL 200910, designada parental 2 ( $P_2$ ). Desse cruzamento foi obtida a primeira geração filial ( $F_1$ ). Em seguida, uma planta da geração  $F_1$  foi autofecundada, originando a segunda geração filial ( $F_2$ ), enquanto as demais plantas foram retrocruzadas com cada um dos parentais  $P_1$  e  $P_2$ , resultando nos retrocruzamentos  $RC_1$  e  $RC_2$ , respectivamente (Figura 2).

Figura 2 – Esquema dos cruzamentos usados na obtenção da população.



Para tanto, a semeadura foi realizada em bandejas de polietileno com 200 células, preenchidas com substrato composto por pó de fibra de coco e substrato comercial Germinaplant®, na proporção de 1:1. Em cada célula foi semeada uma única semente, a aproximadamente 1,0 cm de profundidade. Após a semeadura, as bandejas foram mantidas em ambiente sem incidência de luz por um período de dois dias e, posteriormente, transferidas para a casa de vegetação, onde receberam irrigação diária. Doze dias após a semeadura, as plântulas foram transplantadas para vasos de polietileno com capacidade de 5 L, contendo areia grossa e húmus de minhoca na proporção de 5:1.

As plantas foram conduzidas verticalmente com o auxílio de tutores e submetidas à fertirrigação com aplicação semanal das soluções-estoque de macronutrientes - nitrato de cálcio, nitrato de potássio, fosfato monoamônico, sulfato de magnésio e cloreto de potássio - nas concentrações de  $183 \text{ g L}^{-1}$ ,  $95,4 \text{ g L}^{-1}$ ,  $49,6 \text{ g L}^{-1}$ ,  $85,4 \text{ g L}^{-1}$  e  $55,4 \text{ g L}^{-1}$ , respectivamente.

Adicionalmente, foi aplicado um coquetel de micronutrientes (solução de sulfato de zinco, sulfato de cobre, sulfato de manganês, ácido bórico e molibdato de sódio), com concentração total de  $21,6 \text{ g L}^{-1}$ , bem como uma solução de ferro-EDTA (sulfato ferroso, EDTA dissódico e hidróxido de sódio), com concentração total de  $160,43 \text{ g L}^{-1}$ . As soluções foram diluídas em caixa d'água com capacidade de 1000 L.

Na fase vegetativa, foi aplicado 1.650 mL das soluções de macronutrientes e 100 mL do coquetel de micronutrientes e da solução de ferro-EDTA. Na fase reprodutiva, o volume das soluções de macronutrientes foi aumentado para 2.500 mL.

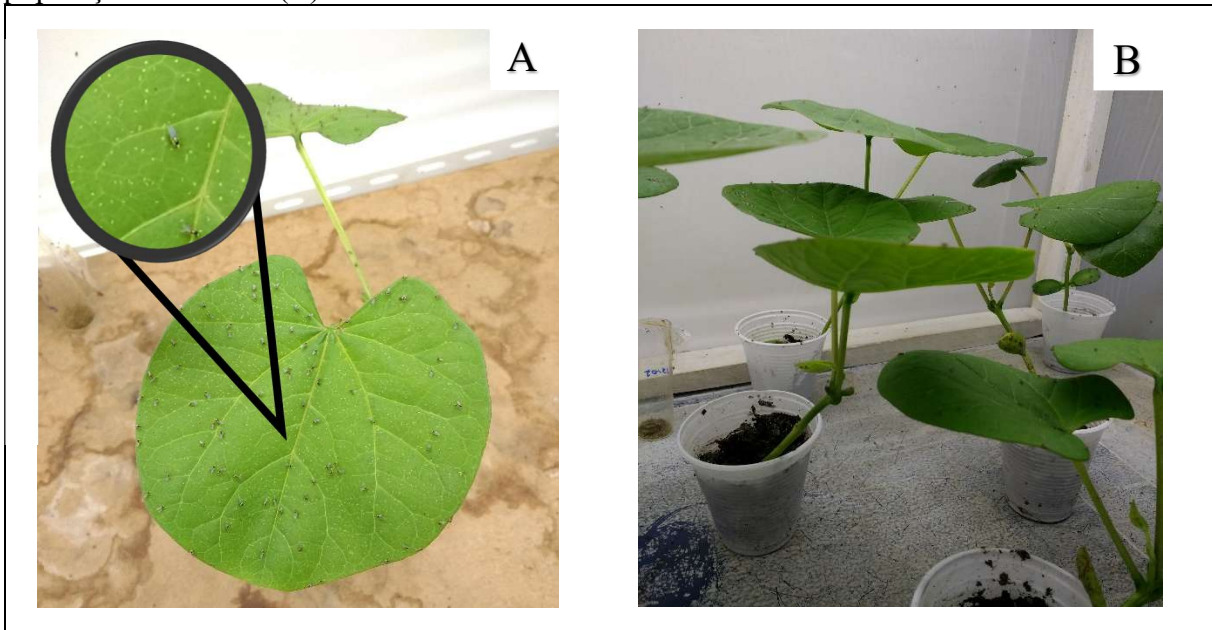
Os frutos obtidos dos cruzamentos foram colhidos e levados para o laboratório, onde permaneceram por um dia. Após esse período, foram abertos, e as sementes, retiradas e acondicionadas em copos plásticos identificados, nos quais permaneceram por 24 horas, visando à fermentação e ao desprendimento da polpa e da placenta. Por fim, as sementes foram lavadas em água corrente, secas em papel-toalha e armazenadas sob condições de baixa temperatura e umidade para posterior utilização.

