



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

ARIANA VERAS DE ARAÚJO

**MECANISMOS DE DEFESA E CONTROLE GENÉTICO DA RESISTÊNCIA POR
ANTIXENOSE À *Liriomyza sativae* EM GENÓTIPOS DE MELOEIRO**

FORTALEZA

2019

ARIANA VERAS DE ARAÚJO

MECANISMOS DE DEFESA E CONTROLE GENÉTICO DA RESISTÊNCIA POR
ANTIXENOSE À *Liriomyza sativae* EM GENÓTIPOS DE MELOEIRO

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de Doutor em Agronomia/Fitotecnia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador: Prof. Dr. Fernando Antonio Souza de Aragão

FORTALEZA

2019

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)

A687m Araújo, Ariana Veras de.
Mecanismos de defesa e controle genético da resistência por antixenose à *Liriomyza sativae* em genótipos de meloeiro / Ariana Veras de Araújo. – 2019.
89 f. : il. color.

Tese (doutorado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Fitotecnia), Fortaleza, 2019.

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

1. Cucumis melo. 2. Mosca-minadora. 3. Análise de gerações. 4. Morfologia foliar. 5. Resistência genética. I. Título.

CDD 630

ARIANA VERAS DE ARAÚJO

MECANISMOS DE DEFESA E CONTROLE GENÉTICO DA RESISTÊNCIA POR
ANTIXENOSE À *Liriomyza sativae* EM GENÓTIPOS DE MELOEIRO

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará, como parte dos requisitos exigidos para à obtenção do título de Doutor em Agronomia/Fitotecnia. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

Aprovada em 30/10/2019.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. Fernando Antonio Souza de Aragão (Orientador)
Embrapa Agroindústria Tropical

Prof.^a Dr.^a Maria Izabel Gallão
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Prof. Dr. Carlos Tadeu dos Santos Dias
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Prof. Dr. Glauber Henrique de Sousa Nunes
Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA)

Dr. Frederico Inácio Costa de Oliveira
Embrapa Agroindústria Tropical/CNPq/UFC

Aos meus pais, Artur Veras e Maria Senhora

Às minhas irmãs, Iara, Jusciara e Naiara

Aos meus sobrinhos, Cauã, Evelyn e Enzo

Ao meu namorado, André Ferraz

AGRADECIMENTOS

À Deus, por ser absolutamente tudo na minha vida e por esta comigo em todos os momentos, me presenteando com perseverança, fé e coragem.

Ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia da Universidade Federal do Ceará, representado pelos docentes e funcionários.

A Fundação Cearense de Apoio ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico (FUNCAP) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico/Institutos Nacionais de Ciência e Tecnologia (CNPq/INCT) de frutos tropicais pelo apoio financeiro.

À Embrapa Agroindústria Tropical pela infraestrutura para a realização dos experimentos e ao Laboratório de Biologia Celular Vegetal e a Central Analítica pela parceria para a realização de parte dos experimentos.

Ao professor Dr. Fernando Antonio Souza de Aragão, pela orientação, ensinamentos, paciência e amizade.

Aos membros da banca por terem aceitado em participar da avaliação desse trabalho e pelas valiosas contribuições científicas.

À professora Maria Izabel Gallão, pela parceria e por toda ajuda que recebi desde o primeiro dia que a conheci.

Aos professores Carlos Tadeu dos Santos Dias e Glauber Henrique de Sousa Nunes, pela valiosa ajuda com as análises dos dados que compuseram o primeiro capítulo e segundo capítulo, respectivamente, e pelas contribuições para a melhoria do trabalho.

Aos amigos e companheiros de pesquisa do Laboratório de Melhoramento e Recursos Genéticos Vegetais (LMRGV), Caique Duarte, Elaine Celin, Renata Fernandes, Liliana Leitão, Gérffeson Mota, Aline Batista, Plácido Luiz, Frederico Inácio, Letícia Vasconcelos, Higor Ximenes, Marcos Venâncio, Thais Pinheiro e Edilson Sousa, pelo carinho e apoio recebido durante a condução dos experimentos. E aos amigos do Laboratório de Biologia Celular Vegetal, Andreza Rocha e Wilker Moraes, pela ajuda prestada.

À “galerinha do caju”, Gislane Mendes, João Ravelly, Davi Rodrigues, Alana Luna, Pedro Luís, Helísia Pessoa, e Dra. Ana Cecília, pela amizade e por me socorrem sempre que precisei de ajuda com as atividades dos experimentos.

As minhas amigas/irmãs Andreza Raquel, Bruna Medeiros e Caris Viana, pela convivência e amizade ao longo dessa jornada. E aos amigos que fiz no decorrer do Curso de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, que colaboraram em todos os momentos com palavras de apoio.

À Simone Torres, pela amizade e convivência durante esses quatro anos de estudo.

As minhas amigas Mônica Brandão e Maria Alves, que mesmo distantes sempre se fizeram presentes na minha vida com palavras de apoio e incentivo.

À Ana Carla Brito, por sempre me incentivar nos meus momentos de angústia e por tornar meus dias mais alegres.

Aos meus avós, Francisco Ribeiro de Araújo, Tereza Veras de Araújo (*in memoriam*), Luiz Jerônimo de Araújo (*in memoriam*), Francisca Jerônimo de Araújo (*in memoriam*), pelo carinho e ensinamentos.

As professoras, Marlene Feliciano Figueiredo (Orientadora de Graduação) e Monalisa Alves Diniz da Silva (Orientadora de Mestrado), por acreditarem em mim até mesmo quando eu não acreditava, pelo carinho e pela amizade que perdurará para sempre.

Enfim, a todos que de forma direta ou indiretamente contribuíram para a realização desse trabalho, sintam-se sinceramente agradecidos por mim.

RESUMO

A busca por fontes de resistência à mosca-minadora no germoplasma de meloeiro (*Cucumis melo* L.) têm propiciado a identificação de genótipos resistentes por antixenose e/ou antibiose. No entanto, para o melhor aproveitamento desses genótipos é importante a elucidação da herança genética e dos mecanismos de defesa envolvidos na resistência. Desse modo, neste estudo os objetivos foram caracterizar genótipos de meloeiro, associando caracteres foliares à resistência à *Liriomyza sativae* Blanchard e elucidar o controle genético da resistência por antixenose no acesso CNPH 94-244. Para tanto, os acessos CNPH 11-1077, CNPH 11-1072 e CNPH 94-244, previamente identificados como resistentes, e híbridos comerciais Goldex e Iracema, suscetíveis ao inseto, foram avaliados quanto à resistência por antixenose (número de minas) e antibiose (viabilidade larval e pupal) à mosca-minadora. Análises colorimétricas (sistema L*a*b*) e morfológicas (anatomia interna foliar, quantificação e tipificação de tricomas) foram realizadas visando estabelecer associações entre caracteres foliares e a resistência ao inseto. Adicionalmente, duas populações estruturadas por meio de cruzamentos entre o CNPH 94-244 e os híbridos comerciais Goldex e Iracema foram simultaneamente submetidas à infestação por *L. sativae*, em gaiola e em campo. Quanto à resistência, foram avaliadas as seguintes variáveis: minas e pupas por planta (infestação em gaiola) e, nota subjetiva e número de minas (infestação em campo). Os estudos genéticos foram baseados nas médias e variâncias dos genitores (P₁ e P₂), das gerações filiais (F₁ e F₂) e dos retrocruzamentos (RC₁ e RC₂). O acesso CNPH 94-244 foi menos preferido pela *L. sativae* do que os híbridos. O CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077 apresentaram antibiose por reduzir a viabilidade larval e pupal. A resistência do CNPH 94-244 foi associada a cor verde (a*) menos intensa e a densidade de tricomas glandulares. Nos acessos CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077, os caracteres foliares associados à resistência foram a espessura dos parênquimas paliçádico e esponjoso. A suscetibilidade do 'Iracema' mostrou que a média de minas está associada à abundância de tricomas tectores. No 'Goldex', a média de minas foi associada à alta luminosidade (L*) e à intensidade de cor amarela (b*) mais intensa. Com base nas médias da geração F₁ das populações CNPH 94-244 x 'Goldex' e CNPH 94-244 x 'Iracema', houve interação alélica não aditiva no controle genético das variáveis avaliadas. O modelo completo foi adequado para explicar a herança das variáveis, sendo o efeito aditivo o mais importante. A herdabilidade no sentido restrito foi alta para minas (infestação em gaiola) e número de minas (infestação em campo) na F₂ dos cruzamentos CNPH 94-244 x 'Goldex' e CNPH 94-244 x 'Iracema', respectivamente. Na população CNPH 94-244 x 'Goldex', pelo número de

genes, a herança genética é oligogênica para nota subjetiva e poligênica para minas e pupas por planta e número de minas. No cruzamento entre o CNPH 94-244 x 'Iracema', a herança é poligênica para minas e pupas por planta, e oligogênica para nota subjetiva e número de minas. Portanto, a associação de caracteres foliares à resistência é genótipo-dependente. O híbrido Iracema é um padrão de suscetibilidade à *L. sativae* e o acesso CNPH 94-244 é o mais promissor quanto à resistência por antixenose. E a herança genética da resistência por antixenose à *L. sativae* no CNPH 94-244 é de natureza quantitativa, com predomínio de efeitos aditivos.

Palavras-chave: *Cucumis melo*. Mosca-minadora. Análise de gerações. Morfologia foliar. Resistência genética.

ABSTRACT

The search for sources of resistance to the leafminer in melon germplasm (*Cucumis melo* L.) has led to the identification of resistant genotypes by antixenosis and/or antibiosis. However, for the best use of these genotypes, it is important to elucidate the genetic inheritance and defense mechanisms involved in resistance. Thus, the aim of this study was to characterize melon genotypes by associating leaf traits with resistance to *Liriomyza sativae* Blanchard and to elucidate genetic control of antixenosis resistance in the CNPH 94-244 accession. For this purpose, CNPH 11-1077, CNPH 11-1072 and CNPH 94-244 accessions, previously identified as resistant, and the insect-susceptible commercial hybrids Goldex and Iracema were evaluated for antixenosis (number of leafminers) and antibiosis (larval and pupal viability) resistance to the leafminer. Colorimetric ($L^*a^*b^*$ system) and morphological (internal leaf anatomy, quantification and trichome typing) analyzes were performed to establish associations between leaf traits and insect resistance. Additionally, two cross-structured populations between CNPH 94-244 and the commercial hybrids Goldex and Iracema were simultaneously submitted to *L. sativae* infestation, in cage and in the field. Regarding insect resistance, the following response variables were evaluated: leafminers and pupae per plant (cage infestation) and subjective grade and number of leafminers (field infestation). Genetic studies were based on the averages and variances of parents (P_1 and P_2), branch generations (F_1 and F_2) and backcrosses (BC_1 and BC_2). CNPH 94-244 accession was less preferred by *L. sativae* than hybrids. CNPH 11-1072 and CNPH 11-1077 accessions showed antibiosis for reducing larval and pupal viability. CNPH 94-244 accession resistance was associated with less intense green color (a^*) and density of glandular trichomes. In the CNPH 11-1072 and CNPH 11-1077 accessions leaf characters associated with resistance were the thickness of palisade and spongy parenchyma. The susceptibility of 'Iracema' accession showed that the average of leafminers is associated with the abundance of tector trichomes. In 'Goldex' accession the average of leafminers was associated with high luminosity (L^*) and more intense yellow color (b^*). Based on the F_1 generation averages of the populations CNPH 94-244 x 'Goldex' and CNPH 94-244 x 'Iracema', there was non-additive allelic interaction in the genetic control of evaluated variables. The complete model was adequate to explain the inheritance of variables, and the additive effect was the most important. The heritability in restricted sense was high for leafminers (cage infestation) and number of leafminers (field infestation) in F_2 of the CNPH 94-244 x 'Goldex' and CNPH 94-244 x 'Iracema' crosses, respectively. In population of CNPH 94-244 x 'Goldex', by gene number, genetic inheritance

is oligogenic for subjective notes and polygenic for leafminers and pupae per plant and number of leafminers. At the cross between CNPH 94-244 x 'Iracema', inheritance is polygenic for leafminers and pupae per plant, and oligogenic for subjective grade and number of leafminers. Therefore, association of leaf characters with resistance is genotype dependent. Iracema hybrid is a susceptibility pattern to *L. sativae* and CNPH 94-244 accession is the most promising for antixenosis resistance. And the genetic inheritance of antixenosis resistance to *L. sativae* in CNPH 94-244 is quantitative in nature, with a predominance of additive effects.

Keywords: *Cucumis melo*. Leafminer. Generation analysis. Leaf morphology. Genetic resistance.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Seções transversais das lâminas foliares de genótipos de meloeiro, sem (imagens a esquerda) e com (imagens a direita) dano causado pela larva de *L. sativae*..... 41
- Figura 2 - Tricomas tectores e glandulares nas faces adaxial e abaxial de folhas de genótipos de meloeiro..... 42
- Figura 3 - Análise de componentes principais biplot na caracterização de genótipos de meloeiro resistentes e suscetíveis à *L. sativae*, considerando todas as variáveis analisadas..... 44

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 -	Composição de médias do número de minas por folha, em ensaios com e sem chance de escolha, e viabilidade larval e pupal de <i>L. sativae</i> em genótipos de meloeiro.....	38
Tabela 2 -	Análise colorimétrica, espessura dos tecidos foliares, densidade e tipos de tricomas nas faces adaxial e abaxial em folhas de genótipos de meloeiro contrastantes quanto à resistência à <i>L. sativae</i>	40
Tabela 3 -	Minas, pupas, nota subjetiva e número de minas na população de meloeiro obtida a partir do cruzamento CNPH 94-244 x ‘Goldex’, avaliada em gaiola e campo, sob infestação de <i>L. sativae</i>	56
Tabela 4 -	Estimativas, variâncias, testes de significância e decomposição não ortogonal da soma de quadrados dos efeitos genéticos do modelo completo, relacionados à resistência por antixenose à <i>L. sativae</i> na população de meloeiro obtida a partir do cruzamento CNPH 94-244 x ‘Goldex’, avaliada em gaiola e campo.....	57
Tabela 5 -	Médias (\bar{x}) observadas e esperadas para as gerações no modelo completo quanto à resistência por antixenose à <i>L. sativae</i> , na população de meloeiro obtida a partir do cruzamento CNPH 94-244 x ‘Goldex’, avaliada em gaiola e campo.....	58
Tabela 6 -	Estimativa de parâmetros genéticos para resistência por antixenose à <i>L. sativae</i> em meloeiro, na geração F ₂ do cruzamento CNPH 94-244 x ‘Goldex’, avaliada em gaiola e campo.....	59
Tabela 7 -	Minas, pupas, nota subjetiva e número de minas na população de meloeiro obtida a partir do cruzamento CNPH 94-244 x ‘Iracema’, avaliada em gaiola e campo, sob infestação de <i>L. sativae</i>	60
Tabela 8 -	Estimativas, variâncias, testes de significância e decomposição não ortogonal da soma de quadrados dos efeitos genéticos do modelo completo, relacionados à resistência por antixenose à <i>L. sativae</i> na população de meloeiro obtida a partir do cruzamento CNPH 94-244 x ‘Iracema’, avaliada em gaiola e campo.....	61

Tabela 9 -	Médias (\bar{x}) observadas e esperadas para as gerações no modelo completo quanto à resistência por antixenose à <i>L. sativae</i> , na população de meloeiro obtida a partir do cruzamento CNPH 94-244 x 'Iracema', avaliada em gaiola e campo.....	62
Tabela 10 -	Estimativa de parâmetros genéticos para resistência por antixenose à <i>L. sativae</i> em meloeiro, na geração F ₂ do cruzamento CNPH 94-244 x 'Iracema', avaliada em gaiola e campo.....	63

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL.....	14
2	REVISÃO DE LITERATURA.....	16
3	CAPÍTULO 1 CARACTERIZAÇÃO E ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES FOLIARES E A RESISTÊNCIA À MOSCA-MINADORA EM GENÓTIPOS DE MELOEIRO.....	31
4	CAPÍTULO 2 CONTROLE GENÉTICO DA RESISTÊNCIA POR ANTIXENOSE À <i>Liriomyza sativae</i> Blanchard DO ACESSO DE MELOEIRO CNPH 94-244.....	49
5	CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	68
	REFERÊNCIAS.....	70
	APÊNDICE A - FIGURAS REFERENTES AO ESTUDO DA RESISTÊNCIA POR ANTIXENOSE À MOSCA-MINADORA EM MELOEIRO.....	83

1 INTRODUÇÃO GERAL

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma das hortaliças de maior expressão econômica, cultivada em mais de 100 países, sendo a China o maior produtor, responsável por 53% da produção mundial, seguida por Turquia, Irã, Egito e Índia (FAO, 2019). O Brasil, em 2017, ocupou a décima terceira posição entre os maiores produtores de melão com produção em torno de 540 mil toneladas, das quais 514 mil toneladas foram produzidas no Semiárido brasileiro (IBGE, 2019). Os estados do Ceará e Rio Grande do Norte têm sido responsáveis por quase a totalidade das exportações de frutos de melão e, nesse mesmo ano, exportaram 233,6 mil toneladas e geraram US\$ 162,9 milhões em divisas (MDIC, 2019).

Embora a região Nordeste seja a maior produtora dessa hortaliça, nesse século, a intensificação da ocorrência de insetos-praga nos campos de produção vem comprometendo a cadeia produtiva do meloeiro (BRASIL et al., 2012). Dentre essas pragas, a mosca-minadora (*Liriomyza* spp.) tem sido considerada a de maior relevância econômica para o meloeiro, por se configurar como um dos principais gargalos que contribui para a elevação dos custos de produção (NUNES et al., 2013). A importância agrícola da praga na produção do meloeiro se deve, principalmente, ao hábito alimentar do inseto no estágio larval, por reduzirem a área fotossintética com consequentes perdas na produção e na qualidade dos frutos do meloeiro (ARAUJO et al., 2007; COSTA et al., 2017).

Nos cultivos comerciais, dentre os métodos de manejos utilizados no controle da mosca-minadora, a aplicação de inseticidas ainda é o mais empregado, o que tem contribuído para redução dos inimigos naturais e para o surgimento de moscas-minadora resistentes, além de novas pragas-chave (GUIMARÃES et al., 2009). A contaminação dos alimentos e dos ecossistemas e a elevação dos custos de produção também se caracterizam como pontos negativos resultantes da intensa utilização desse método de controle. Logo, o uso de plantas resistentes destaca-se por ser uma tecnologia de fácil utilização, econômica, eficiente, harmoniosa com ambiente e compatível aos demais métodos de controle (GALLO et al., 2002).

No melhoramento genético de plantas é importante ressaltar que qualquer que seja o método de seleção empregado, a identificação de fontes de resistência no germoplasma disponível é o primeiro passo para a obtenção de genótipos resistentes. Nesse contexto, alguns genótipos de meloeiro foram reportados como fontes promissoras com resistência à mosca-minadora, dentre esses: PI 282448 e PI 313970 (KENNEDY et al., 1978); Nantais Oblong (DOGIMONT et al., 1999); ‘Guaporé’, A5, A22, A29, A42 e A44 (LIMA, 2012); AC-22

(NUNES et al., 2013); NO23, NO24, NO26 e G76 (NOGUEIRA, 2016); CNPH 11-1072, CNPH 11-1077, BAGMEL 56 e CNPH 00-915 (CELIN et al., 2017a); e, AM 55 e Rutênio (COSTA, 2017); 343, 339, 346, 343, 341, 334, 331, 333, 313, 330 e AC43 (OLIVEIRA, 2017). Contudo, dos genótipos citados, nenhum teve os possíveis mecanismos de defesa associados à resistência e pouco tiveram a herança genética da resistência elucidada.

Do ponto de vista evolutivo, as plantas investiram em diversos mecanismos de defesa para contornar as adversidades que foram constantemente impostas na interação planta-inseto (FÜRSTENBERG-HÄGG; ZAGROBELNY; BAK, 2013). Algumas defesas são expressas pelas plantas constitutivamente como defesa pré-formada, ou induzidas após o ataque, com ação direta ou indireta sobre os insetos, podendo ser de caráter morfológico, físico ou bioquímico (FÜRSTENBERG-HÄGG; ZAGROBELNY; BAK, 2013).

As defesas morfológicas, incluindo as de superfície, e a estrutura interna das folhas influenciam no comportamento do inseto, seja o repelindo e/ou dificultando a alimentação, oviposição (PEETERS, 2002). A presença de tricomas, além de promover a proteção da planta contra a perda excessiva de água, atua como uma barreira física e afetam os hábitos de insetos herbívoros pela liberação de substâncias nocivas ou por apresentarem formas celulares que dificultam a alimentação, oviposição ou locomoção dos insetos (JEFREE, 1986). A coloração do limbo foliar e a refletância emitida pela planta, também agem na atratividade ou repelência dos insetos (GREEN et al., 2015).