### **3.4 Criação das moscas-minadoras**

Os adultos de *L. sativae* usados na infestação artificial foram provenientes de uma criação mantida no Laboratório de Entomologia, iniciada a partir da coleta de insetos no polo Jaguaribe-Açu, localizado na divisa dos estados do Ceará e Rio Grande do Norte, região caracterizada por extensas áreas produtoras de melão. Após a coleta, a espécie foi devidamente identificada, e a criação, adaptada às condições laboratoriais. Os insetos foram mantidos em

gaiolas (60 × 50 × 50 cm), revestidas com tecido *voil*, utilizando-se a leguminosa *Canavalia ensiformis* L. (feijão-de-porco) como hospedeira alternativa (Figura 3), com o objetivo de assegurar a manutenção do ciclo de vida da praga (Celin et al., 2017a; Celin et al., 2017b).

Figura 3 – Plantas de feijão-de-porco (*C. ensiformes*) com puncturas decorrentes da infestação por adultos de *L. sativae* (A) e utilizadas como hospedeiras alternativas visando o aumento da população de insetos (B).



### 3.5 Controle genético da população

#### 3.5.1 Infestação artificial em laboratório

O estabelecimento da população de meloeiro seguiu o procedimento metodológico anteriormente descrito. Dez dias após a emergência, as plântulas foram transplantadas para vasos de polietileno com capacidade de 0,3 L, preenchidos com substrato comercial Germinaplant®, húmus de minhoca e areia, na proporção de 1:1:1 (Figura 4). As plantas foram mantidas em casa de vegetação desde a sementeira até o momento da infestação, sob regime de irrigação realizado duas vezes ao dia. Nesse período, a temperatura média observada foi de 30,8 °C, e a umidade relativa do ar apresentou valor médio de 65,6%.

O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, com seis tratamentos correspondentes aos genitores P<sub>1</sub> e P<sub>2</sub>, à geração F<sub>1</sub>, à geração F<sub>2</sub> e aos retrocruzamentos RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>, utilizando-se número variável de plantas por tratamento. A infestação artificial foi realizada quando as plantas apresentavam três folhas verdadeiras

completamente expandidas, aos 22 dias após o plantio. Nessa fase, as plantas foram transferidas para o Laboratório de Melhoramento e Recursos Genéticos Vegetais e distribuídas aleatoriamente em gaiola revestida com tecido *voil*, com dimensões de 115 × 380 × 90 cm (Figuras 5A e 5B).

Figura 4 – Semeadura em bandeja (A); plântulas transplantadas em vasos após 10 dias de plantio (B) e plantas desenvolvidas com cerca de 22 dias após sementeira (C).



Figura 5 – Gaiola usada na infestação das plantas de meloeiro em laboratório (A); plantas dispostas dentro da gaiola (B) e plantas com copos plásticos nas folhas com larvas em desenvolvimento (C).



Em seguida, foram liberadas moscas adultas de *Liriomyza sativae*, com até 48 horas de idade, provenientes de criação mantida em laboratório e multiplicada em *Canavalia ensiformis* L. (feijão-de-porco), na proporção de oito insetos por planta. A gaiola permaneceu fechada por um período de 24 horas, após o qual as plantas foram retiradas e conduzidas à casa de vegetação. Durante o período de infestação, a temperatura média do laboratório foi de 26,8 °C, e a umidade relativa do ar foi de 76%.

Quatro dias após a infestação, foi quantificado o número de minas por planta (nM). Nas plantas que apresentaram larvas em desenvolvimento normal, copos plásticos foram posicionados sob as folhas para a coleta e quantificação do número de pupas (nP) e, posteriormente, do número de adultos emergidos (nA) (Figura 5C).

Com os dados coletados, calculou-se a viabilidade larval (Equação 1) e, atribuiu-se uma classificação da resistência por antibiose, a cada planta, a partir de uma escala ordinal de notas,

de 1 a 5: 1 – resistente (0% VL), 2 – moderadamente resistente (1-25% VL), 3 – intermediária (26-50% VL), 4 – moderadamente suscetível (51-75% VL) e 5 – suscetível (76-100% VL). A viabilidade pupal (Equação 2) também foi calculada, porém, apenas nas plantas suscetíveis, nas quais houve a emergência de insetos adultos.

$$VL = 100 \frac{nP}{nM} \quad (1)$$

Onde,

VL = viabilidade larval (%);

nP = número de pupas;

nM = número de minas.

$$VP = 100 \frac{nA}{nP} \quad (2)$$

Onde,

VP = viabilidade pupal (%);

nA = número de adultos;