O controle genético da resistência de plantas à insetos-praga pode ser de natureza qualitativa, quando expressada por poucos genes (oligogênica) ou um único gene (monogênica) resultando em classes fenotípicas distintas, plantas resistentes e suscetíveis. Por outro lado, a resistência controlada por vários genes (poligênica), denominada quantitativa, apresenta uma distribuição contínua de danos, classificados desde altamente suscetível a altamente resistente, com efeito do ambiente pronunciado (MORAIS; PINHEIRO, 2012).

Na expressão da resistência, por antixenose e/ou antibiose, o número de genes estimados evidencia que cada cruzamento tem particularidades, dependendo dos genótipos, das espécies de insetos-praga, dos métodos de avaliação e das condições ambientais os quais foram submetidos, assim como dos mecanismos responsáveis pela resistência (SILVA-LOBO; GIORDANO; LOPES, 2005). Desse modo, fontes resistentes, muitas vezes específica a uma praga (*Liriomyza* spp.) ou espécie-praga (*Liriomyza sativae* Blanchard), para ser utilizada no melhoramento deve ter os mecanismos de defesa e controle genético compreendidos. Isso facilita a introgressão de alelos de interesse em genótipos-elite, pois se pode, assim, escolher o melhor método de melhoramento e estratégia de seleção a ser aplicada durante o programa de

melhoramento.

Desse modo, neste estudo os objetivos foram caracterizar genótipos, associando caracteres foliares à resistência à *Liriomyza sativae* Blanchard em meloeiro e elucidar o controle genético da resistência por antixenose no acesso CNPH 94-244.

2 REVISÃO DE LITERATURA

Meloeiro (*Cucumis melo* L.)

Origem e classificação

O gênero *Cucumis* é um dos maiores da família Curcubitaceae, com 66 espécies, distribuídas em regiões tropicais e subtropicais da África, Ásia, Austrália, América do Sul e Central (SEBASTIAN et al., 2010; PETRUS, 2014); entre as espécies conhecidas, o melão (*Cucumis melo* L.) junto com outras hortaliças como pepino (*C. sativus* L.), melancia (*C. lanatus* (Thunb.) Matsum & Nakai), abóboras e moringas (*Cucurbita* spp.) destacam-se como as cucurbitáceas mais relevantes economicamente (SABATO et al., 2015).

O meloeiro, devido a rica variabilidade em caracteres fenotípicos, compreende variedades silvestres, crioulas e cultivadas (DANTAS et al., 2015). A ocorrência de inúmeras espécies silvestres do gênero *Cucumis* aponta para a África como o centro de origem do meloeiro (MALLICK; MASUI, 1986; PITRAT; CHAUVET; FOURY, 1999). Todavia, estudos sistemáticos e moleculares indicam que o melão é de origem asiática, pela alta diversidade encontrada principalmente na Índia (SEBASTIAN et al., 2010; JOHN et al., 2013). Também é levantada a hipótese de que a domesticação da espécie tenha ocorrido de forma independente de diferentes populações nos dois continentes, devido à composição das sementes e seleção de frutos (SERRES-GIARDI; DOGIMONT, 2012; ENDL et al., 2018).

Populações de meloeiro silvestres foram encontradas em diferentes regiões e em vários continentes, espalhadas em centros primários e secundários no sul dos Estados Unidos (DECKER-WALTERS et al., 2002), Austrália (TELFORD et al., 2011), Turquia (KAÇAR et al., 2012), Índia (MALIK et al., 2014), Espanha (LÁZARO et al., 2016) e Itália (PAVAN et al., 2017). Apesar do centro de origem e domesticação serem em regiões distantes do Brasil, o meloeiro adaptou-se bem aos agroecossistemas brasileiros, sendo a variabilidade desse mantida principalmente na forma de variedades crioulas (DELWING; FRANKE; BARROS, 2007; DANTAS et al., 2015).

O meloeiro sofreu intenso processo de seleção e cruzamento resultando em muitas variedades distribuídas por toda Europa, África, Ásia e América (SABATO et al., 2015). Devido à enorme variabilidade morfológica em toda planta e, principalmente nos frutos, a classificação intraespecífica do meloeiro foi revisada muitas vezes nas últimas décadas (PITRAT, 2017). A espécie *C. melo* compreende duas subespécies, *agrestis* e *melo*, cada uma incluindo diferentes grupos ou variedades botânicas (NAUDIN, 1859). As espécies com ovários e frutos jovens cerosos são classificadas como *agrestis* e, as com ovários e frutos jovens pilosos pertencem a subespécie *melo* (JEFFREY, 1980; PITRAT; HANELT; HAMMER, 2000).

Dentro das subespécies, recentemente, foi proposto a classificação da espécie em 19 grupos ou variedades botânicas: *agrestis*, *kachri*, *chito*, *tibish*, *acidulus*, *momordica*, *conomon*, *makuwa*, *chinensis* da subespécie *agrestis*; *flexuosus*, *chate*, *dudaim*, *chandalak*, *indicus*, *ameri*, *cassaba*, *ibericus*, *inodorus* e *cantalupensis* da *melo* (PITRAT, 2017). Nessa classificação se observa dois novos grupos (*kachri* e *indicus*), a junção dos grupos *cantalupensis* e *reticulatus* e a divisão do grupo *inodorus* em três grupos (*cassaba*, *ibericus* e *inodorus*), em comparação com a última classificação proposta por Pitrat et al. (2008).

No Brasil, as variedades botânicas *inodorus* e *cantalupensis* são as de maior interesse comercial pelas características dos frutos (MACÊDO et al., 2017). Os frutos da variedade *inodorus* caracterizam-se por serem resistentes ao manuseio, não aromáticos, e pela boa conservação pós-colheita; apresenta casca lisa ou levemente enrugada, coloração amarela, verde ou branca; a polpa varia do branco ao creme ou verde-clara (CRISÓSTOMO; ARAGÃO, 2013). Os melões *cantalupensis* são aromáticos, climatéricos, conservação pós-colheita reduzida, e elevado teor de sólidos solúveis; os frutos possuem superfície rendilhada ou rugosa, reticulada, podendo apresentar gomos; a coloração da polpa varia do salmão ao alaranjado, e às vezes, branco-esverdeada (CRISÓSTOMO; ARAGÃO, 2013; PITRAT, 2017). Além disso, a fim de facilitar a comercialização, as variedades de melão são agrupadas em “tipo”. Os tipos mais comuns no mercado brasileiro são o amarelo, pele de sapo, honeydew pertencentes a variedade *inodorus*, e os *cantaloupe*, *charentais* e *gália*, da variedade *cantalupensis* (ROBINSON; DECKER-WALTERS, 1997).

Aspectos morfológicos

O meloeiro é uma planta herbácea, anual, diploide ($2n = 2x = 24$ cromossomos). O ramo principal, de crescimento rasteiro, se ramifica na base em três ou quatro ramos secundários, e desses ramos menores se desenvolvem. O sistema radicular é superficial, e

praticamente sem raízes adventícias. As folhas são simples, pilosas, alternadas em longos pecíolos, com margens e tamanhos variados (DANE; TSUCHIYA, 1976; OLIVEIRA et al., 2017a).

As plantas são geralmente andromonóicas com flores masculinas e hermafroditas, e às vezes monóicas com flores masculinas e femininas na mesma planta; as pequenas flores amarelas abrem ao amanhecer, fechando a tarde do mesmo dia (PARIS; AMAR; LEV, 2012). As flores masculinas nascem nos nós ou nas axilas das folhas dos ramos principais dias antes das femininas, em cachos de três a cinco flores. Das demais ramificações surgem as flores femininas ou hermafroditas. As gavinhas são simples e se desenvolvem em espiral a partir de gemas presentes nos nós (AJURU; OKOLI, 2013).

Quanto ao sistema reprodutivo, o meloeiro apresenta reprodução sexuada mista com frutos provenientes de polinização cruzada, autopolinização, ou de ambos os tipos de polinizações, realizadas principalmente por abelhas. Os frutos, do tipo pepônio, são morfológicamente diversos, com variações quanto à forma, tamanho, cor da casca e da polpa, textura, sabor da polpa, presença de bainha gelatinosa em torno da semente, e número de sementes por fruto (PITRAT, 2017). Os frutos, quando maduros ficam aderidos ao caule ou apresentam uma camada de abscisão de onde caem naturalmente da planta (NUÑEZ-PALENIUS et al., 2008).

Aspectos socioeconômico

O meloeiro é uma das hortaliças de maior expressão econômica, cultivada em mais de 100 países, sendo a China o maior produtor, responsável por 53% da produção mundial, seguida por Turquia, Irã, Egito e Índia (FAO, 2019). No cenário nacional, a produção de melão tem se destacado pelo expressivo impacto socioeconômico que tem contribuído para fortalecer a economia e o desenvolvimento das regiões produtoras com a geração de empregos, renda e importantes divisas (MDIC, 2019).

Em 2017, o Brasil foi o décimo terceiro maior produtor com uma produção de 540.229 toneladas. No referido ano, a área cultivada foi de 23.390 hectares (FAO, 2019). As áreas de maior produção se concentram na região Nordeste, que respondeu por 95% da produção de melão do país. O Rio Grande do Norte, Ceará e Bahia representam os principais estados produtores contribuindo com 85,7% da produção nacional (IBGE, 2019). Atualmente, cerca de 60% da produção nacional é destinada à exportação, tendo a Inglaterra, Holanda e Espanha como principais importadores. Entretanto, o mercado interno é cada vez mais

valorizado pela oferta regular de melões de qualidade (ANUÁRIO BRASILEIRO DA FRUTICULTURA, 2018).

A produção dessa hortaliça destaca-se no semiárido brasileiro devido principalmente as condições edafoclimáticas da região que favorecem o desenvolvimento da planta, e possibilita o cultivo de até três safras por ano (NUNES et al., 2013). Porém, a contínua e intensiva exploração da cultura tem aumentado a incidência de pragas, sendo a mosca-minadora (*Liriomyza* spp.) a de maior relevância nos últimos anos (GUIMARÃES et al., 2005; CELIN et al., 2017a).

Problemas fitossanitários

Os problemas de origem fitossanitários que ocorrem nos campos de produção do meloeiro vão desde os provocados por agentes patogênicos como fungos, bactérias, vírus e nematoides até os decorrentes do ataque de insetos-praga, das quais se destaca: a mosca-minadora (*Liriomyza* spp.), pulgão (*Aphis gossypii* Glover), broca-das-cucurbitáceas (*Diaphania nitidalis* Cramer e *D. hyalinata* Linnaeus), mosca-das-frutas (*Anastrepha grandis* (MacQuart)) e mosca-branca (*Bemisia tabaci* (Gennadius)) (GUIMARÃES et al., 2005).

A mosca-minadora até o final da década de 90 não era considerada praga-chave para a cultura do meloeiro. No entanto, acredita-se que o uso indiscriminado de inseticidas no combate a mosca-branca reduziu as populações de inimigos naturais da mosca-minadora e, por conseguinte, ocasionou a disseminação do inseto (GUIMARÃES et al., 2005). Atualmente, com o status de praga de maior relevância econômica para a cultura do meloeiro, a mosca-minadora é responsável por perdas em produtividade e qualidade dos frutos.

A gravidade resultante da ocorrência da mosca-minadora nos campos de produção se deve principalmente ao hábito alimentar do inseto no estágio larval. As larvas, ao se alimentarem, abrem galerias nas folhas (MUJICA; KROSCHER, 2011), reduzem a área fotossintética e a condutância estomática da planta (COSTA et al., 2017), que por vez, refletem em frutos fora dos padrões de comercialização (ARAUJO et al., 2007).

Os pulgões, quando ocorre em altas populações causam encarquilhamento, deformação das plantas jovens e agem como agentes transmissores de vírus (GUIMARÃES; MOURA; OLIVEIRA, 2013). A broca-das-cucurbitáceas, ao se alimentarem das folhas causam o desfolhamento reduzindo a área foliar e, por consequência a realização da fotossíntese; as brotações sobre ataque secam e os frutos sofrem danos diretos devido as galerias, tornando-se inviáveis para o consumo (GUIMARÃES et al., 2005). Os danos causados pela mosca-das-frutas são exclusivamente nos frutos ocasionados pelas fêmeas por

meio da oviposição e pelas larvas que se alimentam da polpa formando galerias, inviabilizando-os para o consumo (BRAGA SOBRINHO et al., 2011).

No meloeiro, tanto adultos como ninfas da mosca-branca sugam a seiva da planta debilitando-a e reduzindo a produtividade e a qualidade dos frutos (COSTA-LIMA et al., 2016). Além disso, esses insetos ao se alimentarem excretam uma substância açucarada que favorece a proliferação de fungos formadores da fumagina (BRAGA SOBRINHO et al., 2011), ou agem como vetores do vírus causador do amarelão-do-meloeiro (SANTOS et al., 2004).

Mosca-minadora, *Liriomyza* spp.

Descrição e distribuição do inseto

As moscas-minadoras são insetos pertencentes à ordem Diptera, família Agromyzidae e gênero *Liriomyza*. O gênero *Liriomyza* é composto por 456 espécies (ITIS, 2017), das quais a maioria não é considerada praga. Contudo, algumas espécies polípagas se tornaram pragas agrícolas graves em várias partes do mundo (BLACKET et al., 2015). Dentre as espécies de *Liriomyza*, cinco estão incluídas na legislação sobre quarentena de plantas em vários países, sendo: a *L. huidobrensis* (Blanchard), *L. trifolii* (Burgess) e *L. sativae* Blanchard, descoberta no Novo Mundo, distribuídas nas Américas do Norte e do Sul; *L. bryoniae* (Kaltenbach) e *L. strigata* (Meigen), nativas da Europa (SPENCER, 1973).

Um dos primeiros relatos de espécies do gênero *Liriomyza* atacando cultivos agrícolas no Brasil foram registrados em São Paulo, na estação experimental de Campinas nos cultivos de melancia (ROSETTO; MENDONÇA, 1968). As espécies *L. sativae*, *L. huidobrensis* e *L. trifolii* ocasionam danos a pelo menos 14 famílias botânicas, dentre elas, Cucurbitaceae, Solanaceae, Asteraceae e Fabaceae no território brasileiro (GUIMARÃES et al., 2009). Por serem cosmopolitas, as espécies endêmicas das Américas, se dispensaram rapidamente pelos continentes principalmente por meio da comercialização de plantas ornamentais e hortaliças causando prejuízos na Europa, África, Ásia e Oceania (FERREIRA et al., 2017).

No Quênia, há relatos da ocorrência das espécies *L. sativa*, *L. huidobrensis* e *L. trifolii* em 20 culturas, pertencentes as famílias botânicas: Fabaceae, Solanaceae, Cucurbitaceae, Malvaceae, Brassicaceae, Amaranthaceae e Amaryllidaceae, sendo a *L. huidobrensis* a mais abundante e agressiva de todas as espécies (FOBA et al., 2015). Nove espécies de *Liriomyza* foram identificados atacando 27 culturas na costa peruana, sendo a *L.*

huidobrensis a de maior predominância, seguida pela *L. sativae* (MUJICA; KROSCHER, 2011). Nos campos de produção de feijão branco do sul da Flórida, a *L. trifolii* destaca-se como uma das pragas mais problemáticas (DEVKOTA et al., 2016).

Morfologia e ciclo de vida

Quando adultas, as moscas-minadora medem de 1 a 3 mm de comprimento. As fêmeas são ligeiramente maiores que os machos, e variam levemente na quantidade de coloração preta e amarela na cabeça, pleura e esculeto. As asas são membranosas com nervuras bem distintas. Os machos geralmente emergem antes das fêmeas, e o acasalamento ocorre 24 horas após a emergência. As fêmeas passam por um período de pré-oviposição, onde necessitam ingerir proteínas e carboidratos para a maturação dos órgãos reprodutivos e são capazes de depositar de 100 a 130 ovos durante os primeiros dias de vida (GUIMARÃES et al., 2009).

Os ovos, esbranquiçados e translúcidos, são depositados individualmente tanto na face adaxial quanto abaxial das folhas por meio de puncturas realizadas pelas fêmeas, e medem de 0,25 a 0,28 mm. A maioria das puncturas não contém ovo, uma vez que, as moscas fêmeas e machos, as utilizam para se alimentarem da seiva das plantas (WEINTRAUB et al., 2017).

As larvas variam entre 0,5 e 3,0 mm, são vermiformes, transparentes ao eclodirem dos ovos e amarelas alaranjadas quando completamente desenvolvidas. As larvas passam por três instares, se desenvolvem no mesófilo foliar, onde a medida que se alimentam originam as minas ou galerias. Os instares larvais são diferenciados pelo comprimento médio do corpo e da cápsula encefálica. Quando desenvolvidas, as larvas abandonam a mina e se transformam em pupas, preferencialmente no solo, e em alguns casos, na superfície das folhas das plantas hospedeiras (GUIMARÃES et al., 2009). As pupas são ovais, ligeiramente achatadas ventralmente, e medem cerca de 2,0 mm; a cor varia de amarelo alaranjado ao marrom dourado mais escuro próximo a emergência dos adultos (COSTA-LIMA; SILVA; PARRA, 2015).

Quanto ao ciclo de vida do inseto, esse ocorre ao longo de quatro estágios de desenvolvimento: ovo, larva, pupa e adulto. Em *L. sativae* criadas em meloeiro, sob condições de laboratório a 25 °C, o período de vida foi de $15,9 \pm 0,04$ dias (ovo-adulto), sendo: ovo ($2,7 \pm 0,01$ dias), larva ($4,1 \pm 0,03$ dias) e pupa ($9,1 \pm 0,03$ dias). Em relação à longevidade dos adultos, os machos vivem aproximadamente 16,2 dias, enquanto as fêmeas $19,3 \pm 1,09$ dias (ARAUJO et al., 2013).

Os instares larvais, pupas e adultos variam de tamanho dependendo dos gradientes de altitudes (TANTOWIJOYA; HOFFMANN, 2011), das plantas hospedeiras (MUSUNDIRE; CHABI-OLAYE; KRUGER, 2012) e sob diferentes regimes de temperatura (HEAD; WALTERS; LANGTON, 2002). A duração do ciclo de vida do inseto pode ser influenciada em função da temperatura. Na faixa de 32 °C a 15 °C, o período de ovo-adulto variou de 12,9 a 40,9 dias, respectivamente (COSTA-LIMA; GEREMIAS; PARRA, 2009). Nas temperaturas de 10 e 40 °C não houve nenhum desenvolvimento de *L. sativae* em pepino (*C. sativus*) (HAGHANI et al., 2007).

Outro fator de relevância, na sobrevivência larval e pupal do inseto, é a umidade relativa do ar. Em laboratório, foi verificado que condições inferiores a 50% de umidade afetam indiretamente o desenvolvimento das larvas de *L. sativae* devido às alterações de turgescência da planta (COSTA-LIMA; GEREMIAS; PARRA, 2009). As pupas, por ocorrerem normalmente sobre o solo, ficam expostas à desidratação e ao excesso de umidade, ambos prejudiciais ao desenvolvimento do inseto (GUIMARÃES et al. 2009).

Danos à cultura do meloeiro

As fêmeas de *Liriomyza*, por serem providas do aparelho ovipositor, são as responsáveis pelos danos iniciais causados às plantas hospedeiras, atacando-as assim que emergem do solo, inclusive as folhas cotiledonares, como ocorre no meloeiro. Os danos iniciais são perfurações decorrentes das puncturas de alimentação e oviposição, feitas em ambas as faces das folhas (MORAES; MAGALHÃES; OLIVEIRA, 1981; DURAIRAJ et al., 2010). As puncturas aparecem como manchas brancas de aproximadamente 0,05 mm. Essas danificam as células e causam deformações nas folhas, principalmente no ápice e ao longo das margens (PARRELA et al., 1985).

As larvas emergem dos ovos e se alimentam do mesófilo foliar ocasionando a formação de minas ou galerias, o que caracteriza o principal dano causado pelo inseto. As minas são geralmente brancas, com áreas pretas, serpentiformes e irregulares, que aumentam em largura à medida que as larvas se desenvolvem (GUIMARÃES et al., 2009).

Quando a população de larvas na folha é alta, ocorre redução da área foliar e da capacidade fotossintética da planta e, conseqüentemente, há perda na produção e na qualidade dos frutos, devido à redução do teor de sólidos solúveis totais (ARAUJO et al., 2007). Um ataque severo também pode ocasionar a morte da planta ainda no início do desenvolvimento (MINKENBERG; VAN LENTEREN, 1986); ou tornar as folhas ressecadas e quebradiças,

sendo facilmente arrancadas pelo vento ou manuseio. Com a desfolha, os frutos ficam diretamente expostos ao sol levando ao surgimento de machas de queimadura, o que os inviabilizam para a comercialização devido à perda da qualidade externa (GUIMARÃES et al., 2005).

As atividades da mosca-minadora também podem causar danos indiretos como os ocasionados pela invasão das puncturas de alimentação e oviposição por bactéria e fungos patogênicos. O fungo (*Alternaria solani*), causador da doença conhecida como pinta preta ou mancha de alternaria é um dos oportunistas observados nas culturas do melão (*C. melo*) (CHANDLER; THOMAS, 1991), da batata (*Solanum tuberosum* L.) (BRISOLLA et al., 2002) e do tomate (*Solanum lycopersicum* L.) (DURAIRAJ et al., 2010).

Métodos de controle da mosca-minadora

O controle da mosca-minadora em meloeiro engloba diferentes métodos para manter a população do inseto abaixo do nível de dano econômico. Alguns autores relataram como método de controle a remoção de plantas daninhas (GUIMARÃES et al., 2005), cobertura com manta agrotêxtil (AZEVEDO et al., 2005; FURIATTI; PINTO JUNIOR; LOPES, 2008), remoção manual das folhas atacadas (GUIMARÃES et al., 2009), uso de armadilhas adesivas amarelas (WEINTRAUB et al., 2017), aplicação de bioinseticidas naturais (COSTA et al., 2016), utilização de inimigos naturais (CHABI-OLAYE; MWIKYAR; FIABOE, 2013) e controle químico (DEVKOTA et al., 2016).

Em cultivos comerciais, o método de maior eficiência no controle da mosca-minadora ainda é o uso de inseticidas sintéticos. No Brasil são poucas as moléculas registradas e autorizadas pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) para o controle do inseto-praga na cultura do meloeiro. As duas mais eficazes e comumente utilizadas são abamectina e ciromazina, ambas com atividade translaminar que permite alcançar as larvas dentro das folhas (WEI et al., 2014).

Apesar da eficácia dos inseticidas sintéticos no controle de espécies de *Liriomyza*, esses quando usados indiscriminadamente nos campos de produção contribuem para a seleção de populações de insetos resistentes, surtos de novas pragas-chave, e redução dos insetos benéficos como os predadores e polinizadores (GUIMARÃES et al., 2009; DEVKOTA et al., 2016). A contaminação dos alimentos e dos ecossistemas caracterizam outros pontos negativos decorrente da aplicação incorreta dos inseticidas.

A seleção de populações de *Liriomyza* resistentes aos inseticidas tem sido relatada em estudos, como o que mostrou que a espécie *L. trifolli* foi menos suscetível a abamectina e a ciromazina do que a *L. sativae* (GAO et al., 2012). A suscetibilidade diferencial aos inseticidas habitualmente usados sugere que esses são responsáveis pela substituição de *L. sativae* por *L. trifolli*, ou vice-versa, em diferentes áreas agrícolas pelo mundo (GAO et al., 2011). Conquanto, após ciclos de seleção de populações de *L. sativae* tratadas com abamectina e ciromazina, estirpes do inseto mostraram ser capazes de desenvolver resistência à abamectina; as estirpes tratadas com ciromazina não demonstraram resistência a mesma, no entanto, apresentaram níveis moderados de resistência cruzada à abamectina (WEI et al., 2014).

A ação dos inseticidas também foi observada sobre os inimigos naturais da mosca-minadora. Populações do parasitóide *Diglyphus isaea* (Walker) foram significativamente reduzidas em campos de aipo (*Apium graveolens* L.) (WEINTRAUB, 1999) e de batata (*S. tuberosum*) (WEINTRAUB, 2001) sob a aplicação de abamectina e ciromazina. Em campos de produção de ervilha (*Pisum sativum* L.), os inseticidas utilizados para controlar a *L. huidobrensis* foram bastantes prejudiciais aos parasitóides *D. isaea* e *Phaedrotoma scabriventris* Nixon e ineficazes no controle do inseto-praga (GUANTAI et al., 2015).

Para minimizar os efeitos adversos da utilização incorreta dos inseticidas, o uso de genótipos resistentes a insetos-praga tem se destacado pelos ganhos com relação ao ambiente, qualidade e rendimento da produção e bem-estar humano, produtores e consumidores menos expostos a agroquímicos; outro ponto favorável é a compatibilidade da resistência às outras estratégias utilizadas no manejo de praga (GALLO et al., 2002). No entanto, a utilização de genótipos resistentes, assim como qualquer outro método de controle, não é a solução definitiva para os transtornos ocasionados pelos insetos-praga, contudo, deve ser incluído como uma estratégia adicional de manejo integrado de insetos-praga.

Resistência de planta a inseto

Tipos de resistência

As plantas são constantemente injuriadas por um conjunto diversificado de insetos-praga, o que, muitas vezes, impõem custos significativos ao crescimento e desenvolvimento da planta. Assim, as plantas empregam várias estratégias para se defender,

tolerar ou evitar a herbivoria de insetos-praga. A resistência das plantas pode ser categorizada em dois tipos: antixenose e antibiose (PAINTER, 1951; LARA, 1991).

A antixenose, muitas vezes referida como não preferência, é uma característica manifestada pelo genótipo resistente que causa efeitos adversos no comportamento do inseto, seja repelindo-o e/ou impossibilitando a alimentação, oviposição e a utilização da planta como abrigo (PEETERS, 2002). Em essência, um determinado genótipo é menos preferido que outro nas mesmas condições ambientais. Os efeitos antixenóticos expressados pelos genótipos resistentes podem ser decorrentes de defesas morfológicas, físicas e bioquímicas (LARA, 1991).

As plantas com características de antibiose afetam negativamente a biologia do inseto. Os insetos se estabelecem normalmente nas plantas, no entanto, ao se alimentarem sofrem efeitos deletérios que variam de suave a letal (PAINTER, 1951). As implicações desse tipo de resistência são observadas na mortalidade das larvas, ninfas, na transformação para adulto, redução do crescimento, longevidade, fertilidade, fecundidade e aberrações comportamentais e fisiológicas dos insetos-praga (MORAIS; PINHEIRO, 2012). Inibidores de crescimento e/ou reprodução, toxinas, impropriedade alimentar são algumas das causas da resistência por antibiose (PAINTER, 1951).

A expressão da resistência de plantas a insetos-praga pode ser influenciada por fatores relacionados a planta, inseto e ambiente. Com relação às características das plantas, a manifestação da resistência pode ser influenciada pela idade, parte infestada, densidade foliar, infestação anterior por doenças ou outros insetos; quanto aos insetos, pondera-se a fase, idade, espécie, raça e biótipo, assim como, o tamanho da população e condicionamento pré-imaginal; no que diz respeito ao ambiente, destaca-se as condições edáficas e climáticas como disponibilidade de nutrientes, temperatura e umidade (MORAIS; PINHEIRO, 2012).

Mecanismos de defesa de planta

As plantas que expressam resistência por antixenose (não-preferência) e/ou antibiose recorrem a várias estratégias para evitar ou compensar os danos ocasionados pelo ataque dos insetos por meio de mecanismos morfológicos, físicos e bioquímicos (LARA, 1991). Todos esses mecanismos se expressam nas plantas constitutivamente como defesa pré-formada, ou induzidas após o ataque, com ação direta ou indireta sobre os insetos (FÜRSTENBERG-HÄGG; ZAGROBELNY; BAK, 2013).

As defesas morfológicas incluem características de superfície e anatômicas, como tricomas, estômatos, cerosidade, textura, forma, espessura e consistência da epiderme foliar,

que afetam o comportamento dos insetos quanto a seleção do hospedeiro para alimentação e/ou oviposição, locomoção e acasalamento (WAR; HUSSAIN; SHARMA, 2013).

Dentre as defesas morfológicas, os tricomas influenciam na alimentação/oviposição de inúmeros insetos. Os tricomas são apêndices epidérmicos, que variam quanto à densidade e tipos de acordo com a espécie ou o estágio de desenvolvimento da planta. Em geral, são classificados em tectores (não glandulares) ou glandulares (JEFREE, 1986). O primeiro funciona principalmente como defesa estrutural por interferir no movimento dos insetos e dificultar a acessibilidade desses à epiderme foliar para a alimentação. Enquanto, os glandulares, além de dificultar a digestão do tecido foliar, podem induzir efeitos de dissuasão à alimentação/oviposição dos insetos devido a liberação de compostos secundários (SARRIA et al., 2010).

O papel dos tricomas na defesa de planta foi observado em genótipos de soja (*Glycine max* L.) resistentes por reduzir a oviposição da lagarta falsa-medideira (*Chrysodeixis includens* (Walker)) (SCHLICK-SOUZA et al., 2018). Em meloeiro, as cultivares mais atrativas para a oviposição da mosca-branca (*Bemisia tabaci* biótipo B) caracterizaram-se pela alta pilosidade (COELHO et al., 2009); e, a alta densidade de tricomas glandulares e os compostos químicos por eles liberados impediram o estabelecimento de pulgões (*A. gossypii*) em genótipos resistentes (SARRIA et al., 2010). Por outro lado, a densidade de tricomas não teve influência na preferência da mosca-branca (*B. tabaci*) quanto a oviposição em genótipos de soja (*G. max*) (VALLE; LOURENÇÃO; PINHEIRO, 2012) e de algodão (*Gossypium hirsutum* L.) (PRADO et al., 2016).

Características foliares internas também conferem as plantas resistência aos danos ocasionados por insetos ou outros herbívoros (CHAMARTHI et al., 2011). A superfície externa da parede celular epidérmica de muitas plantas é espessa, revestida por cutículas que além de protegê-las contra a perda de água, impedem a ação de agentes patogênicos (VALKAMA et al., 2005) e de herbívoros (WOODMAN; FERNANDES, 1991). Cultivares de cravos (*Dianthus caryophyllus* L.) com tecido abaxial mais espesso dificultou a capacidade de ácaros vermelhos (*Tetranychus urticae* Koch) de se alimentarem do tecido esponjoso, sendo essas menos preferidas pelo aracnídeo (SEKI et al., 2016).

Plantas de trigo (*Triticum aestivum* L.), resistentes e suscetíveis, aumentam a permeabilidade epidérmica imediatamente após as larvas da mosca de Hessian (*Mayetiola destructor* (Say)) se alimentarem do tecido foliar como mecanismo de defesa (WILLIAMS et al., 2011). Lâminas foliares mais finas, em variedades de berinjela (*Solanum melongena* L.),

foram menos preferidas para a alimentação e oviposição pelas moscas-branca (*B. tabaci*) do que as lâminas mais grossas (HASANUZZAMAN et al., 2016).

Inerente às características físicas estão à cor e a refletância emitida pela planta que afeta principalmente a atratividade do inseto (GREEN et al., 2015). O brilho das folhas e a pigmentação da plúmula e da bainha foliar foram responsáveis pela resistência em genótipos de sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) à mosca do sorgo (*Atherigona soccata* (Rondani)) (CHAMARTHI et al., 2011). A preferência por oviposição da mosca-branca (*B. tabaci*), em genótipos de algodão (*G. hirsutum*), correlacionou-se negativamente com o nível de luminosidade da superfície foliar adaxial (PRADO et al., 2016).

Em campo, a abundância de pulgão-da-couve (*Brevicoryne brassicae* L.) variou com o brilho das folhas de repolho selvagem (*Brassica oleracea* L.) (GREEN et al., 2015). A coloração da folha foi considerada um indicativo de resistência à mosca-minadora (*L. sativae*) em genótipos de meloeiro, ao constatar que os genótipos com folhas mais claras foram menos preferidas (OLIVEIRA et al., 2017b). Genótipos de soja (*G. max*) com folhas mais verdes foram menos suscetíveis à oviposição da lagarta-falsa-medideira (*C. includens*) (SCHLICK-SOUZA et al., 2018).

Por outro lado, os mecanismos bioquímicos de defesa compreendem diversos compostos químicos, como metabólitos secundários, proteínas redutoras de digestibilidade e enzimas antinutricionais, produzidos constitutivamente ou em resposta a ação dos insetos sobre a planta, tendo como consequência, a não preferência dos insetos pela planta no caso de um novo ataque (AGRAWAL; GORSKI; TALLAMY, 1999; WAR et al., 2012). Além do mais, alguns fitoquímicos exclusivos são liberados pelas plantas para repelir ou inibir a alimentação dos insetos-praga (MORAIS; PINHEIRO, 2012).

Fontes de meloeiro resistentes à mosca-minadora

A obtenção de cultivares resistente depende do desenvolvimento de programas de melhoramento para a incorporação de alelos de resistência em cultivares comerciais. Para tanto, é de fundamental importância a identificação de fontes de resistência e a caracterização do tipo de herança do caráter de interesse. Em meloeiro, pesquisas são realizadas para avaliar acessos e linhagens, e identificar germoplasmas resistente à mosca-minadora.

De fontes aparentemente distintas, o acesso PI 282448, originário da África, e o PI 313970 da Índia foram selecionados como resistentes por antixenose à *Liriomyza* spp., sendo a resistência destes controlados por genes recessivos e parcialmente dominantes,

respectivamente (KENNEDY et al., 1978). Todavia, o acesso PI 313970, classificado como resistente, mostrou-se suscetível a espécie *L. sativae* (COSTA, 2017). Na busca por cultivares de meloeiro resistente à *L. trifolli*, a cultivar Nantais Oblong foi identificada como resistente por antibiose (DOGIMONT et al., 1999). Essa cultivar também se mostrou resistente por antibiose à *L. sativae*, assim como, o acesso AM 55 e o híbrido Rutênio (COSTA, 2017).

O genótipo ‘Guaporé’ junto com os acessos A5, A22, A29, A42 e A44 foram os menos atacados pela *L. sativae* possivelmente pela existência de fatores antixenóticos (LIMA, 2012). Em avaliações em campo e casa de vegetação, o acesso AC-22 foi o único, dos 22 genótipos avaliados, que interferiu no desenvolvimento larval da *Liriomyza* spp., indicando que o referido acesso possui resistência do tipo antibiose (NUNES et al., 2013). Os genótipos NO23, NO24, NO26 e G76 destacaram-se quanto à resistência por antibiose sobre as larvas da *L. sativae*. Logo, esses são fontes promissoras para os programas de melhoramento genético da cultura para desenvolvimento de uma variedade resistente (NOGUEIRA, 2016).

Em ensaio com e sem chance de escolha, os genótipos 343 e AC43 foram identificados como resistentes à *L. sativae* por antixenose, e os 339, 346, 343, 341, 334, 331, 333, 313 e 330 por antibiose (OLIVEIRA, 2017). Os acessos CNPH 11-282, CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077, provenientes do Banco de Germoplasma da Embrapa Hortaliças, com características antixenóticas foram recomendados para futuras pesquisas com enfoque na introgressão da resistência à *L. sativae* em genótipos-elite (OLIVEIRA et al., 2017b; CELIN et al., 2017a). Novas fontes de resistência por antibiose (BAGMEL 56 e CNPH 00-915) foram identificadas, e com avanços de gerações e sucessivas seleções de indivíduos foram obtidas linhagens resistentes e suscetíveis à *L. sativae* (CELIN et al., 2017a).

Herança genética em plantas

Para a análise de geração é necessário a realização de cruzamentos controlados, que devem ser realizados entre genitores homozigotos contrastantes para a característica de interesse. Esses cruzamentos resultam em híbridos F₁, heterozigotos não segregantes que dão origem as sucessivas gerações segregantes (F₂, F₃, F₄, em diante) até atinge a homozigose completa. Os retrocruzamentos são outra forma de cruzamentos, em que são cruzadas plantas F₁ com o genitor 1 (RC₁) e com genitor 2 (RC₂). Em seguida, toda a população obtida, incluindo os genitores, é avaliada a fim de constatar a segregação fenotípica, a interação alélica e o número de genes envolvidos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO 2012).

A herança genética da resistência de plantas a insetos-praga pode ser de natureza qualitativa ou quantitativa. A resistência qualitativa é expressa por poucos genes ou um único gene resultando em classes fenotípicas distintas, plantas resistentes ou suscetíveis. Esses genes são facilmente identificados e transferidos de um genótipo para outro. A resistência controlada por vários genes, denominada quantitativa, apresenta uma distribuição contínua de danos, classificados desde altamente suscetível a altamente resistente, com efeito do ambiente pronunciado (MORAIS; PINHEIRO, 2012).

A estimativa do número de genes é um indicativo do tipo herança que controla o caráter de interesse, podendo ser de natureza monogênica, oligogênica ou poligênica. No caso de herança monogênica, as hipóteses de segregação fenotípicas são avaliadas pelo teste do qui-quadrado, para verificar se os desvios entre os valores esperados e os observados são significativos, em determinado nível de probabilidade. No estudo de caracteres quantitativos, esse se baseia na estimativa dos componentes de variância, covariância e média. O conhecimento do número de genes envolvidos na expressão de um caráter é de fundamental importância no que se refere à estimativa de probabilidade de obter determinado genótipo em uma população segregante (RAMALHO et al., 2012).

A análise genética das variâncias e médias de gerações tem sido empregada em estudos de herança com o intuito de determinar o controle genético dos caracteres de interesse em culturas agrícolas. Com a análise genética dos genitores, suscetível (JY30) e resistente (EP6392), gerações F_1 , F_2 e dos retrocruzamentos (RC_1 e RC_2) foi elucidado que a herança da resistência do pepino (*C. sativus*) ao pulgão (*A. gossypii*) é controlada por um gene principal aditivo e dominante e por poligenes de efeito dominante (LIANG et al., 2015). O número de genes envolvidos no controle da resistência do acesso de melancia (*Citrulus lanatus* var. *lanatus*) PI 595201 ao vírus PRSV-W foi estimado em dois, com predomínio de efeitos aditivos, seguidos de efeitos de dominância incompleta na avaliação das médias e variâncias da resistência dos genitores (P_1 e P_2), geração F_1 e gerações segregantes (F_2 , RC_1 e RC_2) (ALVES et al., 2014).

Quanto à herança genética da resistência à mosca-minadora em genótipos de meloeiro, a análise de genitores contrastantes (P_1 e P_2) e das gerações (F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2), permitiu elucidar que a resistência à *L. trifolii*, observada no cultivar Nantais Oblong, é controlada por um único gene (DOGIMONT et al., 1999); enquanto para a fonte BAGMEL 56-R e a linhagem A915.34.08, foi verificado que a herança da resistência à *L. sativae* tratou-se de um gene com dominância completa (CELIN et al., 2017b) e de natureza oligogênica com até quatro genes envolvidos (LEITÃO, 2018), respectivamente.

A elucidação da herança genética é de fundamental importância para a estruturação de um programa de melhoramento visando à resistência à mosca-minadora, de modo que, os dados obtidos com a análise de geração possibilitam direcionar na escolha do melhor método de melhoramento e na seleção das progênes, proporcionando maior sucesso na obtenção de cultivares de meloeiro resistente.

3 CAPÍTULO 1 - CARACTERIZAÇÃO E ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES FOLIARES E A RESISTÊNCIA À MOSCA-MINADORA EM GENÓTIPOS DE MELOEIRO

RESUMO

Na busca por genótipos de meloeiro (*Cucumis melo* L.) resistentes à mosca-minadora é essencial conhecer a divergência genética entre genótipos e os mecanismos de defesa envolvidos na resistência. Assim, o objetivo desse trabalho foi caracterizar genótipos de meloeiro, associando caracteres foliares à resistência à *Liriomyza sativae*. Para tanto, os acessos CNPH 11-1077, CNPH 11-1072 e CNPH 94-244, previamente identificados como resistentes, e híbridos comerciais Goldex e Iracema, suscetíveis ao inseto, foram avaliados quanto à resistência por antixenose (número de minas) e antibiose (viabilidade larval e pupal) à mosca-minadora. Análises colorimétricas (sistema L*a*b*) e morfológicas (anatomia interna, quantificação e tipificação de tricomas) foram realizadas visando estabelecer associações entre caracteres foliares e a resistência ao inseto. O acesso CNPH 94-244 foi menos preferido pela *L. sativae* do que os híbridos. O CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077 apresentaram antibiose por reduzir a viabilidade larval e pupal. A resistência do CNPH 94-244 foi associada a cor verde (a*) menos intensa e a densidade de tricomas glandulares. Nos acessos CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077, os caracteres foliares associados à resistência foram a espessura dos parênquimas paliçádico e esponjoso. A suscetibilidade do ‘Iracema’ mostrou que a média de minas está associada à abundância de tricomas tectores. No ‘Goldex’, a média de minas foi associada à alta luminosidade (L*) e a cor amarela (b*) mais intensa. Portanto, a associação de caracteres foliares à resistência é genótipo-dependente. O híbrido Iracema é um padrão de suscetibilidade à *L. sativae* e o acesso CNPH 94-244 é o mais promissor quanto à resistência por antixenose. Além disso, a alimentação larval ocorreu exclusivamente no parênquima paliçádico dos genótipos estudados, seja resistente ou suscetível à mosca-minadora.