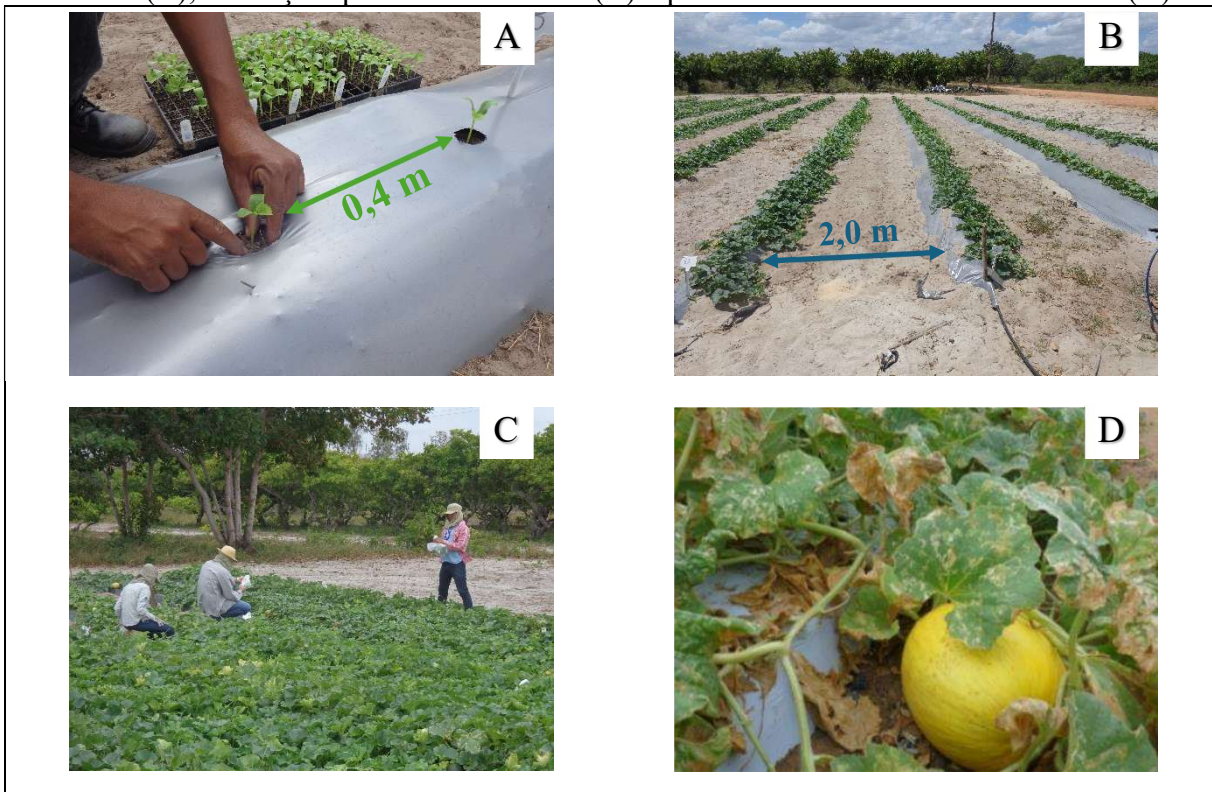
nP = número de pupas.

### 3.5.2 *Infestação natural em campo*

A infestação natural ocorreu no Campo Experimental de Pacajus (Figura 2), localizado no município de Pacajus, CE. As plantas foram distribuídas em seis tratamentos, correspondentes às famílias P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>, com número variável de plantas por tratamento. O delineamento experimental adotado foi o inteiramente casualizado.

As mudas utilizadas no ensaio foram obtidas por meio de semeadura em bandejas de polietileno com 200 células, preenchidas com pó de fibra de coco. Dez dias após a semeadura, as plântulas foram transplantadas para o campo, sob espaçamento de 2,0 m entre linhas e 0,4 m entre plantas (Figura 6). Três semanas após o transplante, os ramos das plantas foram conduzidos para fora dos camaleões. A irrigação foi realizada por gotejamento, com adubação via fertirrigação. Não foi realizado controle químico de insetos-praga, a fim de evitar a mortalidade das moscas.

Figura 6 – Transplântio dez dias após a sementeira (A); disposição das plantas a partir dos camaleões (B); avaliação quanto à resistência (C) e plantas suscetíveis ao final do ciclo (D).



Aos 41 dias após o transplântio, as plantas foram avaliadas quanto à resistência à mosca-minadora por meio de uma escala de notas subjetivas (de 1 a 5) por planta, com base na presença de minas nas folhas, na qual: 1 – ausência de minas nas folhas, 2 – 1 a 25% das folhas com minas, 3 – 26 a 50% das folhas com minas, 4 – 51 a 75% das folhas com minas e 5 – 76 a 100% das folhas com minas (Figura 7). Além disso, foi realizada a contagem de pupas por planta. Os dados obtidos forneceram informações quanto a resistência por antibiose, permitindo a classificação das plantas como resistentes (VL = 0%) ou suscetíveis (VL > 0%).

### 3.6 Análise estatística

A partir dos dados obtidos, calculou-se a proporção de plantas resistentes e suscetíveis com base nas classes de viabilidade larval (resistente = 1 e suscetível = 2, 3, 4 e 5) para cada família da população, tanto em laboratório quanto em campo. De acordo com o padrão de segregação fenotípica observado, foi proposto um modelo esperado para a segregação do gene de resistência. Com o intuito de verificar a existência, ou não, de diferença estatística, entre as proporções observadas e esperadas, utilizou-se o teste do Qui-quadrado ( $\chi^2$ ), ao nível de 5% de

significância (Dogimont et al., 1999, Celin et al., 2017b). O teste foi feito por meio do programa GENES (Cruz, 2013).

Figura 7 – Plantas cultivadas em campo com a presença de minas nas folhas.



## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Ensaio em laboratório

Todas as plantas do genitor resistente ( $P_1$ ), da primeira geração filial ( $F_1$ ) e do retrocruzamento ( $RC_1$ ) foram consideradas resistentes (Tabela 1), por apresentarem viabilidade larval nula (0%), ou seja, ausência de formação de pupas, sendo enquadrada a classe VL 1 (Tabela 2). Em contraste, as plantas do genitor suscetível ( $P_2$ ) foram consideradas suscetíveis (Tabela 1), uma vez que todas apresentaram formação de pupas, resultando em viabilidade larval superior a 0%. Não foram observadas plantas com viabilidade larval superior a 76%, correspondente à classe VL 5.

Tabela 1 – Reação de resistência à mosca-minadora (*L. sativae*) em gerações obtidas a partir do cruzamento entre os genótipos de meloeiro resistente (EATMEL 20230013 –  $P_1$ ) e suscetível (EHMEL 200910 –  $P_2$ ), avaliados em gaiola.

Família*	Geral		Resistente		Suscetível	
	PI	M/PI	PI	M/PI	PI	M/PI
$P_1$ (EATMEL 20230013)	17	1,41	17	1,41	0	-
$P_2$ (EHMEL 200910)	22	33,23	0	-	22	33,23
$F_1$	25	10,08	25	10,08	0	-
$F_2$	163	14,04	132	9,40	31	33,77
$RC_1$	44	4,34	44	4,34	0	-
$RC_2$	45	17,80	20	13,5	25	21,24

Fonte: Elaborada pelo autor.

\* $F_1$  – primeira geração filial ( $P_1 \times P_2$ );  $F_2$  – segunda geração filial ( $F_1 \times F_1$ );  $RC_1$  –  $F_1 \times P_1$ ;  $RC_2$  –  $F_1 \times P_2$ ; PI – planta; M/PI – minas por planta.

A ausência de pupários e, conseqüentemente, de adultos, no meloeiro está associada à resistência por antibiose, na qual a larva inicia a alimentação nos tecidos vegetais, porém a planta exerce efeito adverso sobre sua biologia, interrompendo o ciclo de desenvolvimento do inseto (Guimarães et al., 2009). Observou-se diferença quanto à reação de resistência nas plantas da segunda geração filial ( $F_2$ ) e do retrocruzamento ( $RC_2$ ), nos quais foram identificadas plantas resistentes e suscetíveis (Tabela 1). Estas plantas distribuíram-se nas cinco classes de viabilidade larval (VL) (Tabela 2). Nas plantas classificadas como resistentes, o número de minas por planta manteve-se igual ou inferior a 13,5, valor máximo observado para  $RC_2$ , enquanto o genitor resistente ( $P_1$ ) apresentou média de minas por planta (M/PI) de 1,41 (Tabela 1).

Tabela 2 – Classificação da reação de resistência (resistente ou suscetível) em gaiola, com base da viabilidade larval (VL%) da mosca-minadora (*L. sativae*) em meloeiros obtidos a partir do cruzamento entre o genótipo resistente (EATMEL 20230013 – P<sub>1</sub>) e o suscetível (EHMEL 200910 – P<sub>2</sub>).

Família*	Geral		Classes VL (%)					Proporção (%)	
	PI	M/PI	1	2	3	4	5	R	S
P <sub>1</sub> (EATMEL 20230013)	17	1,41	17	0	0	0	0	100,00	0,00
P <sub>2</sub> (EHMEL 200910)	22	33,23	0	10	7	5	0	0,00	100,00
F <sub>1</sub>	25	10,08	25	0	0	0	0	100,00	0,00
F <sub>2</sub>	163	14,04	132	16	4	10	1	80,98	19,02
RC <sub>1</sub>	44	4,34	44	0	0	0	0	100,00	0,00
RC <sub>2</sub>	45	17,80	20	2	15	6	2	44,44	55,56

Fonte: Elaborada pelo autor.

\*F<sub>1</sub> – primeira geração filial (P<sub>1</sub> x P<sub>2</sub>); F<sub>2</sub> – segunda geração filial (F<sub>1</sub> x F<sub>1</sub>); RC<sub>1</sub> – F<sub>1</sub> x P<sub>1</sub>; RC<sub>2</sub> – F<sub>1</sub> x P<sub>2</sub>; PI – planta; M/PI – minas por planta.

Com relação às plantas suscetíveis, os valores observados para a relação número de minas por planta foram superiores a 21,24, valor mínimo registrado para o retrocruzamento RC<sub>2</sub>, atingindo 33,77 na segunda geração filial (F<sub>2</sub>) (Tabela 1). De modo geral, considerando-se tanto plantas resistentes quanto suscetíveis, o genitor suscetível (P<sub>2</sub>) apresentou a maior média de minas por planta, enquanto o genitor resistente (P<sub>1</sub>) apresentou o menor valor (Tabela 1), corroborando a atuação de mecanismos de defesa, como a antixenose, que pode ter influenciado essa diferença. Ressalta-se que a quantidade de minas constitui um indicativo de resistência, uma vez que permite inferir menor intensidade de ataque e colonização pelo inseto, conforme relatado por Oliveira et al. (2017).

As famílias P<sub>1</sub>, F<sub>1</sub> e RC<sub>1</sub> apresentaram 100% das plantas classificadas como resistentes, com base na viabilidade larval (Tabela 2). Em contraste, todas as plantas do genitor P<sub>2</sub> foram classificadas como suscetíveis. Entretanto, observou-se segregação entre plantas resistentes e suscetíveis nas famílias F<sub>2</sub> e RC<sub>2</sub>, em proporções distintas. A segunda geração filial apresentou maior número de plantas resistentes em relação às suscetíveis, enquanto o retrocruzamento RC<sub>2</sub> resultou em uma proporção mais próxima entre plantas resistentes e suscetíveis (Tabela 2).