Palavras-chave: *Cucumis melo*. *Liriomyza sativae*. Antixenose. Morfologia foliar. Tricomas.

CHARACTERIZATION AND ASSOCIATION BETWEEN LEAF TRAITS AND RESISTANCE TO LEAFMINER IN MELON GENOTYPES

ABSTRACT

In the search for leafminer resistant melon (*Cucumis melo* L.) genotypes it is essential to know the genetic divergence between genotypes and the defense mechanisms involved in the resistance. Thus, the objective of this work was to characterize melon genotypes, associating leaf characters with resistance to *Liriomyza sativae*. For this purpose, CNPH 11-1077, CNPH 11-1072 and CNPH 94-244 accessions, previously identified as resistant, and commercial insect susceptible hybrids Goldex and Iracema were evaluated for antixenosis resistance (number of leafminers) and antibiosis (larval and pupal viability) to the leafminer. Colorimetric (L*a*b* system) and morphological (internal anatomy, quantification and trichome typing) analyzes were performed to establish associations between leaf traits and insect resistance. CNPH 94-244 accession was less preferred by *L. sativae* than hybrids. CNPH 11-1072 and CNPH 11-1077 accessions presented antibiosis for reducing larval and pupal viability. CNPH 94-244 accession resistance was associated with less intense green color (a*) and density of glandular trichomes. In CNPH 11-1072 and CNPH 11-1077 accessions, leaf characters associated with resistance were thickness of palisade and spongy parenchyma. The susceptibility of 'Iracema' hybrid showed that the average of leafminers is associated with the abundance of tector trichomes. In 'Goldex' hybrid, the average of leafminers was associated with high luminosity (L*) and more intense yellow color (b*). Therefore, the association of leaf characters with resistance is genotype dependent. The Iracema hybrid is a susceptibility pattern to *L. sativae* and CNPH 94-244 accession is the most promising for antixenosis resistance. In addition, larval feeding occurred exclusively in the palisade parenchyma of studied genotypes, either resistant or susceptible to the leafminer.

Keywords: *Cucumis melo*. *Liriomyza sativae*. Antixenosis. Leaf morphology. Trichomes.

INTRODUÇÃO

A mosca-minadora (*Liriomyza* spp.) é uma espécie polífaga que se tornou uma praga agrícola grave em várias partes do mundo (BLACKET et al., 2015). No Brasil, um dos primeiros relatos de espécies do gênero *Liriomyza* atacando cultivos agrícolas foi registrado em São Paulo, na estação experimental de Campinas nos cultivos de melancia (ROSETTO; MENDONÇA, 1968). Todavia, até meados da década de 1990 não era considerada praga-chave para a cultura do meloeiro (*Cucumis melo* L.) (GUIMARÃES et al., 2005). Desde então, a mosca-minadora se disseminou rapidamente pelos campos de produção ocasionando sérios danos, sendo responsável por perdas em produtividade e qualidade dos frutos (BRAGA SOBRINHO et al., 2011).

Nos campos de produção de meloeiro, os produtores geralmente usam inseticidas para o controle eficaz da mosca-minadora. Contudo, o uso indiscriminado desses defensivos não seletivos e sem rotação de princípios ativos favorece o desenvolvimento de populações resistentes de insetos-praga (WEI et al., 2014), surto de novas pragas-chave (GUIMARÃES et al., 2009) e redução de insetos benéficos, como inimigos naturais e polinizadores (DEVKOTA et al., 2016). A contaminação dos alimentos e ecossistemas caracterizam outros pontos negativos pelo uso incorreto do controle químico.

Dentre os métodos de controle que minimizam os efeitos adversos dos inseticidas, a utilização de genótipos resistentes destaca-se por ser uma tecnologia econômica, eficiente, ambientalmente correta e compatível a outros métodos de controle (GALLO et al., 2002). Entretanto, desenvolver plantas resistentes não é uma atividade simples. Para tanto, é de fundamental importância que se tenha conhecimento dos recursos genéticos disponíveis.

Na definição de genitores para programas de melhoramento de plantas, o conhecimento da variabilidade genética aperfeiçoa o uso de recursos genéticos. No germoplasma de meloeiro, a divergência genética disponível tem se mostrado promissora quanto à seleção de genótipos resistentes à mosca-minadora por antixenose e/ou antibiose, como: os acessos PI 282448 e PI 313970 (KENNEDY et al., 1978); Nantais Oblong (DOGIMONT et al., 1999); AC-22 (NUNES et al., 2013); CNPH 11-1072, CNPH 11-1077, CNPH 94-244, BAGMEL 56 e CNPH 00-915 (CELIN et al., 2017a). Entretanto, além da identificação de fontes, também é necessário elucidar a natureza genética e os mecanismos de defesa envolvidos na resistência dos genótipos, para um melhor aproveitamento desses recursos.

Estudos realizados sobre resistência de plantas a insetos mostram que plantas com resistência por antixenose e/ou antibiose possuem características fenotípicas que condicionam

menor infestação de insetos-praga em comparação a outros genótipos suscetíveis. Tais características podem ser decorrentes de mecanismos de defesas morfológicos, físicos e/ou bioquímicos (FÜRSTENBERG-HÄGG; ZAGROBELNY; BAK, 2013). Em plantas com antixenose, os mecanismos de defesa interferem no comportamento dos insetos em relação ao hospedeiro (WAR et al., 2012). E, nas resistentes por antibiose causam redução na sobrevivência dos insetos, prolongamento do período de desenvolvimento, redução do tamanho, peso e fertilidade (MORAIS; PINHEIRO, 2012).

Na manifestação da resistência de plantas a insetos, já foram reportados como mecanismos de defesa, a coloração foliar em genótipos de soja (*Glycine max* L.) (SCHLICK-SOUZA et al., 2018); o brilho das folhas de repolho selvagem (*Brassica oleracea* L.) (GREEN et al., 2015); a anatomia foliar interna em cultivares de cravos (*Dianthus caryophyllus* L.) (SEKI et al., 2016); e, os tipos e densidade de tricomas em soja (*G. max*) (SCHLICK-SOUZA et al., 2018). Em genótipos de meloeiro, a alta pilosidade nas folhas teve associação positiva à atratividade da mosca-branca (*Bemisia tabaci* biótipo B) para a oviposição (COELHO et al., 2009); compostos químicos liberados por tricomas glandulares em genótipos resistentes impediram o estabelecimento de pulgões (*Aphis gossypii* Glover) (SARRIA et al., 2010); e, a luminosidade das folhas foram correlacionadas a não-preferência da mosca-minadora (*Liriomyza sativae* Blanchard) (OLIVEIRA et al., 2017b).

As plantas durante o processo evolutivo desenvolvem estratégias defensivas dinâmicas e eficazes contra o ataque de insetos-praga (MELLO; SILVA-FILHO, 2002); contudo, específicas a cada interação genótipo vs inseto. Portanto, identificar os mecanismos de defesa envolvidas na resistência à mosca-minadora, em genótipos de meloeiro, permitirá entender como as plantas se adaptam para reduzir o ataque desse inseto. Além disso, os mecanismos de defesa podem ser explorados como marcadores biológicos para auxiliar na seleção de genótipos resistentes.

Nesse contexto, o objetivo deste estudo foi caracterizar genótipos de meloeiro, associando caracteres foliares à resistência à *Liriomyza sativae*.

MATERIAL E MÉTODOS

As plantas para os ensaios foram conduzidas em casa de vegetação, e as infestações com e sem escolha, análise colorimétrica e a coleta das amostras da lâmina foliar foram realizadas no Laboratório de Melhoramento e Recursos Genéticos Vegetais, pertencente à Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE. As análises de microscopia óptica (MO) e eletrônica de varredura (MEV) foram realizadas no Laboratório de Biologia Celular Vegetal e

na Central Analítica, respectivamente, ambos do Centro de Ciências da Universidade Federal do Ceará (UFC).

Germoplasma

Os acessos de meloeiro CNPH 11-1072 (PI 313970; coletado na Índia), CNPH 11-1077 (PI 157083; coletado na China) e CNPH 94-244 (“Pepino de Neve”, coletado no Brasil), oriundos do Banco Ativo de Germoplasma de Meloeiro da Embrapa Hortaliças, identificados como resistentes por antixenose (KENNEDY et al., 1978; CELIN et al., 2017a), e os híbridos comerciais Goldex[®] e Iracema[®], suscetíveis ao inseto, foram avaliados quanto à resistência à mosca-minadora e a caracteres foliares.

Obtenção das plantas de meloeiro

Uma semente por célula foi semeada a 1,0 cm de profundidade em bandeja de polietileno de 200 células preenchidas com substrato à base de pó de fibra de coco e substrato comercial Germinaplant[®], na proporção 1:1. As bandejas permaneceram por dois dias protegidas da luminosidade e decorrido esse período foram levadas para a casa de vegetação.

No décimo segundo dia após o semeio, as plântulas foram transplantadas para vasos de polietileno com capacidade de 0,3 litros, preenchidos com o substrato comercial, húmus de minhoca e areia, na proporção 1:1:1. As plantas permaneceram em casa de vegetação do plantio até o momento da infestação, sendo irrigadas duas vezes ao dia. Durante esse período, a temperatura e a umidade relativa média registrada na casa de vegetação foi de 28,9 °C e 67,6%, respectivamente.

Ensaio de resistência

Antixenose

As plantas de meloeiro com três folhas verdadeiras completamente expandidas foram submetidas à infestação com *L. sativae* com e sem escolha. Para ambas as condições de infestação, foram utilizadas cinco gaiolas de madeira (59,5 x 46,5 x 40,5 cm) revestidas com tecido *voil*, contendo dez plantas cada. No primeiro caso, duas plantas de cada um dos cinco genótipos foram colocadas nas gaiolas, de modo que, os insetos tinham opção de escolher entre os genótipos. No segundo, plantas de cada genótipo foram colocadas em gaiola individuais, caracterizando o ensaio sem escolha, onde os insetos não tiveram a oportunidade de se deslocarem para outro genótipo. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado.

As gaiolas, de ambos os ensaios, foram dispostas sobre a bancada do laboratório sob luz constante. Posteriormente, foram liberados quatro casais de moscas por planta, com idade de 48 horas, por um período de 20 horas. Os insetos utilizados nos ensaios foram oriundos da criação mantida em laboratório e multiplicados em feijão de porco (*Canavalia ensiformis* L.). A temperatura e a umidade relativa média do laboratório durante a infestação foi de 28,8 °C e 75%, respectivamente. Após a infestação, as plantas foram retiradas das gaiolas e levadas para a casa de vegetação, onde permaneceram por 72 horas, até a avaliação. A avaliação consistiu em quantificar o número de minas por folha de cada planta.

Antibiose

Para verificar a existência de resistência por antibiose, após a quantificação do número de minas (NM), 14 plantas de cada genótipo foram levadas para o laboratório e, nas folhas com minas foram colocados copos descartáveis para a coleta de pupas. A avaliação quanto ao número de pupas (NP) foi realizada em dois momentos, no sétimo e no nono dia após a infestação. Posteriormente, as pupas foram transferidas para tubos de ensaio devidamente identificados e vedados com filme PVC. Após a emergência foi quantificado o número de adultos (NA). A partir dos números de minas, pupas e adultos estimou-se a viabilidade larval ($VL = NP/NM \cdot 100$) e a pupal ($VP = NA/NP \cdot 100$), por planta.

Caracteres foliares

Com o intuito de associar caracteres foliares como possíveis mecanismos de defesa relacionados à resistência à mosca-minadora em meloeiro foram realizadas análises colorimétrica e morfológica nas folhas dos genótipos avaliados.

Análise colorimétrica das folhas

Antes da infestação das plantas de meloeiro com moscas-minadora, foi realizada a análise colorimétrica das folhas, coletando os valores triestímulos básicos em duas folhas completamente expandidas de cada planta (20 por genótipo). A cor foi determinada usando um colorímetro digital Konica Minolta® - modelo CR-300, no sistema colorimétrico CIELAB, definido por L*, a* e b*. A coordenada L* corresponde à luminosidade que varia do preto ao branco e, a* e b* referem-se às coordenadas de cores do verde (-a) ao vermelho (+a) e do azul (-b) ao amarelo (+b), respectivamente.

Análise morfológica das folhas

Para a análise morfológica foram coletados pequenos pedaços equidistantes da 4ª folha de 6 plantas (repetição) de cada genótipo, após a avaliação do número de minas dos ensaios de resistência. Em seguida, os pedaços foram fixados em solução Karnovsky (KARNOVSKY, 1965) com modificações, diluída em solução tampão fostato 0,2 M, pH 7,2. Esses foram acondicionados em geladeira até o processamento, que consistiu na preparação do material vegetal para as observações anatômicas em microscopia óptica (MO) e estrutural (tricomias) em microscopia eletrônica de varredura (MEV).

Para o estudo da anatomia foliar, pedaços do limbo foliar foram desidratados em série etílica crescente (50, 60, 70, 80, 90 e 100%), por uma hora cada. Após a desidratação, foram incluídos em historresina (Leica) e obtidos seções transversais de 6 µm, com o uso do micrótomo, para a preparação das lâminas histológicas. As seções transversais, de cada repetição, foram submetidas a reação do PAS (Ácido Periódico-Schiff PAS). Depois de coradas, as seções foram analisadas em microscópio óptico de luz (modelo BX41, Olympus Optical) acoplada a uma câmera digital (modelo UC30) e a um computador. Por meio do software CellSens Entry®, foram obtidas quatro imagens por repetição e em cada imagem foram realizadas quatro medições por variável avaliada, sendo: espessura da epiderme da face adaxial (ED) e abaxial (EB), do parênquima paliádico (PP), parênquima esponjoso (PE) e da lâmina foliar (LF).

Para a quantificação e tipificação dos tricomas, amostras do limbo foliar foram lavadas com três trocas de tampão fosfato, e desidratadas em série etílica nas concentrações de 50, 70, 90% e 100%, essa última por 3 vezes, em intervalos de 45 minutos cada. Na sequência, as amostras foram secas via ponto crítico com CO₂, montadas em *stubs* e metalizadas a vácuo com uma película de ouro. Posteriormente, em microscópio eletrônico de varredura (Inspect-50 Fei®), sob uma voltagem de aceleração de 15 KV, foram obtidas duas imagens por repetição, sendo uma da face adaxial da folha e outra da abaxial, e nessas foram quantificados a densidade e os tipos de tricomas, em uma área de 7,8 mm².

Análise Estatística

Os dados de número de minas (antixenose), viabilidade larval e pupal (antibiose), bem como os das análises colorimétrica e morfológica (caracteres foliares) foram submetidos à análise de variância, e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de significância. Os dados de número de minas foram analisados em arranjo fatorial 5 x 2 (cinco genótipos e duas condições de infestação: com e sem escolha). A caracterização dos genótipos foi feita por

meio da análise de componentes principais *biplot*, com base nas variáveis avaliadas (GABRIEL, 1971). Também foi empregada a análise de seleção de variáveis por *Stepwise* para gerar modelos de regressão múltipla, a 15% de significância, e identificar os caracteres foliares que melhor expliquem as variáveis usadas para medir a resistência (número de minas, viabilidade larval e pupal) dos genótipos de meloeiro. Para tanto, foram feitas todas as verificações das pressuposições para as análises de variância como para pontos discrepantes, homogeneidade de variância, distribuição normal dos resíduos e tamanho de amostra, e para necessidade de transformação foi usado o método potência ótima de Box e Cox (1964). Todas as análises estatísticas foram realizadas por meio do software SAS[®], versão Studio (SAS INSTITUTE, 2010).

RESULTADOS

Resistência

Na antixenose, a interação entre genótipos e condições de infestação (com e sem escolha) foi significativa. Observando entre as condições de infestação, o híbrido Iracema foi mais preferido quando os insetos tiveram chance de escolha entre os genótipos. Os demais genótipos não diferiram quanto ao nível de danos, independente da condição de infestação (Tabela 1).

Tabela 1. Composição de médias do número de minas por folha, em ensaios com e sem escolha, viabilidade larval e pupal de *L. sativae* em genótipos de meloeiro

Genótipos	Antixenose		Antibiose	
	Com escolha	Sem escolha	Viabilidade larval (%)	Viabilidade pupal (%)
CNPH 11-1072	5,12 bcA	3,08 bA	50,43 b	66,21 b
CNPH 11-1077	8,39 bcA	8,52 abA	45,43 b	57,86 b
CNPH 94-244	3,03 cA	3,19 bA	80,14 a	85,54 a
'Goldex'	12,92 bA	14,66 aA	80,67 a	76,21 a
'Iracema'	24,56 aA	11,46 aB	89,87 a	86,98 a
Média±EP ¹	10,80±1,34	8,18±0,77	69,31±2,87	74,56±2,45
IC _{95%}	7,76;13,18	6,62;9,74	63,68;75,14	69,66;79,45
CV %	48,86		23,98	23,91

Médias seguidas da mesma letra minúscula, coluna, e maiúscula, na linha, não diferem entre si, pelo teste de Tukey a 5% de significância. ¹/EP: erro-padrão.

No ensaio em que os genótipos foram oferecidos simultaneamente aos insetos

(com escolha), o 'Iracema' foi o mais preferido para a oviposição em relação aos demais genótipos. Quanto aos acessos portadores de alelos de resistência, o CNPH 94-244 foi o menos atacado pela mosca-minadora em comparação ao 'Goldex' e 'Iracema'; enquanto os acessos CNPH 11-1072 e CNPH 11-2077, apesar de apresentar número de minas por folha semelhante ao CNPH 94-244, não diferiram do 'Goldex' (Tabela 1). Quando os insetos foram confinados ao um único genótipo (ensaio sem escolha), os híbridos Goldex e Iracema foram mais infestados em relação aos acessos CNPH 11-1072 e CNPH 94-244. Entretanto, o acesso CNPH 11-1077 apresentou nível de dano semelhante tanto em relação aos híbridos quanto aos acessos anteriormente citados (Tabela 1).

Quanto à resistência por antibiose, foi observado que os acessos CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077 apresentaram uma redução significativa tanto no percentual de insetos que completou os instares larvais quanto nos que se tornaram adultos, em comparação aos demais genótipos. Todavia, a expressão da antibiose nesses acessos foi moderada, visto que a viabilidade larval e pupal ficaram entre 45 e 67% (Tabela 1). O CNPH 94-244 foi um dos genótipos menos preferido pela mosca-minadora, no entanto, não apresentou diferença quanto ao desenvolvimento larval e ao número de insetos adultos quando comparados ao 'Goldex' e 'Iracema' (Tabela 1).

Caracteres foliares

Os genótipos diferiram quanto as variáveis colorimétricas foliares avaliadas (Tabela 2). Para a luminosidade (L^*), o 'Goldex' apresentou as folhas mais claras, e o acesso CNPH 94-244 as mais escuras. A coloração verde (a^*) e amarela (b^*) de maior intensidade foi observada no 'Goldex' e, as menos intensas foram registradas nas folhas do acesso CNPH 94-244. Os genótipos CNPH 11-1072, CNPH 11-1077 e 'Iracema' exibiram variáveis colorimétricas L^* , a^* e b^* intermediárias em relação ao CNPH 94-244 e 'Goldex' (Tabela 2).

Com base nas imagens da anatomia foliar dos genótipos, constatou-se que a lâmina foliar do meloeiro é constituída pelas epidermes, adaxial e abaxial, formadas por uma única camada de células e, pelos parênquimas paliçádicos e esponjosos que compõe o mesófilo foliar. O parênquima paliçádico localiza-se logo após a epiderme adaxial e se caracteriza por células alongadas dispostas lado a lado. Já o parênquima esponjoso tem por características células de formatos variados e com espaços entre as mesmas. Desses tecidos, a larva da mosca-minadora, nos genótipos avaliados, alimentou-se apenas do parênquima paliçádico (Figura 1).

Tabela 2. Análise colorimétrica, espessura dos tecidos foliares, densidade e tipos de tricomas nas faces adaxial e abaxial em folhas de genótipos de meloeiro contrastantes quanto à resistência à *L. sativae*

Genótipos	Folha							
	Cor (sistema Lab*)			Tecidos foliares ¹ (mm)				
	L*	a*	b*	ED	PP	PE	EB	LF
CNPH 11-1072	40,30 b ²	-15,69 c	17,02 b	17,12 bc ²	67,20 a	92,79 a	11,66 b	188,76 a
CNPH 11-1077	40,01 b	-15,31 bc	16,71 b	18,75 a	56,95 b	79,84 b	12,55 ab	168,08 b
CNPH 94-244	38,30 c	-11,73 a	11,55 c	18,44 ab	68,47 a	88,11 ab	13,29 a	188,30 a
'Goldex'	42,44 a	-17,73 d	20,13 a	16,66 c	45,29 c	62,24 c	11,31 b	135,49 c
'Iracema'	40,37 b	-14,26 b	15,80 b	16,48 c	40,94 c	60,04 c	11,07 b	128,52 c
Média±EP ³	40,29±0,18	-14,94±0,23	16,24±0,32	17,49 ± 0,18	55,77 ± 0,73	76,60 ± 1,15	11,98 ± 0,17	161,83 ± 1,94
IC _{95%}	39,92;40,66	-15,40;-14,49	15,59;16,90	17,11;17,85	54,32;57,21	74,32;78,87	11,63;12,32	158,01;165,65
CV %	3,27	-8,14	11,00	23,09	20,96	28,34	31,44	21,11

Genótipos	Tricomas (quantidade/mm ²)					
	Adaxial			Abaxial		
	Tector	Glandular	Total	Tector	Glandular	Total
CNPH 11-1072	41,17 b ²	8,17 bc	49,33 b	75,67 b	4,67 b	80,33 b
CNPH 11-1077	54,67 ab	16,50 ab	71,17 ab	108,67 b	8,50 b	117,17 b
CNPH 94-244	53,00 ab	18,83 a	71,83 ab	104,83 b	14,00 a	118,83 b
'Goldex'	69,50 a	6,67 c	76,17 a	322,17 a	8,17 b	330,33 a
'Iracema'	68,67 a	5,50 c	74,17 ab	311,17 a	3,33 b	314,50 a
Média±EP ³	57,40±2,80	11,13±1,37	68,53±3,21	184,50±20,59	7,73±0,88	192,23±20,43
IC _{95%}	51,66;63,13	8,31;13,94	61,96;75,10	142,37;266,62	5,93;9,53	150,42;234,03
CV %	20,46	49,45	22,83	13,48	41,78	13,99

¹/ED - epiderme adaxial, PP - parênquima paliçádico, PE - parênquima esponjoso, EB - epiderme abaxial, LF - lâmina foliar (espessura foliar total). ²/Médias seguidas da mesma letra, na coluna, não diferem entre si, pelo teste de Tukey a 5% de significância. ³/EP: erro-padrão.

Os acessos CNPH 11-1077 e CNPH 94-244 apresentaram maiores espessuras de epiderme adaxial, diferindo dos híbridos Goldex e Iracema. O CNPH 11-1072 apresentou espessura intermediária desse tecido, igualando-se ao CNPH 94-244 e aos híbridos, e diferindo do CNPH 11-1077 (Tabela 2). Os parênquimas paliçádicos e esponjosos, e as lâminas foliares de maior espessura foram observados nos acessos CNPH 11-1072 e CNPH 94-244 e, os de menor espessura nos híbridos. O CNPH 11-1077 foi intermediário quanto à espessura desses tecidos, exceto por não diferir do CNPH 94-244 na espessura do parênquima esponjoso (Tabela 2). Quanto à epiderme abaxial, o genótipo CNPH 94-244 foi mais espesso, em comparação ao CNPH 11-1072, 'Goldex' e 'Iracema'. O acesso CNPH 11-1077 foi intermediário, assemelhando-se aos demais (Tabela 2).

Tricomas tectores e glandulares foram observados em ambas as faces do limbo foliar dos genótipos avaliados (Figura 2).

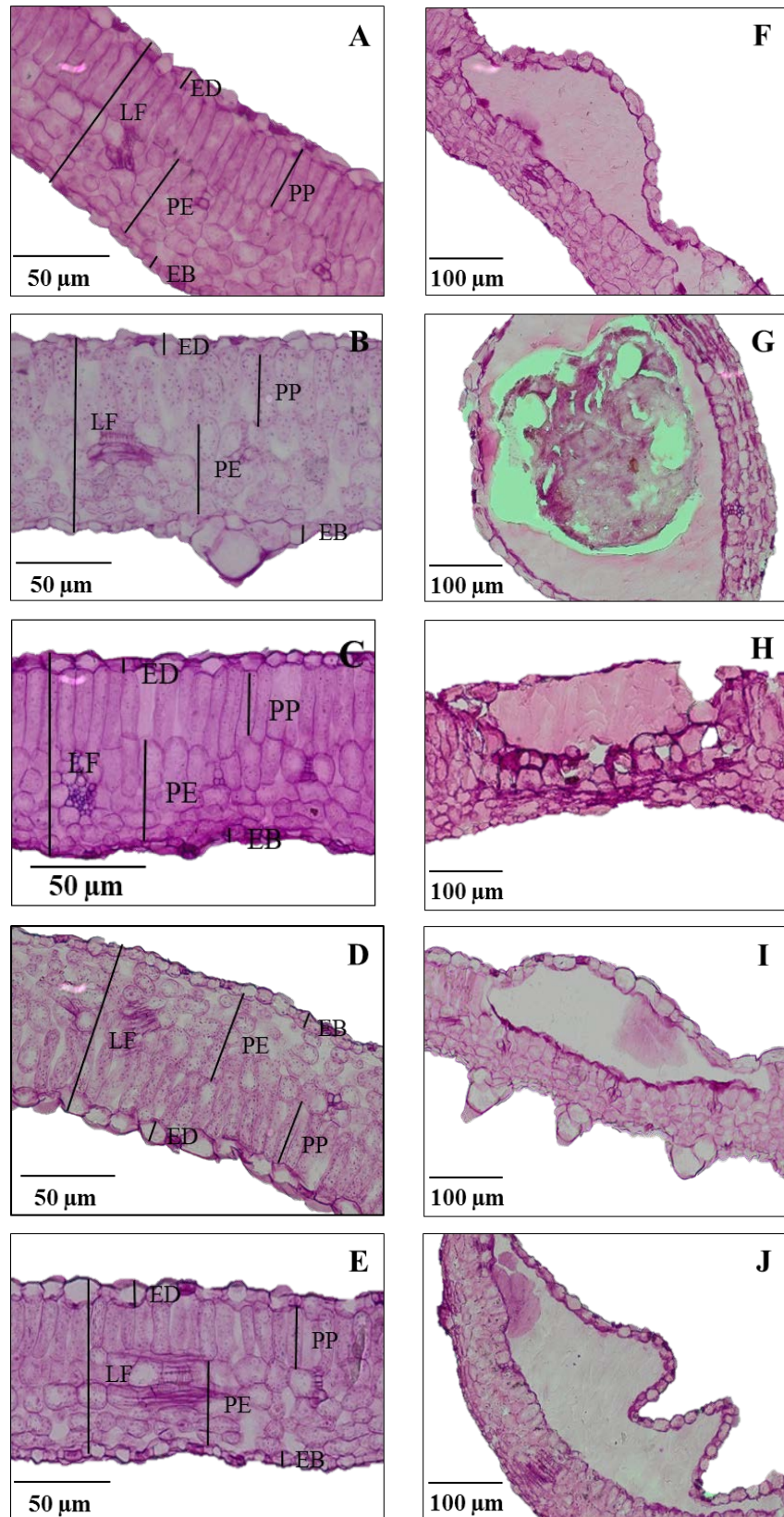


Figura 1. Seções transversais das lâminas foliares de genótipos¹ de meloeiro, sem (imagens a esquerda) e com (imagens a direita) dano causado pela larva de *L. sativae*. ¹A/F - CNPH 11-1072; B/G - CNPH 11-1077; C/H - CNPH 94-244; D/I - ‘Goldex’; e, E/J - ‘Iracema’. ED - epiderme adaxial, PP - parênquima paliçádico, PE - parênquima esponjoso, EB - epiderme abaxial, LF - lâmina foliar (espessura foliar total).

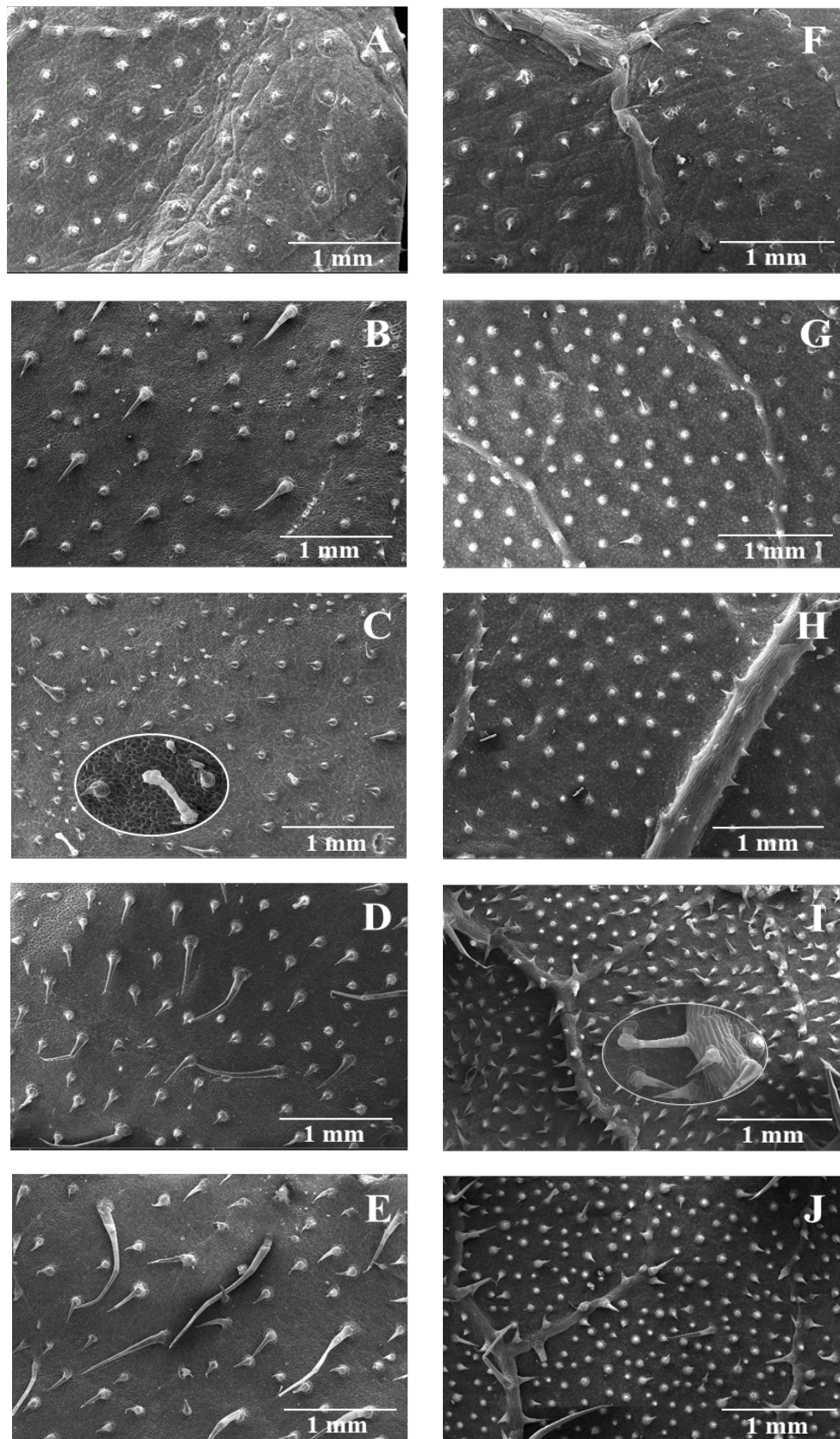


Figura 2. Tricomas tectores e glandulares nas faces adaxial e abaxial de folhas de genótipos¹ de meloeiro. ¹A/F - CNPH 11-1072; B/G - CNPH 11-1077; C/H - CNPH 94-244; D/I - 'Goldex'; e, E/J - 'Iracema' (adaxial/abaxial).

O genótipo com menor densidade de tricomas tectores, na face adaxial, foi o acesso CNPH 11-1072, contudo, o mesmo diferiu somente das densidades de tricomas observadas nos híbridos Goldex e Iracema. Os acessos CNPH 94-244 e CNPH 11-1077 foram os genótipos que apresentaram a maior densidade de tricomas glandulares por milímetro quadrado na face adaxial, diferindo do 'Goldex' e do 'Iracema'; quanto ao acesso CNPH 11-1072, esse apresentou uma quantidade de tricomas semelhante as observadas nos genótipos CNPH 11-1077, 'Goldex e 'Iracema' (Tabela 2). O número médio de tricomas total, na face adaxial, variou de 49,33 (CNPH 11-1072) a 76,17 tricomas/mm² ('Goldex'), os quais diferiram entre si. Por vez, os genótipos CNPH 11-1077, CNPH 94-244 e 'Iracema' apresentaram uma quantidade intermediária, não diferindo entre si e dos demais genótipos (Tabela 2).

A maior densidade de tricomas do tipo tector e o total, na face abaxial, foram observadas nos híbridos Goldex e Iracema. O acesso CNPH 94-244 apresentou o maior número de tricomas glandulares na face abaxial, diferindo dos demais genótipos (Tabela 2).

Associação entre a resistência e os caracteres foliares

A análise de componentes principais evidenciou que o primeiro componente (CP1) concentrou 61,53% da variação total, enquanto o segundo (CP2) representou 24,08% (Figura 3). Desse modo, os genótipos avaliados podem ser visualizados em um plano (2D), pois exibe 85,61% da variação. As variáveis que mais contribuíram positivamente para o CP1 foram a espessura dos parênquimas paliçádico (PP) e esponjoso (PE), e da epiderme abaxial (EB) e, negativamente, foram a média de minas (MM) por folha e de tricomas tectores na face abaxial (TB) da folha dos meloeiros avaliados. Quanto ao CP2, positivamente, foram as viabilidades larval (VL) e pupal (VP) e o eixo a* (verde) e, negativamente, o eixo b* (amarelo), ambos do sistema L*a*b*.

Na análise de componentes principais (Figura 3), o acesso CNPH 94-244 se caracterizou por apresentar folhas com baixa intensidade da cor verde (a*) e de cor amarela (b*), e com menor luminosidade (L*). Além do mais, apresentaram epidermes adaxial (ED) e abaxial (EB) mais espessas, e maior quantidade de tricomas glandulares (GD e GB), em ambas as faces do limbo foliar. Os acessos CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077 expressaram os parênquimas paliçádico (PP) e esponjoso (PE) mais espessos, menor média de minas (MM) por folha, baixa viabilidade larval (VL) e pupal (VP), poucos tricomas tectores (TD e TB), em ambas as faces do limbo foliar. O híbrido Iracema se diferenciou pela alta média de minas (MM) por folha, viabilidade larval (VL) e pupal (VP), maior abundância de tricomas tectores (TD e TB) nas faces adaxial e abaxial da folha, e por apresentar os parênquimas paliçádico

(PP) e esponjoso (PE) menos espessos. O híbrido Goldex tem como característica, folhas com maior intensidade de amarelo (b^*) e de verde (a^*), alta luminosidade (L^*), poucos tricomas glandulares (GD e GB) nas faces adaxial e abaxial, e epidermes (ED e EB) estreitas.

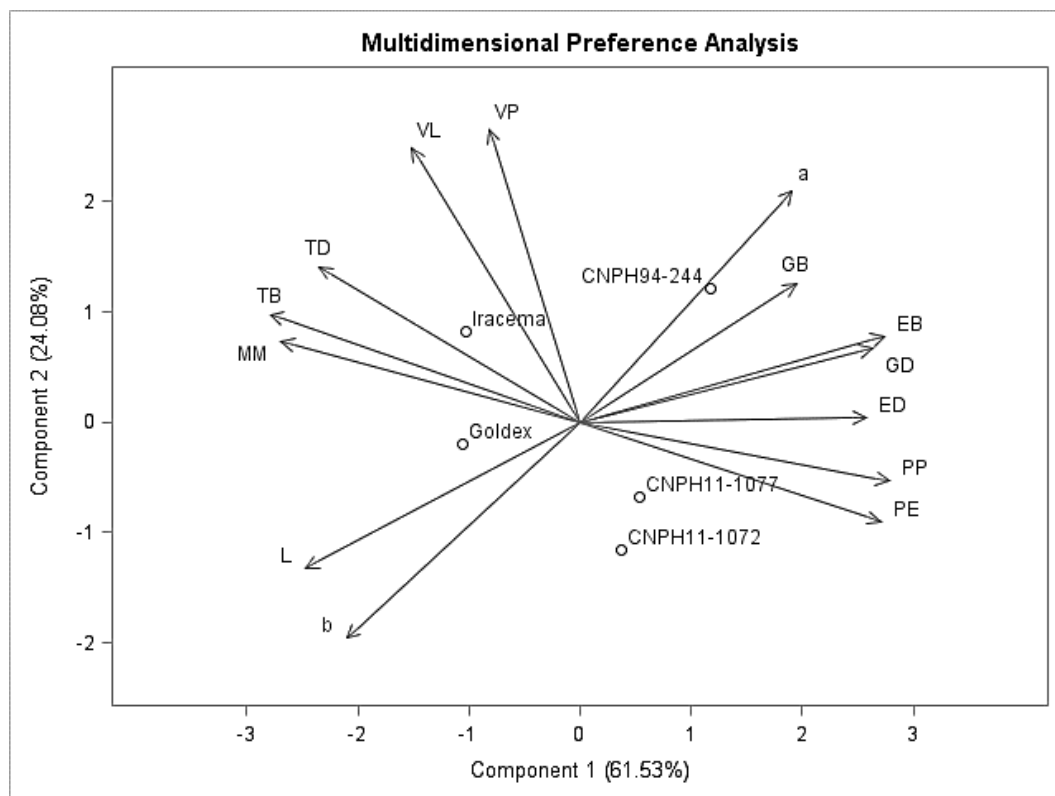


Figura 3. Análise de componentes principais biplot na caracterização de genótipos de meloeiro resistentes e suscetíveis à *L. sativae*, considerando todas as variáveis¹ analisadas. ¹/MM – média de minas por folha, VL – viabilidade larval, VP – viabilidade pupal, L^* – luminosidade, a^* – intensidade da cor verde, b^* – intensidade da cor amarela, ED - espessura da epiderme adaxial, PP - espessura do parênquima paliçádico, PE - espessura do parênquima esponjoso, EB - espessura da epiderme abaxial, TD – número de tricomas tectores adaxial, TB – número de tricomas tectores abaxial, GD – número de tricomas glandulares adaxial e, GB – número de tricomas glandulares abaxial.

Os ângulos entre os vetores das variáveis mostraram as correlações entre as mesmas (Figura 3). Por exemplo, as variáveis, média de minas (MM) e tricomas tectores na face adaxial (TD) e abaxial (TB) foram forte e positivamente correlacionadas com o ângulo entre os vetores próximo de zero. O mesmo foi observado entre as variáveis, epiderme adaxial (ED) e tricomas glandulares na face adaxial (GD). As variáveis, média de minas (MM), parênquimas, paliçádico (PP) e esponjoso (PE) foram fortes e negativamente correlacionadas, com o ângulo entre os vetores próximo de 180°. Correlação negativa também foi verificada entre a média de minas (MM) e o número de tricomas glandulares e epiderme na face adaxial (GD e ED). As variáveis, viabilidade pupal (VP), epiderme abaxial (EB) e tricoma glandular

adaxial (GD) foram não correlacionadas, pois o ângulo entre elas foi aproximadamente de 90°. As variáveis, luminosidade (L^*), cor amarela (b^*) e média de minas (MM) foram positivamente correlacionadas com ângulos menores que 90°.

Pela análise de seleção de variáveis, a única característica foliar que explicou o número de minas por folha (MF) foi a espessura da epiderme adaxial (ED) da folha dos genótipos de meloeiro, explicada pelo modelo de regressão *Stepwise* $MF = 0 - 0,63 \times ED$ ($R^2 = 0,13$). A viabilidade larval (VL) foi explicada pela intensidade da cor verde (a^*) por $VL = 0 - 3,58 \times a^*$ ($R^2 = 0,07$), enquanto, para viabilidade pupal (VP) foram selecionadas variáveis luminosidade (L^*) e cor amarela (b^*), as quais compuseram o modelo de regressão $VP = 0 - 5,30 \times L^* + 5,44 \times b^*$ ($R^2 = 0,26$).