Entre as plantas suscetíveis, o retrocruzamento RC<sub>2</sub> apresentou os maiores valores de viabilidade larval (VL) e pupal (VP), enquanto a geração F<sub>2</sub> apresentou os menores valores observados (Tabela 3). Valores elevados desses parâmetros indicam maior susceptibilidade ao ataque e à colonização das plantas pelo inseto-praga, uma vez que o artrópode consegue completar o seu ciclo de vida com maior facilidade em comparação à colonização em plantas.

Tabela 3 – Viabilidade larval (VL%) e pupal (VP%) da reação de resistência em gaiola, de meloeiros suscetíveis à mosca-minadora (*L. sativae*), obtidos a partir do cruzamento entre os genótipos EATMEL 20230013 (P<sub>1</sub> – resistente) e EHMEL 200910 (P<sub>2</sub> – suscetível).

Família*	Geral				Suscetível					
	Pl	M/Pl	Pl	M/Pl	Pu	Ad	VL (%)		VP (%)	
P <sub>2</sub> (EHMEL 200910)	22	33,23	22	33,23	16,73	11,64	34,19	(4-64)	62,29	(0-100)
F <sub>2</sub>	163	14,04	31	33,77	15,13	11,35	33,88	(3-82)	59,75	(0-100)
RC <sub>2</sub>	45	17,80	25	21,24	12,84	9,12	47,80	(13-100)	70,50	(0-100)

Fonte: Elaborada pelo Autor.

\*F<sub>2</sub> – segunda geração filial (F<sub>1</sub> x F<sub>1</sub>); RC<sub>2</sub> – F<sub>1</sub> x P<sub>2</sub>; Pl – planta; M/Pl – minas por planta; Pu – pupa; Ad – adulto.

Não houve diferença estatística significativa, quando aplicado o teste de qui-quadrado ( $\chi^2$ ) ao nível de 5% de significância, entre as proporções esperadas e observadas de plantas resistentes e suscetíveis nas famílias F<sub>2</sub> e RC<sub>2</sub> (Tabela 4). A proporção de segregação 3:1 (três plantas resistentes para uma planta suscetível) observada na segunda geração filial evidencia uma relação de dominância controlada por apenas um único gene quanto à resistência à *L. sativae*.

Tabela 4 – Teste do modelo proposto (um gene com dois alelos e relação de dominância completa) para avaliação da reação de resistência à mosca-minadora (*L. sativae*), em gaiola, em meloeiros obtidos a partir do cruzamento entre os genótipos EATMEL 20230013 (P<sub>1</sub> – resistente) e EHMEL 200910 (P<sub>2</sub> – suscetível).

Família*	Modelo proposto (gene <i>Ls</i> )	Observada (O%)		Esperada (E%)		Teste de Qui-quadrado ( $\chi^2$ )				
		R	S	R	S	$\frac{(O - E)^2/E}{R \quad S}$		$\chi^2$	P	Conclusão
P <sub>1</sub> (EATMEL 20230013)	1 : 0	100.00	0.00	100	0					
P <sub>2</sub> (EHMEL 200910)	0 : 1	0.00	100.00	0	100					
F <sub>1</sub>	1 : 0	100.00	0.00	100	0					
F <sub>2</sub>	3 : 1	80.98	19.02	75	25	0,477	1,430	1,907 <sup>ns</sup>	0,167	Não difere.
RC <sub>1</sub>	1 : 0	100.00	0.00	100	0					
RC <sub>2</sub>	1 : 1	44.44	55.56	50	50	0,618	0,618	1,237 <sup>ns</sup>	0,266	Não difere.

Fonte: Elaborada pelo autor.

\*F<sub>1</sub> – primeira geração filial (P<sub>1</sub> x P<sub>2</sub>); F<sub>2</sub> – segunda geração filial (F<sub>1</sub> x F<sub>1</sub>); RC<sub>1</sub> – F<sub>1</sub> x P<sub>1</sub>; RC<sub>2</sub> – F<sub>1</sub> x P<sub>2</sub>; R – resistente; S – suscetível; P – probabilidade.

O mesmo padrão foi observado para o retrocruzamento RC<sub>2</sub> (F<sub>1</sub> x P<sub>2</sub>), o qual apresentou uma proporção de segregação de 1:1 (uma planta resistente para uma planta suscetível), indicativa de uma relação de dominância completa. Desse modo, a comparação entre o modelo proposto e o modelo observado demonstra que a segregação da reação de resistência é controlada por único gene, com dois alelos e relação de dominância completa. Padrão de

herança semelhante foi observado em análises de gerações realizada com outras fontes de resistência (Dogimont et al., 1999; Celin et al., 2017b).

Os resultados obtidos são compatíveis com o modelo mendeliano clássico, que descreve a herança monogênica de caracteres qualitativos, e corroboram com o padrão observado por Celin et al. (2017a), os quais elucidaram a herança genética da resistência à *L. sativae* no acesso BAGMEL-56R e descreveram o gene *Ls*, o qual consta na lista de genes de *C. melo* (Dogimont; Sari, 2022).

#### 4.2 Validação em campo

De maneira semelhante aos resultados obtidos no ensaio em laboratório, em condições de campo, as proporções esperadas e observadas de plantas resistentes e suscetíveis da segunda geração filial ( $F_2$ ) e do segundo retrocruzamento ( $RC_2$ ) não diferiram estatisticamente entre si, ao nível de 5% de significância (Tabela 5). Dessa forma, pode-se inferir que a herança da resistência à *L. sativae* é controlada por um único gene com relação de dominância completa entre seus dois alelos. Considerando a similaridade do padrão de herança observado com estudos anteriores, é possível que a resistência avaliada esteja associada ao gene *Ls*, previamente descrito por Celin et al. (2017a).

Tabela 5 – Teste do modelo proposto (um gene com dois alelos e relação de dominância completa) para avaliação da reação de resistência de meloeiros à mosca-minadora (*L. sativae*), em condições de campo, obtidos a partir do cruzamento entre o genótipo resistente (EATMEL 20230013 –  $P_1$ ) e o suscetível (EHMEL 200910 –  $P_2$ ).

Família	Modelo proposto	Observada (O)			Esperada (E)		Teste de Qui- quadrado ( $\chi^2$ )					
		Total	R	S	R	S	$\frac{(O-E)^2/E}{R}$	$\frac{(O-E)^2/E}{S}$	$\chi^2$	P	Conclusão	
$P_1$ (EATMEL 20230013)	1 : 0	21	21	0	21	0						
$P_2$ (EHMEL 200910)	0 : 1	20	0	20	0	20						
$F_1$	1 : 0	21	21	0	21	0						
$F_2$	3 : 1	164	116	48	123	41	0,398	1,195	1,593 <sup>ns</sup>	0,207	Não difere.	
$RC_1$	1 : 0	40	40	0	40	0						
$RC_2$	1 : 1	37	18	19	18,5	18,5	0,014	0,014	0,028 <sup>ns</sup>	0,869	Não difere.	

Fonte: Elaborada pelo autor.

\*/ $F_1$  – primeira geração filial ( $P_1 \times P_2$ );  $F_2$  – segunda geração filial ( $F_1 \times F_1$ );  $RC_1$  –  $F_1 \times P_1$ ;  $RC_2$  –  $F_1 \times P_2$ ; R – resistente; S – suscetível; P – probabilidade.

## 5 CONCLUSÃO

O controle genético da resistência à mosca-minadora (*L. sativae*) do tipo antibiose na linhagem de meloeiro EATMEL 20230013 foi explicado por um modelo de dominância completa de um gene composto por dois alelos, o qual condiciona a expressão da resistência na descendência.

## 6 REFERÊNCIAS

- AGROFIT. **Sistema de agrotóxicos fitossanitários**. Brasília, DF: MAPA, 2025. Disponível em: <https://agrofit.agricultura.gov.br>. Acesso em: 13 dez. 2025.
- AKASHI, Y. *et al.* Genetic variation and phylogenetic relationships in East and South Asian melons. *Cucumis melo* L. based analysis of five isozymes. **Euphytica**, v. 125, n. 1, p. 385-396, 2002.
- AL-NAGGAR, A. M. M. *et al.* Genetic parameters controlling the inheritance of glaucousness and yield traits in bread wheat. **Brazilian journal of biology**, v. 82, p. e253864, 2022.
- AMORIM, D. J. *et al.* Principais pragas e seu manejo. In: DOUSSEAU, S. *et al.* **A cultura do meloeiro**. Brazilian Journals Publicações de Periódico e Editora. São José dos Pinhais, 2025. IBGE. Produção Agropecuária. 2025. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/>. Acesso em: 15 out. 2025.
- ARAGÃO, F.A.S.; PEREIRA, E.W.L.; BOMFIM, I.G.A.; NUNES, G.H.S.; QUEIRÓZ, M.A. Descrição e classificação botânica do meloeiro. In: GUIMARÃES, M. A.; ARAGÃO, F.A.S. (Org.). **Produção de Melão**. 1ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2019, p. 63-82.
- ARAÚJO, A. V. *et al.* Genetic control of resistance to *Liriomyza sativae* by antixenosis in the melon accession CNPH 94-244. **Revista Ciência Agronômica**, v. 56, 2025.
- ARAÚJO, A. V. **Mecanismos de defesa e controle genético da resistência por antixenose à *Liriomyza sativae* em genótipos de meloeiro**. Tese de doutorado. 2019.
- ARAÚJO, E. L. *et al.* Mosca minadora associada à cultura do meloeiro no semiárido do Rio Grande do Norte. **Revista Caatinga**, v. 20, n. 3, 2007.
- BALDIN, E. L. L. *et al.* Antibiosis and antixenosis resistance of collard genotypes to *Bemisia tabaci* MEAM1 (Hemiptera: Aleyrodidae). **International Journal of Tropical Insect Science**, v. 42, n. 2, p. 1783-1793, 2021.
- BALDISSERA, J. N. C. *et al.* Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- BASIJ, M. *et al.* **Evaluation of resistance of cucumber cultivars to the vegetable leafminer (*Liriomyza sativae* Blanchard) (Diptera: Agromyzidae) in greenhouse**. 2011.
- BASTOS, C. S. *et al.* Resistência de plantas a insetos: contextualização e inserção no MIP. In: VISITTO, L. E. *et al.* **Avanços Tecnológicos Aplicados à Pesquisa na Produção Vegetal**. Viçosa, BR: UFV, p. 31-72, 2015.
- BOIÇA JÚNIOR, A.L. *et al.* **Resistência de plantas a insetos em culturas agrícolas**. In.: CASTILHO, R.C.; BARILLI, D.R.; TRUZI, C.C. (eds.) **Tópicos em Entomologia Agrícola - X**. Jaboticabal SP: Multipress, 2017. p. 97-122.
- CELIN, E. F. *et al.* New sources of resistance to leafminers (*Liriomyza sativae*) in melon (*Cucumis melo* L.) germplasm. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 2, p. 1-12,

2017a.