DISCUSSÃO

O acesso CNPH 94-244 foi o menos preferido pela *L. sativae* nos ensaios, com e sem escolha, em relação aos híbridos Goldex e Iracema, usados como testemunha de suscetibilidade. Esse mesmo acesso, em outros ensaios com e sem escolha, demonstrou desempenho distinto quanto à resistência por antixenose à *L. sativae*, comportando-se como resistente e suscetível, respectivamente (CELIN et al., 2017a). No que diz respeito aos híbridos comerciais, a alta suscetibilidade do ‘Iracema’ observada quando o inseto teve a oportunidade de escolha, evidenciou que esse genótipo pode ser utilizado como padrão de suscetibilidade em ensaios de avaliação da resistência à mosca-minadora em germoplasma de meloeiro.

O CNPH 94-244, embora resistente por antixenose, não apresentou resistência por antibiose, visto que a maioria das larvas se desenvolveu normalmente, chegando ao estágio de pupa e, posteriormente, a fase adulta. Os acessos CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077 expressaram resistência por antibiose, impossibilitando o desenvolvimento larval e pupal de parte dos indivíduos observados, porém não o suficiente para ocasionar a mortalidade total das larvas no mesofilo foliar, como a resistência relatada nos acessos BAGMEL 56 e CNPH 00-915 (CELIN et al., 2017a). Todavia, por serem acessos pode se aumentar o nível de resistência por antibiose ao longo de sucessivos ciclos de autofecundação.

As causas de resistência por antixenose e/ou antibiose a insetos-praga em planta incluem mecanismos de defesa morfológicos, físicos, bioquímicos ou a combinação desses (FÜRSTENBERG-HÄGG; ZAGROBELNY; BAK, 2013). Esses mecanismos afetam negativamente a alimentação, oviposição ou desenvolvimento dos insetos (GALLO et al., 2002). Nos genótipos de meloeiro avaliados, todas as variáveis de cor analisadas (L^* , a^* e b^*)

distinguiram-se principalmente nas folhas entre os genótipos CNPH 94-244 e ‘Goldex’, de modo que, as diferentes intensidades de cores emitidas pelos genótipos podem ter influenciado na média de minas por folha observada nos mesmos por ocasião do ataque de *L. sativae*. Em circunstâncias que o inseto tem a chance de escolher entre diferentes genótipos, os estímulos visuais emitidos pelas plantas podem vir a influenciar na seleção do hospedeiro. Folhas mais clara em genótipos de meloeiro foram menos preferidas pela *L. sativae*, sendo a luminosidade considerada um indicativo de resistência ao inseto (OLIVEIRA et al., 2017b).

No que diz respeito aos tecidos foliares, nos genótipos de meloeiro estudados, as larvas da mosca-minadora se alimentaram exclusivamente do parênquima paliçádico, sendo esse um dos tecidos que compõe o mesófilo foliar e, o principal responsável pela realização da fotossíntese por ser rico em cloroplastos (MENEZES; SILVA; PINA, 2012); o que respalda um dos principais danos indiretos decorrente do ataque do inseto a cultura, que é a redução da capacidade fotossintética (COSTA et al., 2017) e, por conseguinte, frutos fora dos padrões de comercialização, em tamanho e qualidade (BRAGA SOBRINHO et al., 2011). Análises de secções transversais de folhas de *Aster microcephalus* (Miq.) Franch. et Savat. com minas de *Ophiomyia maura* Meigen mostraram que as larvas se alimentavam das células do parênquima paliçádico (AYABE et al., 2010), corroborando com o observado no presente estudo.

Os acessos CNPH 11-1072, CNPH 11-1077 e, sobretudo, o CNPH 94-244 apresentaram tecidos foliares mais espessos em relação aos híbridos Goldex e Iracema, exceto com relação à epiderme abaxial. A espessura dos tecidos foliares é uma característica altamente influenciada pelo ambiente em que vive a planta. Espécies que vivem em ambientes úmidos e sombreados geralmente apresentam tecidos foliares estreitos e, as adaptadas à ambiente com baixa disponibilidade de água e ensolarado possuem tecidos foliares mais grossos (MENEZES; SILVA; PINTO, 2012). Assim, o fato dos acessos possuírem tecidos foliares mais espessos pode estar relacionado à adaptação ao local onde os mesmos foram coletados, CNPH 11-1072 (Índia), CNPH 11-1077 (China) e CNPH 94-244 (Brasil), enquanto que, os híbridos são genótipos melhorados e adaptados ao cultivo irrigado e protegido.

A influência dos tecidos foliares internos tem sido investigada quanto a não-preferência de insetos-praga ao hospedeiro. Em variedades de berinjela (*Solanum melongena* L.), lâminas foliares finas foram menos preferidas do que as lâminas grossas pela mosca-branca (*B. tabaci*) para a alimentação e oviposição (HASANUZZAMAN et al., 2016). A capacidade de ácaros vermelhos (*Tetranychus urticae* Koch) de se alimentarem do tecido esponjoso foi prejudicada em cultivares de cravos (*Dianthus caryophyllus* L.) com tecidos

abaxiais mais espessos, sendo essas menos preferidas pelo aracnídeo (SEKI et al., 2016).

Nos genótipos de meloeiro também foi verificado a presença de tricomas tectores e glandulares em ambas as faces do limbo foliar. E desses, o acesso CNPH 94-244 apresentou maior densidade de tricomas glandulares, e os híbridos Goldex e Iracema uma elevada densidade de tricomas tectores, ambos na face abaxial. Na interação planta-inseto, tricomas glandulares têm sido associados à dificuldade de digestão do tecido foliar, em algumas espécies, ou a dissuasão à alimentação/oviposição dos insetos, pela liberação de compostos secundários (FIRDAUS et al., 2011); os tectores têm sido relacionados à defesa estrutural por dificultar a acessibilidade dos insetos à epiderme foliar (GLAS et al., 2012). No entanto, alguns insetos têm preferência por ovipositar em folhas com alta densidade de tricomas, pois tais estruturas promovem abrigo e proteção à progênie contra os inimigos naturais (FIRDAUS et al., 2011).

Com base na análise de componentes principais, a resistência por antixenose observada no acesso CNPH 94-244 foi associada principalmente a coloração verde (a*) menos intensa nas folhas e a densidade de tricomas glandulares na face adaxial, embora, características foliares como epidermes adaxial e abaxial mais espessas, e os tricomas glandulares na face abaxial também possam ter contribuído para a não-preferência da *L. sativae* por esse genótipo. Genótipos de soja (*G. max*) com folhas mais verdes foram menos suscetíveis à oviposição da lagarta-falsa-medideira (*Chrysodeixis includens* Lepidoptera: Noctuidae) (SCHLICK-SOUZA et al., 2018). Estudos mostram que tricomas glandulares, comuns a algumas espécies, foram associados à resistência à infestação de pulgões (*A. gossypii*) em cultivares de crisântemo (*Dendranthema grandiflorum* (Ramat.) Kitam) (HE et al., 2011) e, a não-preferência por oviposição de mosca-branca (*B. tabaci*) em genótipos de tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) (ORIANI; VENDRAMIM, 2010) e de pimentas (*Capsicum* spp.) (FIRDAUS et al., 2011). Nos acessos CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077, os caracteres foliares associados à resistência à *L. sativae* foram a espessura dos parênquimas paliçádico e esponjoso, visto que, esses genótipos também foram caracterizados pela menor média de minas por folha e baixa viabilidade larval e pupal. Esses mesmos tecidos foliares foram correlacionados à não-preferência por alimentação e oviposição de *L. huidobrensis*, em 47 espécies de 19 famílias botânicas (WEI et al., 2000). A suscetibilidade do 'Iracema', confirmada pela maior média de minas por folha, mostrou que a abundância de tricomas tectores, em ambas as faces do limbo foliar, foi uma característica que não limitou a seleção do genótipo como hospedeiro pela mosca-minadora. Além do mais, esse genótipo caracterizou-se por possuir os parênquimas paliçádico e esponjoso estreitos, e alta viabilidade

larval e pupal. Quando presentes em altas densidades, os tricomas estimularam a oviposição de mosca-branca (*B. tabaci*) em genótipos de meloeiro (*C. melo*) (COELHO et al., 2009); soja (*G. max*) (VALLE; LOURENÇÃO; PINHEIRO, 2012) e algodão (*Gossypium hirsutum* L.) (PRADO et al., 2016). Quanto ao 'Goldex', a média de minas por folha foi associada à alta luminosidade (L*) e intensidade de cor amarela (b*), o que não corroborou com Oliveira et al. (2017b), que ao avaliar a resistência à *L. sativae* em genótipos de meloeiro constatou que os genótipos com folhas mais claras foram menos preferidos pelo inseto. A resistência de genótipos de sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) à mosca do sorgo (*Atherigona soccata* (Rondani)) (CHAMARTHI et al., 2011) e, de algodão (*G. hirsutum*) a mosca-branca (*B. tabaci*) (PRADO et al., 2016) foi associada a luminosidade refletida pelas folhas.

Pela análise de regressão *Stepwise*, a média de minas por folhas foi explicada pela espessura da epiderme adaxial (ED), evidenciando que esse tecido foliar se constituiu em uma barreira física para oviposição de *L. sativae* em meloeiro. A viabilidade larval foi explicada pela cor verde (a*) e a pupal pela luminosidade (L*) e cor amarela (b*). A ação da cor e do brilho das folhas de meloeiro na viabilidade larval e pupal da mosca-minadora pode ser devido a presença de rotas bioquímicas compartilhadas para pigmentos e defesas químicas. Em populações de repolho selvagem (*Brassica oleracea* L.), os altos níveis de glucosinolatos forneceram uma possível explicação para a correlação negativa entre a cor e o brilho das folhas e a não-preferência de pulgões (*Brevicoryne brassicae* L.) (GREEN et al., 2015). A associação entre descritores, sobretudo morfológicos ou bioquímicos, e a resistência a insetos-praga têm sido amplamente reportadas na literatura (AGRAWAL; GORSKI; TALLAMY, 1999; HE et al., 2011; WILLIAMS et al., 2011; DOMINGOS et al., 2018).

De modo geral, a resistência por antixenose ou a suscetibilidade à *L. sativae* nos genótipos de meloeiro foram associadas a caracteres foliares distintos; o que respalda a importância de entender como os mecanismos de defesa influenciam na expressão da resistência à mosca-minadora nos genótipos selecionados.

CONCLUSÕES

A associação de caracteres foliares à resistência é genótipo-dependente. O híbrido Iracema é um padrão de suscetibilidade à *L. sativae*. O acesso CNPH 94-244 é o mais promissor quanto à resistência por antixenose, e os acessos CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077 são fontes de resistência por antibiose à *L. sativae*. Além disso, a alimentação larval ocorreu exclusivamente no parênquima paliçádico dos genótipos estudados.

4 CAPÍTULO 2 - CONTROLE GENÉTICO DA RESISTÊNCIA POR ANTIXENOSE À *Liriomyza sativae* NO ACESSO DE MELOEIRO CNPH 94-244

RESUMO

No meloeiro (*Cucumis melo* L.), as buscas por fontes de resistência à mosca-minadora têm propiciado a identificação de genótipos resistentes por antixenose e/ou antibiose. Para o aproveitamento desses genótipos é importante a elucidação da herança genética envolvida no controle da resistência. Desse modo, neste estudo o objetivo foi elucidar o controle genético da resistência por antixenose à *L. sativae* no acesso de meloeiro CNPH 94-244. Para tanto, duas populações, estruturadas por meio de cruzamentos entre o acesso CNPH 94-244, resistente por antixenose, e os híbridos comerciais Goldex e Iracema, suscetíveis ao inseto, foram simultaneamente submetidas à infestação por *L. sativae*, em gaiola e em campo. Quanto à resistência, foram avaliadas as seguintes variáveis: minas e pupas por planta (infestação em gaiola) e, nota subjetiva e número de minas (infestação em campo). Os estudos genéticos foram baseados nas médias e variâncias dos genitores (P_1 e P_2), das gerações filiais (F_1 e F_2) e dos retrocruzamentos (RC_1 e RC_2). Com base nas médias da geração F_1 das populações CNPH 94-244 x 'Goldex' e CNPH 94-244 x 'Iracema', houve interação alélica não aditiva no controle genético das variáveis avaliadas. O modelo completo foi adequado para explicar a herança das variáveis, sendo o efeito aditivo o mais importante. A herdabilidade no sentido restrito foi alta para minas por planta (infestação em gaiola) e número de minas (infestação em campo) na F_2 dos cruzamentos CNPH 94-244 x 'Goldex' e CNPH 94-244 x 'Iracema', respectivamente. A herança genética da resistência por antixenose à *L. sativae* no acesso CNPH 94-244 tem predomínio de efeitos aditivos, sendo oligogênica para nota subjetiva e poligênica para minas, pupas e número de minas na população CNPH 94-244 x 'Goldex'; e no cruzamento entre o CNPH 94-244 x 'Iracema', a herança é poligênica para minas e pupas, e oligogênica para nota subjetiva e número de minas.

Palavras-chave: *Cucumis melo*. Mosca-minadora. Herança genética. Herdabilidade. Genes.

GENETIC CONTROL OF RESISTANCE BY ANTIXENOSIS TO THE *Liriomyza sativae* IN MELON ACCESSION CNPH 94-244

ABSTRACT

In melon crop (*Cucumis melo* L.), the search for resistance sources to the leafminer has allowed the identification of resistant genotypes by antixenosis and/or antibiosis. For the utilization of these genotypes it is important to elucidate the genetic inheritance involved in the control of resistance. Thus, in this study the objective was to elucidate the genetic control of antixenosis resistance to *L. sativae* in melon accession CNPH 94-244. To this end, two cross-structured populations between the antixenosis-resistant CNPH 94-244 accession and the insect-susceptible commercial hybrids Goldex and Iracema were simultaneously subjected to *L. sativae* infestation in cage and in the field. For resistance, the following variables were evaluated: leafminers and pupae per plant (cage infestation) and subjective grade and number of leafminers (field infestation). Genetic studies were based on the parents averages and variances (P_1 and P_2), branch generations (F_1 and F_2) and backcrosses (BC_1 and BC_2). Based on the F_1 generation averages of the populations CNPH 94-244 x 'Goldex' and CNPH 94-244 x 'Iracema', there was non-additive allelic interaction in the genetic control of the evaluated variables. The complete model was adequate to explain the inheritance of the variables, and the additive effect was the most important. Heritability in narrow sense was high for leafminers per plant (cage infestation) and number of leafminers (field infestation) at F_2 of the CNPH 94-244 x 'Goldex' and CNPH 94-244 x 'Iracema' crossings, respectively. Genetic inheritance of resistance by antixenosis to *L. sativae* on CNPH 94-244 accession has a predominance of additive effects, being oligogenic for subjective grade and polygenic for leafminers, pupae and number of leafminers in the population CNPH 94-244 x 'Goldex'; and in the cross between CNPH 94-244 x 'Iracema', the inheritance is polygenic for leafminers and pupae, and oligogenic for subjective grade and number of leafminers.

Keywords: *Cucumis melo*. Leafminer. Genetic inheritance. Inheritance. Genes.

INTRODUÇÃO

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma das hortaliças de maior expressão econômica mundial, cultivada em mais de 100 países (FAO, 2019). No Brasil, sobretudo na região Nordeste, a cultura destaca-se pelo expressivo impacto socioeconômico, fortalecendo a economia e o desenvolvimento das localidades produtoras com geração de empregos, renda e importantes divisas (OLIVEIRA et al., 2017c). Em termos de comercialização, cerca de 60% da produção nacional de melão é destinada à exportação, tendo a Inglaterra, Holanda e Espanha como principais importadores, além do mais, o mercado interno tem sido cada vez mais valorizado com a oferta regular de melões de qualidade (ANUÁRIO BRASILEIRO DA FRUTICULTURA, 2018).

Apesar da situação de destaque da produção de melão, a cultura requer uma série de cuidados para assegurar a produção de frutos de qualidade. Dentre esses cuidados, o controle fitossanitário da mosca-minadora *Liriomyza* spp., a principal praga da cultura no Nordeste brasileiro (OLIVEIRA et al., 2017b), tem sido relevante. As implicações mais severas da ação do inseto se devem ao hábito alimentar no estágio larval, que abre galerias nas folhas, reduzindo a área foliar e a capacidade fotossintética da planta e, por conseguinte, perda na produção e na qualidade dos frutos, devido à redução do tamanho do fruto e de sólidos solúveis totais, respectivamente (ARAUJO et al., 2007), dependendo do nível de infestação. Em condições mais extremas também ocasiona a morte da planta, sobretudo, quando o ataque ocorre no início do desenvolvimento vegetativo (MINKENBERG; VAN LENTEREN, 1986).

Nos campos de produção, o uso de inseticidas sintéticos ainda tem sido prioritário no controle da mosca-minadora, o que vem ocasionado à evolução de populações de mosca-minadora resistentes aos princípios ativos aplicados (GAO et al., 2012; WEI et al., 2014), surtos de novas pragas-chave (GUIMARÃES et al., 2009) e redução de insetos benéficos como os inimigos naturais e polinizadores (DEVKOTA et al., 2016). Esses fatores, associados à pressão dos consumidores por alimentos mais seguros, demandam outros métodos de controle para manter a população do inseto abaixo do nível de dano econômico. Nesse sentido, o uso de genótipos resistentes tem sido incentivado pela compatibilidade com outras estratégias do manejo integrado de pragas, facilidade de utilização e por diminuir a infestação em cultivares suscetíveis, além de conferir benefícios ambientais e bem-estar humano por reduzir a necessidade de aplicação de inseticidas (GALLO et al., 2002).

No melhoramento genético, a obtenção de plantas resistentes tem início com a identificação de genótipos que apresentem em iguais condições aos demais, menor índice de ataque (antixenose), efeito adverso à biologia do inseto (antibiose) e/ou danos causados pelo

inseto sem que haja perdas na produção (tolerância). No meloeiro, as buscas por fontes de resistência à mosca-minadora têm propiciado a identificação de genótipos que expressam mecanismos de resistência (KENNEDY et al., 1978; DOGIMONT et al., 1999; NUNES et al., 2013; CELIN et al., 2017a; OLIVEIRA et al., 2017b). Contudo, para o aproveitamento desses genótipos no melhoramento genético é importante a elucidação do controle genético envolvido na resistência, o que direciona a introgressão dos alelos resistentes em genótipos-elite (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Nos acessos de meloeiro PI 282448 e PI 313970, resistentes por antixenose à *Liriomyza* spp., a resistência relatada é controlada por genes recessivos e parcialmente dominantes, respectivamente (KENNEDY et al., 1978). A antibiose na cultivar Nantais Oblong à *L. trifolli* e na fonte BAGMEL 56-R à *L. sativae* são condicionadas por um único gene com dominância completa, *Lt* (DOGIMONT et al., 1999) e *Ls* (CELIN et al., 2017b), respectivamente. A herança genética da resistência por antibiose observada na linhagem A915.34.08 tem natureza oligogênica, com quatro genes envolvidos (LEITÃO, 2018).

Nessas fontes, em que o controle genético já foi elucidado, é possível observar que a resistência é condicionada por diferentes alelos, o que é esperado, pois diferentes mecanismos de defesa (morfológicos, físicos ou bioquímicos) podem atuar, de forma conjunta ou isolada, em cada genótipo. Deste modo, quando novas fontes com resistência são identificadas, é necessária nova elucidação do controle genético, o que é de fundamental importância para a estruturação de um programa de melhoramento que vise à introgressão da resistência em genótipos-elite (BORÉM; MIRANDA, 2013). Além do mais, os resultados obtidos com a análise de gerações auxiliam na definição do método de melhoramento e da estratégia de seleção de progênies que possibilitam maiores ganhos genéticos para a obtenção de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Nesse contexto, neste estudo o objetivo foi elucidar o controle genético da resistência por antixenose à *L. sativae* no acesso de meloeiro CNPH 94-244.

MATERIAL E MÉTODOS

As plantas foram conduzidas em casa de vegetação e as infestações em gaiola foram realizadas no Laboratório de Melhoramento e Recursos Genéticos Vegetais, em Fortaleza-CE e as avaliações sob infestação natural ocorreram no Campo Experimental de Pacajus, em Pacajus-CE, ambos pertencentes à Embrapa Agroindústria Tropical.

Germoplasma

O acesso de meloeiro CNPH 94-244, proveniente do Banco Ativo de Germoplasma de Meloeiro da Embrapa Hortaliças, foi utilizado como genitor (P₁) portador de alelo(s) que condiciona(m) resistência por antixenose à mosca-minadora (CELIN et al., 2017a) nos cruzamentos com os híbridos comerciais Goldex[®] (P₂) e Iracema[®] (P₂), suscetíveis ao inseto.

O acesso CNPH 94-244, “Pepino de Neve”, coletado no Brasil, tem como características plantas monoicas e frutos periformes, aromáticos, climatéricos, com hábito de rachar, maturação precoce (20 a 25 dias após a polinização), casca amarela, lisa e fina, polpa creme com baixo teor de açúcar, e sementes amarelas e pequenas. Os híbridos, Goldex e Iracema, caracterizam-se pelas plantas vigorosas e de alta produtividade. Os frutos são uniformes quanto à forma e o tamanho, casca levemente rugosa de coloração amarelo-ouro, cavidade interna fechada, polpa firme, peso médio de 1,0 kg a 1,5 kg, teor de sólidos solúveis em torno de 12 °Brix e o início da colheita acontece nove semanas após o transplântio.

A partir dos cruzamentos CNPH 94-244 x ‘Goldex’ e CNPH 94-244 x ‘Iracema’, separadamente, foram estruturadas duas populações. Primeiro, foram realizados cruzamentos entre os pares de genitores para obtenção das respectivas gerações filiais F₁. Posteriormente, parte das plantas F₁ foram autofecundadas e as demais retrocruzadas com os respectivos genitores, resultando nas gerações F₂ (F₁ x F₁), e nos retrocruzamentos RC₁ (F₁ x P₁) e RC₂ (F₁ x P₂), respectivamente.

Plantio, condução e obtenção das populações de meloeiro

Uma semente por célula foi semeada a 1,0 cm de profundidade em bandeja de polietileno de 200 células, preenchidas com substrato à base de pó de fibra de coco e substrato comercial Germinaplant[®] na proporção 1:1. As bandejas permaneceram por dois dias no escuro total e, decorrido esse período, foram levadas para a casa de vegetação, sendo irrigadas diariamente. Dez dias após o semeio, as plântulas foram transplantadas para vasos com capacidade de cinco litros, contendo substrato a base de areia e húmus de minhoca na proporção de 5:1 e mantidas em casa de vegetação. As plantas foram conduzidas verticalmente em tutores e fertirrigadas de acordo com as exigências nutricionais da cultura.

No período de floração foram realizadas as autofecundações e os cruzamentos artificiais para a obtenção das gerações F₁ e F₂, e dos retrocruzamentos RC₁ e RC₂, respectivamente. Com o intuito de evitar contaminação de pólen, antes da polinização, no fim da tarde do dia anterior, flores femininas e masculinas foram protegidas com cápsulas de

gelatina. Quando hermafroditas, as flores foram emasculadas visando evitar a autofecundação. Após a polinização, na manhã do dia seguinte, as flores foram novamente protegidas e devidamente identificadas com etiquetas, contendo dados dos genótipos, tipos de fecundação e data da polinização. Os frutos foram colhidos trinta dias após as polinizações e, na sequência, foi realizada a extração de sementes.

Controle genético em cada população

Visando elucidar o controle genético da resistência à *L. sativae* em cada população de meloeiro, os genitores (P₁ e P₂) com as respectivas gerações (F₁ e F₂) e os retrocruzamentos (RC₁ e RC₂) obtidos foram simultaneamente submetidas à infestação, tanto artificial em gaiola quanto natural no campo.

Infestação artificial em gaiola

O semeio das populações foi feito conforme descrito anteriormente, sendo as plântulas transplantadas para vasos de polietileno com capacidade de 0,3 litros, preenchidos com o substrato comercial, húmus de minhoca e areia na proporção 1:1:1. As plantas permaneceram em casa de vegetação da semeadura até o momento da infestação, sendo irrigadas duas vezes ao dia. A temperatura e a umidade relativa média registrada durante a condução das plantas foram de 32,8 °C e 42,8%, respectivamente.

Os ensaios foram delineados inteiramente casualizados com seis tratamentos (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂, para cada população) e número distinto de plantas. Para a realização da infestação, as plantas foram transportadas da casa de vegetação para o laboratório quando apresentavam três folhas verdadeiras completamente expandidas (22 dias após o plantio) e, distribuídas aleatoriamente em uma gaiola revestida de tecido *voil* (115 x 380 x 90 cm). Após a distribuição das plantas, seis moscas com até 48 horas de idade, oriundas de criação em laboratório e multiplicadas em feijão de porco (*Canavalia ensiformis* L.), foram liberadas na gaiola, a qual permaneceu fechada por 20 horas. Durante a infestação, a temperatura e a umidade relativa média do laboratório foi de 26,4 °C e 62,6%, respectivamente, e a iluminação constante.

Após a infestação, as plantas foram retiradas da gaiola e levadas para casa de vegetação, onde permaneceram por mais três dias, até a avaliação. A avaliação consistiu em quantificar o número de minas por folha de cada planta e, posteriormente, o total de pupas por planta. Para a obtenção das pupas, quatro dias após a infestação, as folhas com minas foram

cortadas e acondicionadas em potes plásticos, devidamente identificados, até a finalização do desenvolvimento larval.

Infestação natural no campo

As plântulas das duas populações, dez dias após a semeadura em bandejas, foram transplantadas para o campo. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado com seis tratamentos (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂) e número distinto de plantas. O espaçamento adotado foi de 2,0 metros entre linhas e 0,4 metro entre plantas. A irrigação foi realizada por gotejamento e a adubação via fertirrigação. Três semanas após o transplântio foi realizada a condução das ramas dos meloeiros para fora dos camaleões. Não foi feito o controle de insetos-praga com inseticida.

A intensidade do ataque da mosca-minadora foi avaliada aos 41 dias após o transplântio, por meio da atribuição de notas subjetivas de acordo com a seguinte escala: 1 - planta sem minas nas folhas; 2 - 1 a 25% de folhas com minas; 3 - 26 a 50% de folhas com minas; 4 - 51 a 75% de folhas com minas; e, 5 - 76 a 100% de folhas com minas. Também foi quantificado o número de minas em três folhas de cada planta adulta, tendo por base a décima folha a partir do ápice dos três primeiros ramos secundários do meloeiro, conforme preconiza como folha diagnóstica Braga Sobrinho et al. (2003).

Análises Estatísticas

Nas duas populações, os estudos genéticos foram baseados nas médias e variâncias dos genitores (P₁ e P₂), das gerações (F₁ e F₂) e dos retrocruzamentos (RC₁ e RC₂), sendo os efeitos submetidos ao teste t (MATHER; JINKS, 1974).

Também foram estimados os seguintes parâmetros genéticos: média (m), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), variância ambiental ($\hat{\sigma}_m^2$), variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$), variância aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância de dominância ($\hat{\sigma}_d^2$), herdabilidade ampla (h_a^2), herdabilidade restrita (h_r^2), heterose (h), heterobeltiose P₁, heterobeltiose P₂, grau médio de dominância (GMD) das variâncias e das médias, valor máximo e mínimo nos pais e na F₂, e número de genes (η).

As estimativas de parâmetros foram baseadas em médias de populações, a partir do modelo completo, e calculadas por meio do método de mínimos quadrados ponderados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), sendo testados os modelos aditivo x aditivo (aa), aditivo x dominante (ad) e dominante x dominante (dd). Em todos os procedimentos foi utilizado o programa computacional GENES (CRUZ, 2013).

RESULTADOS

CNPH 94-244 x 'Goldex'

Os genitores foram contrastantes para as variáveis minas e pupas por planta e, número de minas (Tabela 3), tanto na infestação controlada em gaiola quanto natural em campo. As médias da geração F₁, para essas mesmas variáveis, foram superiores à média do genitor suscetível P₂, e as da geração F₂ menores em relação as médias da F₁ (Tabela 3).

Tabela 3 – Minas, pupas, nota subjetiva e número de minas na população de meloeiro obtida a partir do cruzamento CNPH 94-244 x 'Goldex', avaliada em gaiola e campo, sob infestação de *L. sativae*

Gerações ¹	Ensaio em Gaiola			Ensaio em Campo			
	n	Minas por plantas	Pupas por plantas	n	Nota subjetiva	n	Número de minas ³
P ₁	26	10,04 ± 6,10 ²	9,38 ± 5,25	10	2,00 ± 0,00	10	7,30 ± 5,33
P ₂	24	23,63 ± 7,32	19,71 ± 7,00	10	2,40 ± 0,70	9	24,00 ± 8,17
F ₁	19	30,47 ± 7,76	27,26 ± 5,85	20	2,25 ± 0,44	19	34,79 ± 17,16
F ₂	158	24,59 ± 13,01	20,92 ± 11,22	109	2,49 ± 0,60	107	24,02 ± 15,84
RC ₁	44	17,66 ± 8,40	16,25 ± 8,28	40	2,23 ± 0,42	37	24,54 ± 14,60
RC ₂	41	26,95 ± 12,19	23,39 ± 11,03	35	2,91 ± 0,66	26	32,54 ± 15,20

¹/P₁ - genitor resistente; P₂ - genitor susceptível; F₁ - primeira geração filial; F₂ - segunda geração filial; RC₁ - retrocruzamento entre P₁ e F₁; RC₂ - retrocruzamento entre P₂ e F₁. ²/Média ± desvio-padrão. ³/Minas de *L. sativae* obtidas na 10ª folha (do ápice para base) de três ramos secundários.

No retrocruzamento com o genitor resistente (RC₁), as médias de minas e pupas por planta foram intermediárias em relação aos genitores e inferiores às observadas na geração F₂, no entanto, para número de minas, a média obtida no RC₁ foi semelhante às médias do genitor suscetível (P₂) e da F₂. Para o retrocruzamento com o genitor suscetível (RC₂), as médias de minas e pupas por planta, e número de minas foram superiores as médias dos genitores e da geração F₂ (Tabela 3). Ao avaliar a resistência da população por meio da atribuição de nota subjetiva, foram observados valores médios próximos entre todas as gerações, incluindo nos genitores (Tabela 3).

Com base nas estimativas de média e significância da hipótese de nulidade dos parâmetros do modelo completo (aditivo-dominante-epistático) (Tabela 4), os efeitos da média e gênicos aditivos nas variáveis minas e pupas por planta foram significativos. Para nota subjetiva foi observado significância nas interações epistáticas aditivo-dominante e dominante-dominante, na média e no desvio de dominância. No entanto, para o número de minas apenas os efeitos aditivos e o devido à dominância foram significativos.

Tabela 4 – Estimativas, variâncias, testes de significância e decomposição não ortogonal da soma de quadrados dos efeitos genéticos do modelo completo, relacionados à resistência por antixenose à *L. sativae* na população de meloeiro obtida a partir do cruzamento CNPH 94-244 x ‘Goldex’, avaliada em gaiola e campo

Parâmetros ¹	Estimativa	Variância	t	SQ	R ²	Efeito ajustado
Ensaio em Gaiola						
- - - Minas por planta - - -						
m	25,97	38,97	4,16**	17,30	23,68	25,97
a	-6,79	0,92	-7,10**	50,38	68,95	-6,79
d	-10,02	268,15	-0,61 ^{ns}	0,37	0,51	-10,02
aa	-9,13	38,05	-1,48 ^{ns}	2,19	3,00	-9,13
ad	-5,00	24,57	-1,01 ^{ns}	1,02	1,39	-5,00
dd	14,52	117,12	1,34 ^{ns}	1,80	2,47	14,52
- - - Pupas por planta - - -						
m	18,94	31,62	3,37**	11,34	23,70	18,94
a	-5,16	0,78	-5,86**	34,34	71,78	-5,16
d	-0,40	222,63	-0,03 ^{ns}	<0,00	<0,00	-0,40
aa	-4,39	30,84	-0,79 ^{ns}	0,62	1,31	-4,39
ad	-3,96	21,20	-0,86 ^{ns}	0,74	1,54	-3,96
dd	8,73	95,43	0,89 ^{ns}	0,80	1,67	8,73
Ensaio em Campo						
- - - Nota subjetiva - - -						
m	1,87	0,13	5,12**	26,19	51,96	1,87
a	-0,20	0,01	-1,81 ^{ns}	3,27	6,49	-0,20
d	2,10	0,94	2,16*	4,67	9,27	2,10
aa	0,33	0,12	0,96 ^{ns}	0,92	1,83	0,33
ad	-0,98	0,12	-2,87**	8,23	16,33	-0,98
dd	-1,71	0,41	-2,67**	7,12	14,13	-1,71
- - - Número de minas ² - - -						
m	-2,43	98,66	-0,24 ^{ns}	0,06	0,15	-2,43
a	-8,35	2,57	-5,21**	27,18	67,81	-8,35
d	68,59	715,90	2,56*	6,57	16,40	68,59
aa	18,08	96,09	1,84 ^{ns}	3,40	8,49	18,08
ad	0,70	68,85	0,08 ^{ns}	0,01	0,02	0,70
dd	-31,36	344,10	-1,69 ^{ns}	2,86	7,13	-31,36

* e ** - significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente; ns - não significativo pelo teste t. ¹/m - média; a - efeito aditivo; d - desvio de dominância; aa - epistasia aditiva x aditiva; ad - epistasia aditiva x dominante; e, dd - epistasia dominante x dominante. ²/Minas de *L. sativae* obtidas na 10^a folha (do ápice para base) de três ramos secundários.

Pela decomposição não-ortogonal da soma de quadrados dos efeitos genéticos (Tabela 4), as médias e os efeitos aditivos, para minas e pupas por planta explicaram 92,63% e 95,48%, respectivamente, da variabilidade presente nas variáveis estudadas. Os efeitos

epistáticos, aditivo-dominante e dominante-dominante, contribuíram com 30,46% da variabilidade observada na variável nota subjetiva. Para o número de minas, 84,21% da variabilidade total foi explicada pelos efeitos aditivos e de dominância.

A adequação do modelo completo possibilitou a obtenção de médias esperadas que se correlacionaram com as médias observadas (Tabela 5). A correlação indicou magnitude de 0,99 e coeficiente de determinação de 0,98 para minas e pupas por planta; e, para número de minas de 0,98 (r) e 0,96 (R^2). Para a variável nota subjetiva, a magnitude (0,66) foi moderada e o coeficiente de correlação (0,44) fraco.

Tabela 5 – Médias (\bar{x}) observadas e esperadas para as gerações no modelo completo quanto à resistência por antixenose à *L. sativae*, na população de meloeiro obtida a partir do cruzamento CNPH 94-244 x ‘Goldex’, avaliada em gaiola e campo

Geração ¹	Minas por plantas			Pupas por plantas		
	\bar{x} observada	\bar{x} esperada	Desvio	\bar{x} observada	\bar{x} esperada	Desvio
Ensaio em Gaiola						
P ₁	10,04	9,49	0,55	9,38	8,95	0,43
P ₂	23,63	24,18	-0,55	19,71	19,94	-0,23
F ₁	30,47	30,04	0,44	27,26	26,73	0,53
F ₂	24,59	23,43	1,15	20,92	20,59	0,33
RC ₁	17,66	19,76	-2,10	16,25	17,84	-1,59
RC ₂	26,95	27,11	-0,16	23,39	23,34	0,06
$r(\bar{x}_{\text{observada}}, \bar{x}_{\text{esperada}}) = 0,99 \therefore R^2 = 0,98$			$r(\bar{x}_{\text{observada}}, \bar{x}_{\text{esperada}}) = 0,99 \therefore R^2 = 0,98$			
Ensaio em Campo						
Nota subjetiva			Número de minas ²			
P ₁	2,00	2,00	0,00	7,30	7,52	-0,22
P ₂	2,40	2,97	-0,57	24,00	23,85	0,15
F ₁	2,25	2,41	-0,16	34,79	35,68	-0,89
F ₂	2,49	2,45	0,04	24,02	25,68	-1,66
RC ₁	2,23	2,21	0,02	24,54	21,60	2,94
RC ₂	2,91	2,69	0,22	32,54	29,76	2,78
$r(\bar{x}_{\text{observada}}, \bar{x}_{\text{esperada}}) = 0,66 \therefore R^2 = 0,44$			$r(\bar{x}_{\text{observada}}, \bar{x}_{\text{esperada}}) = 0,98 \therefore R^2 = 0,96$			

¹/P₁ - genitor resistente; P₂ - genitor susceptível; F₁ - primeira geração filial; F₂ - segunda geração filial; RC₁ - retrocruzamento entre P₁ e F₁; RC₂ - retrocruzamento entre P₂ e F₁. ²/Minas de *L. sativae* obtidas na 10^a folha (do ápice para base) de três ramos secundários.

Para as variáveis minas e pupas por planta e, número de minas, as variâncias fenotípicas, na geração F₂ foram, em grande parte, devido às variâncias genotípicas. Por outro lado, para a nota subjetiva, houve predominância da variância ambiental sobre a genotípica na expressão do fenótipo (Tabela 6). A variância aditiva foi o componente mais importante da

variância genotípica para minas e pupas por planta e, nota subjetiva, entretanto, no número de minas houve predominância dos efeitos de dominância em relação aos aditivos, na constituição da variância genética (Tabela 6).

Com relação à herdabilidade no sentido amplo, valores elevados foram observados para as variáveis analisadas, com exceção da nota subjetiva, cuja herdabilidade foi baixa. No sentido restrito, o coeficiente de herdabilidade foi alto para minas por planta, moderado para pupas por planta, nota subjetiva e baixo para número de minas (Tabela 6). A heterose estimada na F_1 e a heterobeltiose do P_1 foram positivas para todas as variáveis analisadas (Tabela 6).

Tabela 6 – Estimativa de parâmetros genéticos para resistência por antixenose à *L. sativae* em meloeiro, na geração F_2 do cruzamento CNPH 94-244 x ‘Goldex’, avaliada em gaiola e campo

Parâmetros ¹	Ensaio em Gaiola		Ensaio em Campo	
	Minas por plantas	Pupas por plantas	Nota subjetiva	Número de minas ²
Variância fenotípica	169,31	125,86	0,36	250,79
Variância ambiental (F_2)	45,40	38,30	0,24	47,60
Variância genotípica	123,92	87,56	0,12	203,19
Variância aditiva	119,53	61,56	0,11	57,35
Variância de dominância	4,39	26,00	0,01	145,84
Herdabilidade ampla (%)	73,19	69,57	32,69	81,02
Herdabilidade restrita (%)	70,60	48,91	31,39	22,87
Heterose (%)	13,64	12,72	0,05	19,14
Heterobeltiose - P_1 (%)	20,44	17,88	0,25	27,49
GMD ³ (variâncias)	0,27	0,92	0,29	2,26
Valor máximo nos pais	38,00	33,00	4,00	39,00
Valor mínimo nos pais	0,00	2,00	2,00	0,00
Valor máximo na F_2	74,00	70,00	4,00	77,00
Valor mínimo na F_2	2,00	2,00	2,00	0,00
Número de genes	5,42	9,39	4,39	12,92

¹/ P_1 - genitor resistente; e, F_2 - segunda geração filial. ²/Minas de *L. sativae* obtidas na 10ª folha (do ápice para base) de três ramos secundários. ³/GMD - Grau médio de dominância.

Os graus médios de dominância para minas e pupas por planta, e nota subjetiva foram menores que 1,0 com base nas variâncias. Para número de minas, o valor de grau médio de dominância foi superior a 1,0 (Tabela 6). Na geração F_2 , os valores mínimos nas variáveis analisadas foram superiores ou iguais aos valores mínimos dos pais, e os valores máximos foram maiores que os dos genitores nas variáveis minas e pupas por planta e, número de

minas (Tabela 6). A herança genética das variáveis analisadas na população CNPH 94-244 x ‘Goldex’ foram de natureza quantitativa com cinco a treze genes envolvidos (Tabela 6).

CNPH 94-244 x ‘Iracema’

Os genitores CNPH 94-244 e ‘Iracema’ foram contrastantes em todas as variáveis utilizadas para avaliar a resistência à *L. sativae* sob infestação controlada em gaiola e natural em campo (Tabela 7). As médias de minas e pupas por planta, nota subjetiva e número de minas, na geração F₁, foram maiores que o ponto médio dos genitores. As médias da geração F₂ e do retrocruzamento RC₂, para todas as variáveis foram inferiores as médias do genitor suscetível P₂, enquanto, no RC₁ as médias das variáveis foram próximas às médias do genitor resistente P₁ (Tabela 7).