CELIN, E. F. et al. Simple genetic inheritance conditions resistance to *Liriomyza sativae* in melon. **Euphytica**, v. 213, n. 5, p. 101, 2017b.

COSTA, T. M. et al. Complete genome sequence of melon yellowing-associated virus from melon plants with the severe yellowing disease in Brazil. **Archives of Virology**, v. 162, n. 12, p. 3899-3901, 2017.

COSTA-LIMA, T. C. et al. **Moscas-minadoras do gênero *Liriomyza* (Diptera: Agromyzidae): aspectos taxonômicos e biologia**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2015.

COSTA-LIMA, T. C.; BUENO, V. H.P; ALENCAR, J. Ad. **Pragas do Meloeiro**. 2013. Revista Plasticultura, v. 6, n. 28, p. 8-11, jan./fev. 2013.

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.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.

CAVALCANTI, N. M. S. et al. Aspectos agronômicos do meloeiro ‘mandacaru’ cultivado em ambiente protegido sob irrigação. **Irriga**, v. 20, n. 2, p. 261-272, 2015.

DOGIMONT, C. et al. One dominant gene conferring the resistance to the leafminer, *Liriomyza trifolii* (Burgess) Diptera: Agromyzidae in melon (*Cucumis melo* L.). **Euphytica**, v. 105, n. 1, p. 63-67, 1999.

DOGIMONT, C.; SARI, N. Special Edition-2022 Gene List for Melon. **Cucurbit Genetics Cooperative Repo**, n. 45, p. 1-47, 2022.

DOUSSEAU, S. et al. **A cultura do meloeiro**. Brazilian Journals Publicações de Periódico e Editora. São José dos Pinhais, 2025.

EUROPEAN AND MEDITERRANEAN PLANT PROTECTION ORGANIZATION (EPPO). **EPPO Global Database**. Paris: EPPO, 2025. Disponível em: <https://gd.eppo.int>. Acesso em: 20 out. 2025.

FAO. **Dados sobre Alimentos e Agricultura (FAOSTAT)**. 2026. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#home>. Acesso em: 13 jan. 2026.

FERRAZ, N. M. G.; DOS SANTOS, L. M. M.; LEMOS, L. J. U. Monitoramento de mosca-minadora *Liriomyza* sp. (Diptera: Agromyzidae) em meloeiro e levantamento de seus possíveis inimigos naturais no município de Floresta, Pernambuco. **Revista Semiárido De Visu**, v. 8, n. 3, p. 501-512, 2020.

FERREIRA, K. et al. Como determinar a herdabilidade para um caráter quantitativo? **Genética na Escola**, v. 17, n. 2, p. 215-236, 2022.

FERREIRA, R. R. et al. Sources and inheritance of leafminer resistance in yellow melon accessions. **Revista Caatinga**, v. 35, p. 747-754, 2022.

GUIMARÃES, J. A. et al. Biologia e manejo de mosca minadora no meloeiro. **Embrapa Hortaliças. Circular Técnica**, v. 77, 2009.

GUIMARÃES, J. A. et al. Recomendações técnicas para o manejo da mosca-minadora no meloeiro. Embrapa Agroindústria Tropical. 2005.

HERNÁNDEZ, J. C. C. et al. Implications of Antibiosis and Antixenosis in Four Plant Species Against *Oligonychus punicae* (Trombidiformes: Tetranychidae) 1. **Journal of Entomological Science**, v. 60, n. 4, p. 699-710, 2025.

HORA, R. C.; CAMARGO JÚNIOR, O. A.; BUZANINI, A. C. Cucurbitáceas e outras. In: BRANDÃO FILHO, J. U. T.; FREITAS, P. S. L.; BERIAN, L. O. S.; GOTO, R. **Hortaliças-fruto**. Maringá, PR: Eduem, 2018. 535 p.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). **Produção Agropecuária**. IBGE, 2026. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/>. Acesso em: 13 jan. 2026.

KENNEDY, G. G. et al. Leafminer Resistance in Muskmelon. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 103, n. 5, p. 571-574, 1978.

KIRKBRIDE, J. H. **Biosystematic monograph of the genus *Cucumis* (Cucurbitaceae): botanical identification of cucumbers and melons**. Parkway Publishers, Inc., 1993.

LEFFEL, R.C.; WEISS, M.G. **Analysis of diallel crosses among ten varieties of soybeans**. Agronomy Journal, Madison, v.50, p.528-534, 1958.

MITHÖFER, A.; BOLAND, W. Plant defense against herbivores: chemical aspects. **Annual review of plant biology**, v. 63, n. 1, p. 431-450, 2012.

NASCIMENTO, A. L. et al. Inheritance of leaf color in papaya. **Crop breeding and applied biotechnology**, v. 19, n. 2, p. 161-168, 2019.

NOGUEIRA, C. H. F. et al. Método de amostragem larval de *Liriomyza sativae* Blanchard (Diptera: Agromyzidae) em meloeiro. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, v. 9, n. 1, p. 75-79, 2019.

NOGUEIRA, L.; MELVILLE, C.C. Insetos e ácaros: Resistência a pesticidas e estratégias de manejo. **Revista Agrotecnologia-Agrotec**, v. 11, n. 1, p. 68-74, 2020.

NUNES, G. H. S. et al. Resistência de acessos de meloeiro à mosca-minadora *Liriomyza* spp. (Diptera: Agromyzidae). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 35, p. 746-754, 2013.

NURSANTO, E. et al. Enhancing Post-Mining Lands' Value through Sustainable Melon Cultivation: A Hydroponic Approach. In: **IOP Conference Series: Earth and Environmental Science**. IOP Publishing, 2023. p. 012005.

OLIVEIRA, F. I. C.; GRANGEIRO, L. C.; NEGREIROS, M. Z.; NUNES, G. H. S.; ARAGÃO, F. A. S. Sistema de produção de melão no polo agrícola Jaguaribe-Açu. In: FIGUEIRÊDO, M. C. B. DE; GONDIM, R. S.; ARAGÃO, F. A. S. (Ed.). **Produção de melão e mudanças climáticas: sistemas conservacionistas de cultivo para redução das pegadas de carbono e hídrica**. Brasília, DF: Embrapa, 2017b. p. 45-76.

OLIVEIRA, F. I. C.; NUNES, A. C.; SILVA, F. D.; SILVA, G. T. M. A. ARAGÃO, F. A. S. A cultura do melão. In: FIGUEIRÊDO, M. C. B. de; GONDIM, R. S.; ARAGÃO, F. A. S. de (Ed.). **Produção de melão e mudanças climáticas: sistemas conservacionistas de cultivo para redução das pegadas de carbono e hídrica**. Brasília, DF: Embrapa, 2017a.

OLIVEIRA, F. I. et al. Screening of melon genotypes for resistance to vegetable leafminer and your phenotypic correlations with colorimetry. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 89, n. 02, p. 1155-1166, 2017.

OLIVEIRA, M. M. F. Controle químico por meio de desalojantes e outros compostos nas caldas de inseticidas no manejo de pragas. 2023. Tese de Doutorado. Universidade Federal de Viçosa.

OLIVEIRA, S. C. et al. Sources of resistance to leafminer in melon germplasm. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 60, p. e03672, 2025.

OLIVEIRA, V. S. et al. Produção e importância econômica. In: DOUSSEAU, S. et al. **A cultura do meloeiro**. Brazilian Journals Publicações de Periódico e Editora. São José dos Pinhais, 2025. IBGE. Produção Agropecuária. 2025. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/>. Acesso em: 15 out. 2025.

PADMAVATHI, C. H.; PADMAJA, P. G. **Insect resistance in field crops**. Indian Journal of Entomology 84 (Spl. Issue): 1-28 (2022). 2022.

PARRELLA, M. P. **Biology of Liriomyza**. 1987. Annual Review of Entomology, v. 32.

PITRAT, M. Melon Genetic Resources: Phenotypic Diversity and Horticultural Taxonomy. In: GRUMET, R.; KATZIR, N.; GARCIA-MAS, J. (Eds.), **Genetics and Genomics of Cucurbitaceae**, Plant Genetics and Genomics: Crops and Models. v.20. Springer, Switzerland, 2016. p. 25-60.

QUEIROZ, E. B. et al. Antibiosis in soybean genotypes to *Spodoptera cosmioides* (Lepidoptera: Noctuidae). **Revista Brasileira de Entomologia**, v. 64, p. e20200010, 2020.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética Quantitativa em Plantas Autógamas: Aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora da UFG, 1993. 271p.

REITZ, S. R.; TRUMBLE, J. T. Interspecific and intraspecific differences in two *Liriomyza* leafminer species in California. **Entomologia Experimentalis et Applicata**, v. 102, n. 2, p. 101-113, 2002.

ROBINSON, R. W.; DECKER-WALTERS, D. S. Evolution and exploitation. In: ROBINSON, R. W.; DECKER-WALTERS, D. S. (Ed.). **Cucurbits**. New York: CAB International, 1997.

Cap. 2, p. 35.

SANABRIA-VERÓN, N. C. et al. Cucumber mosaic virus resistance and reproductive biology of Brazilian melon accessions. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 41, n. 5, p. e-103, 2019.

SMITH, C. M.; CLEMENT, S. L. Molecular bases of plant resistance to arthropods. **Annual review of entomology**, v. 57, n. 1, p. 309-328, 2012.

SOUZA, C. S. F. et al. **Resistência de sorgo a insetos-praga**. In: MENEZES, C. B. de (ed.). Melhoramento genético de sorgo. Brasília, DF: Embrapa, 2021.

SPENCER, K. A. **Agromyzidae (Diptera) of economic importance**. Springer Science & Business Media, 1973.

STOUT, M. J. Reevaluating the conceptual framework for applied research on host-plant resistance. **Insect Science**, v. 20, n. 3, p. 263-272, 2013.

SUBBURAJ, S. et al. **15. Breeding for Disease and Pest Resistance in Crops**. Emerging Trends in Agriculture Sciences: Collaborative Insights. 2025.

WEBSTER, F. M.; PARKS, T. H. The serpentine leafminer. **Journal of Agricultural Research**, v. 1, p. 59-87, 1913.