Tabela 7 – Minas, pupas, nota subjetiva e número de minas na população de meloeiro obtida a partir do cruzamento CNPH 94-244 x ‘Iracema’, avaliada em gaiola e campo, sob infestação de *L. sativae*

Gerações ¹	Ensaio em Gaiola			Ensaio em Campo			
	n	Minas por plantas	Pupas por plantas	n	Nota subjetiva	N	Número de minas ³
P ₁	22	12,05 ± 7,21 ²	12,64 ± 5,60	15	3,33 ± 0,72	13	7,85 ± 5,46
P ₂	24	54,67 ± 12,79	49,50 ± 18,23	10	4,90 ± 0,32	9	25,78 ± 7,51
F ₁	22	34,05 ± 13,70	32,14 ± 13,16	20	4,40 ± 0,82	19	16,74 ± 9,02
F ₂	163	31,62 ± 15,70	32,58 ± 15,40	142	4,34 ± 0,76	135	17,58 ± 9,98
RC ₁	45	24,00 ± 11,90	28,40 ± 15,19	39	3,62 ± 0,71	37	13,54 ± 7,88
RC ₂	45	39,02 ± 15,86	35,84 ± 13,83	40	4,53 ± 0,64	36	19,47 ± 9,42

¹P₁ - genitor resistente; P₂ - genitor susceptível; F₁ - primeira geração filial; F₂ - segunda geração filial; RC₁ - retrocruzamento entre P₁ e F₁; RC₂ - retrocruzamento entre P₂ e F₁. ²Média ± desvio-padrão. ³Minas de *L. sativae* obtidas na 10ª folha (do ápice para base) de três ramos secundários.

Para as variáveis minas e pupas por planta, e o número de minas, as médias e os efeitos aditivos foram significativos, além da interação aditiva-dominante que também foi significativa para a variável pupas (Tabela 8). Em relação à nota subjetiva, foram verificadas significâncias nos parâmetros genéticos estimados, exceto para a interação aditiva-dominante.

Pela decomposição não ortogonal da soma dos quadrados dos efeitos genéticos, considerando o modelo completo, o aditivo explicou a maior parte da variação observada nas variáveis minas e pupas por planta, e número de minas (Tabela 8).

Tabela 8 – Estimativas, variâncias, testes de significância e decomposição não ortogonal da soma de quadrados dos efeitos genéticos do modelo completo, relacionados à resistência por antixenose à *L. sativae* na população de meloeiro obtida a partir do cruzamento CNPH 94-244 x 'Iracema', avaliada em gaiola e campo

Parâmetros ¹	Estimativa	Variância	t	SQ	R ²	Efeito ajustado
Ensaio em Gaiola						
--- Minas por planta ---						
m	33,79	61,43	4,31**	18,59	8,43	33,79
a	-21,31	2,30	-14,06**	197,73	89,68	-21,31
d	-8,94	440,44	-0,43 ^{ns}	0,18	0,08	-8,94
aa	-0,43	59,14	-0,06 ^{ns}	<0,00	<0,00	-0,43
ad	12,58	44,13	1,89 ^{ns}	3,58	1,63	12,58
dd	9,19	207,26	0,64 ^{ns}	0,41	0,18	9,19
--- Pupas por planta ---						
m	32,91	64,62	4,09**	16,76	14,58	32,91
a	-18,43	3,82	-9,43**	88,97	77,41	-18,43
d	-0,54	473,06	-0,02 ^{ns}	<0,00	<0,00	-0,54
aa	-1,84	60,80	-0,24 ^{ns}	0,06	0,05	-1,84
ad	21,97	52,80	3,02**	9,15	7,96	21,97
dd	-0,24	220,15	-0,02 ^{ns}	<0,00	<0,00	-0,24
Ensaio em Campo						
--- Nota subjetiva ---						
m	5,19	0,17	12,60**	158,85	68,43	5,19
a	-0,78	0,01	-7,39**	54,64	23,54	-0,78
d	-2,61	1,23	-2,35*	5,54	2,39	-2,61
aa	-1,07	0,16	-2,69**	7,25	3,13	-1,07
ad	-0,25	0,14	-0,68 ^{ns}	0,46	0,20	-0,25
dd	1,82	0,62	2,32*	5,40	2,32	1,82
--- Número de minas ² ---						
m	21,10	30,50	3,82**	14,59	26,55	21,10
a	-8,97	2,14	-6,13**	37,54	68,32	-8,97
d	-9,72	219,86	-0,66 ^{ns}	0,43	0,78	-9,72
aa	-4,29	28,36	-0,80 ^{ns}	0,65	1,18	-4,29
ad	6,07	25,13	1,21 ^{ns}	1,47	2,67	6,07
dd	5,36	103,78	0,53 ^{ns}	0,28	0,50	5,36

* e ** - significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente; ns - não significativo pelo teste t. ¹/m - média; a - efeito aditivo; d - desvio de dominância; aa - epistasia aditiva x aditiva; ad - epistasia aditiva x dominante; e, dd - epistasia dominante x dominante. ²/Minas de *L. sativae* obtidas na 10^a folha (do ápice para base) de três ramos secundários.

Para nota subjetiva, o modelo (m, a, d) contribuiu com 94,36% da variação do fenótipo. Os efeitos epistáticos aditivo-aditivo e dominante-dominante, juntos, contribuíram com 5,48% da variação fenotípica presente na variável nota subjetiva, enquanto o aditivo-

dominante respondeu por 7,96% da variação observada em pupas por planta (Tabela 8). As médias observadas se correlacionaram com as médias estimadas em magnitude elevada em relação às variáveis estudadas, com correlações $>0,90$ (Tabela 9).

Tabela 9 – Médias (\bar{x}) observadas e esperadas para as gerações no modelo completo quanto à resistência por antixenose à *L. sativae*, na população de meloeiro obtida a partir do cruzamento CNPH 94-244 x 'Iracema', avaliada em gaiola e campo

Geração ¹	Minas por plantas			Pupas por plantas		
	\bar{x} observada	\bar{x} esperada	Desvio	\bar{x} observada	\bar{x} esperada	Desvio
Ensaio em Gaiola						
P ₁	12,05	12,44	-0,39	12,64	13,47	-0,83
P ₂	54,67	52,07	2,59	49,50	45,15	4,35
F ₁	34,05	32,21	1,84	32,14	34,24	-2,11
F ₂	31,62	32,23	-0,61	32,58	31,78	0,81
RC ₁	24,00	22,32	1,68	28,40	23,86	4,54
RC ₂	39,02	42,14	-3,12	35,84	39,70	-3,85
r (\bar{x} observada, \bar{x} esperada) = 0,99 ∴ R ² = 0,98			r (\bar{x} observada, \bar{x} esperada) = 0,96 ∴ R ² = 0,92			
Ensaio em Campo						
	Nota subjetiva			Número de minas ²		
P ₁	3,33	3,28	0,06	7,85	8,60	-0,75
P ₂	4,90	4,91	-0,01	25,78	24,77	1,00
F ₁	4,40	4,37	0,03	16,74	17,45	-0,71
F ₂	4,34	4,23	0,11	17,58	17,07	0,51
RC ₁	3,62	3,82	-0,21	13,54	13,02	0,52
RC ₂	4,53	4,64	-0,12	19,47	21,11	-1,64
r (\bar{x} observada, \bar{x} esperada) = 0,98 ∴ R ² = 0,96			r (\bar{x} observada, \bar{x} esperada) = 0,99 ∴ R ² = 0,97			

¹/P₁ - genitor resistente; P₂ - genitor susceptível; F₁ - primeira geração filial; F₂ - segunda geração filial; RC₁ - retrocruzamento entre P₁ e F₁; RC₂ - retrocruzamento entre P₂ e F₁. ²/Minas de *L. sativae* obtidas na 10^a folha (do ápice para base) de três ramos secundários.

Os efeitos genotípicos atuaram nas variáveis pupas por planta e nota subjetiva, embora a variância ambiental tenha apresentado um efeito mais pronunciado na expressão fenotípica na geração F₂ (Tabela 10). Para as variáveis minas por planta e número de minas, a variância genotípica representou a maior fração da variância fenotípica total. Ainda foi constatado que o componente aditivo, em todas as variáveis, foi o que mais contribuiu na variância genotípica, em relação aos desvios de dominância (Tabela 10).

Os coeficientes de herdabilidade, no sentido amplo e restrito, foram moderados para as variáveis minas por planta, nota subjetiva e número de minas, e baixos para pupas por planta (Tabela 10). Os graus médios de dominância estimados com base nas variâncias foram

menores que 1,0 para todas as variáveis estudadas (Tabela 10). Para minas e pupas por planta, e nota subjetiva, a heterose na F₁ foi positiva e para o número de minas, negativa. Quanto à heterobeltiose, em relação à média do genitor resistente (P₁), os valores estimados foram positivos (Tabela 10).

Tabela 10 – Estimativa de parâmetros genéticos para resistência por antixenose à *L. sativae* em meloeiro, na geração F₂ do cruzamento CNPH 94-244 x ‘Iracema’, avaliada em gaiola e campo

Parâmetros ¹	Ensaio em Gaiola		Ensaio em Campo	
	Mínas por plantas	Pupas por plantas	Nota subjetiva	Número de minas ²
Variância fenotípica	246,50	237,11	0,58	99,51
Variância ambiental (F ₂)	107,88	181,87	0,31	43,13
Variância genotípica	138,62	55,24	0,27	56,39
Variância aditiva	99,93	52,07	0,24	48,23
Variância de dominância	38,69	3,18	0,02	8,16
Herdabilidade ampla (%)	56,24	23,30	46,22	56,66
Herdabilidade restrita (%)	40,54	21,96	42,11	48,46
Heterose (%)	0,69	1,07	0,28	-0,08
Heterobeltiose - P ₁ (%)	22,00	19,50	1,07	8,89
GMD ³ (variâncias)	0,88	0,35	0,44	0,58
Valor máximo nos pais	91,00	96,00	5,00	38,00
Valor mínimo nos pais	3,00	0,00	2,00	0,00
Valor máximo na F ₂	78,00	78,00	5,00	43,00
Valor mínimo na F ₂	3,00	6,00	2,00	0,00
Número de genes	7,04	12,45	4,61	4,79

¹/P₁ - genitor resistente; e, F₂ - segunda geração filial. ²/Minas de *L. sativae* obtidas na 10^a folha (do ápice para base) de três ramos secundários. ³/GMD - Grau médio de dominância.

Os valores mínimos, na geração F₂, para minas por planta, nota subjetiva e número de minas foram iguais aos valores mínimos registrados nos pais, enquanto, para pupas por planta foi superior. Em relação aos valores máximos da F₂, esses foram inferiores aos dos pais nas variáveis minas e pupas por planta. Para nota subjetiva e número de minas, os valores máximos na F₂ foram iguais e superiores, respectivamente, aos valores máximos dos pais (Tabela 10). O número de genes que atuaram no controle das variáveis estudadas na população CNPH 94-244 x ‘Iracema’ foi de cinco a treze genes (Tabela 10).

DISCUSSÃO

A diferença entre as médias das variáveis analisadas nos genitores indicou que houve variabilidade genética adequada entre os genótipos de meloeiro, e que existe a possibilidade de obter genótipos superiores para a resistência por antixenose à *L. sativae*, por meio de seleção. A divergência entre os genótipos usados no presente estudo já havia sido relatada por Celin et al. (2017a), sendo essa um fator essencial para estimação dos parâmetros genéticos nos estudos de heranças em ambas as populações de meloeiro (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os valores médios de minas e pupas por planta, e número de minas, na geração F₁ do cruzamento entre os genitores CNPH 94-244 x 'Goldex', sugeriu a existência de heterose no sentido de maior valor do caráter, ou seja, suscetibilidade. A redução da média da geração F₂ em relação a F₁ corrobora essa afirmativa, visto que, com o avanço das gerações ocorre a diminuição desse efeito, indicando interação não aditiva. A média da geração F₁ da população CNPH 94-244 x 'Goldex' pela atribuição de nota subjetiva e, as médias de minas e pupas por planta, nota subjetiva e número de minas da F₁ do cruzamento entre o acesso CNPH 94-244 e 'Iracema' também evidenciaram interação alélica não aditiva, visto que o valor fenotípico do heterozigoto foi maior que o ponto médio dos genitores.

Pela significância das estimativas, os efeitos gênicos aditivos foram os mais importantes na variabilidade constatada nas variáveis minas e pupas por planta, e número de minas, exceto para nota subjetiva na população CNPH 94-244 x 'Goldex', em que os efeitos epistáticos e a média foram relevantes no controle genético da variável, o que ressalta a importância da utilização do modelo completo nas análises das gerações de ambas as populações. Os desvios de dominância entre os genes foram os de menor importância no controle genético das variáveis analisadas, tendo contribuído apenas na variabilidade observada no número de minas na população CNPH 94-244 x 'Goldex' e, nota subjetiva em ambas as populações. Contudo, o sinal negativo do desvio de dominância do valor atribuído a variável nota subjetiva na população CNPH 94-244 x 'Iracema', indicou que a dominância ocorre no sentido de aumentar a resistência por antixenose à *L. sativae*.

Ao avaliar a contribuição de cada efeito pela decomposição não-ortogonal, o efeito gênico aditivo foi o mais importante sobre a variabilidade disponível nas variáveis minas e pupas por planta, nota subjetiva e número de minas em ambas as populações, exceto para nota subjetiva na população CNPH 94-244 x 'Goldex' em que a média e os efeitos epistáticos foram os que mais contribuíram para a variabilidade observada nessa variável, corroborando com o que foi observado nas estimativas de média. Assim, a elevada magnitude

do efeito aditivo evidencia a possibilidade de obter genótipos homozigotos superiores para a resistência por antixenose à *L. sativae*, a partir desses cruzamentos com ganhos satisfatórios nos ciclos de seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A correlação das médias observadas com as estimadas foi elevada para todas as variáveis analisadas indicando o ajuste dos dados ao modelo completo. Entretanto, houve baixa correlação entre as médias observadas e as estimadas para nota subjetiva na população CNPH 94-244 x 'Goldex'. A mesma pode estar relacionada ao fato de o efeito gênico aditivo não ter sido significativo, indicando que por meio dessa variável será difícil a identificação de genótipos homozigotos superiores para a resistência por antixenose à *L. sativae* na geração F₂ da população.

A variância ambiental foi relevante nas variáveis pupas por planta, exceto na F₂ da população CNPH 94-244 x 'Goldex', e nota subjetiva, em ambas as populações. Deste modo, é possível que o melhorista encontre dificuldades em reconhecer a superioridade genética de um indivíduo quanto a resistência por antixenose à *L. sativae* pela estimação dessas variáveis, ou que descarte genótipos desejáveis em virtude do efeito ambiental ter prejudicado o desempenho dos mesmos. Por outro lado, em ambas as populações, a avaliação da resistência por meio das variáveis minas por planta e número de minas, permitirá ao melhorista selecionar com mais segurança genótipos superiores, pois o fenótipo, no caso minas, foi devido em maior parte a variância genotípica. A predominância da variância aditiva sobre a de dominância no componente genotípico observado nas variáveis, exceto para o número de minas na população CNPH 94-244 x 'Goldex', corrobora a possibilidade de obter genótipos superiores, com maior concentração de alelos para a resistência por antixenose à *L. sativae*, por meio de seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os elevados coeficientes de herdabilidade, no sentido amplo, permitiram inferir que a maior parte da variação fenotípica observada nas variáveis minas e pupas por planta (infestação em gaiola) e, número de minas (infestação em campo) na população CNPH 94-244 x 'Goldex' é devido às causas genéticas. Na população CNPH 94-244 x 'Iracema', as herdabilidades no sentido amplo estimadas, indicaram que as causas ambientais foram as que mais contribuíram na variabilidade fenotípica observada nas variáveis analisadas. Contudo, para a obtenção de genótipos superiores para a resistência, a herdabilidade no sentido restrito é a mais importante por considerar apenas as causas genéticas de efeitos aditivos que podem ser herdados pelas progênes e fixados por seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Na população CNPH 94-244 x 'Goldex', a herdabilidade restrita de maior coeficiente foi observada na variável minas por planta (infestação em gaiola) e, na população

CNPH 94-244 x 'Iracema' no número de minas (infestação em campo). Nas demais variáveis, independente da população, as estimativas de herdabilidade restrita foram moderadas ou baixas, indicando que grande parte da variabilidade fenotípica é devido às causas ambientais. Diante do exposto, é importante ressaltar que a herdabilidade não é apenas a estimativa de uma característica, mas da população sob as condições ambientais a que foi exposta (RAMALHO et al., 2012). Assim, os genótipos reagiram de maneira diferente em locais distintos.

A manifestação de heterose nos híbridos F_1 em relação à média dos pais, em ambas as populações, indicou que os genitores são contrastantes com pelo menos um alelo dominante nos loci (BORÉM; MIRANDA, 2013). Com relação à heterobeltiose, os valores estimados mostraram que as médias de minas e pupas por planta, nota subjetiva e número de minas da geração F_1 não ficaram abaixo dos menores valores do parental resistente (P_1), independente da população avaliada.

Na população CNPH 94-244 x 'Goldex', a magnitude dos graus médios de dominância, estimados com base nas variâncias, indicou a existência de interações de dominância parcial entre os alelos que controlam as variáveis minas e pupas por planta, e nota subjetiva e, de sobredominância no controle do número de minas. Com relação, a população CNPH 94-244 x 'Iracema', os valores de grau médio de dominância sugeriram a ação de dominância parcial entre os alelos que controlam as variáveis estudadas.

Outra característica dos caracteres quantitativos, quando controlados por vários genes, é o fato de alguns dos descendentes se encontrarem fora dos limites superiores e inferiores dos genitores, a esses são chamados de segregantes transgressivos (HAUTEA et al., 1987; WESP et al., 2008). Na população CNPH 94-244 x 'Goldex' não houve segregação transgressiva para resistência, na geração F_2 , onde os valores mínimos das variáveis analisadas foram maiores ou iguais aos valores obtidos nos pais. No entanto, verificou-se segregantes transgressivos para a suscetibilidade à *L. sativae*, uma vez que, houve indivíduos na F_2 com valores de minas e pupas por planta, e número de minas superiores aos dos parentais.

Pelos valores máximos e mínimos nas variáveis minas e pupas por planta, e nota subjetiva não ocorreu transgressividade, na geração F_2 , para resistência ou suscetibilidade à *L. sativae* na população CNPH 94-244 x 'Iracema'. Contudo, foi possível observar indivíduos na F_2 com número de minas superior ao genitor suscetível. Para o melhoramento do meloeiro quanto à resistência à *L. sativae*, a segregação transgressiva para a suscetibilidade não é

interessante, quando o intuito é a seleção de indivíduos com maior número de alelos para a resistência em relação ao dos pais.

A estimativa do número de genes indicou herança oligogênica no controle da variável nota subjetiva e, poligênica para minas e pupas por planta e número de minas, na população CNPH 94-244 x 'Goldex'. Enquanto, na população CNPH 94-244 x 'Iracema', o número de genes indicou herança poligênica no controle genético de minas e pupas por planta e, oligogênica para nota subjetiva e número de minas. Estudos anteriores mostraram que a herança da resistência à *Liriomyza* spp. e *L. sativae* foi monogênica (DOGIMONT et al., 1999; CELIN et al., 2017b) ou oligogênica (LEITÃO, 2018), entretanto, esses são caso de resistência por antibiose.

Pela herança genética observada nesse estudo é possível inferir que será necessário um maior número de gerações para recuperar o fenótipo desejado em uma população segregante, tendo o acesso CNPH 94-244 como genitor resistente, e que o método dos retrocruzamentos, amplamente empregado para transferir genes de resistência não será o mais adequado no caso de resistência de natureza quantitativa.

CONCLUSÃO

A herança genética da resistência por antixenose à *L. sativae* no acesso CNPH 94-244 tem predomínio de efeitos aditivos, sendo oligogênica para nota subjetiva e poligênica para minas, pupas e número de minas na população CNPH 94-244 x 'Goldex'. No cruzamento entre o CNPH 94-244 x 'Iracema', a herança é poligênica para minas e pupas, e oligogênica para nota subjetiva e número de minas.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A resistência por antixenose ou a suscetibilidade à *L. sativae* nos genótipos de meloeiro foram associadas a caracteres foliares distintos, o que respalda a importância de elucidar os mecanismos de defesa envolvidos na expressão da resistência à mosca-minadora e como esses influenciam nessa relação planta-inseto.

No acesso CNPH 94-244, a resistência por antixenose foi associada à abundância de tricomas glandulares. Desse modo, estudos com o intuito de verificar se as folhas desse genótipo emitem compostos voláteis e se esses compostos estão relacionados à presença de tricomas glandulares são importantes. Aqui, vale ressaltar que alguns compostos voláteis promovem a defesa da planta contra o ataque de insetos por meio da repelência ou da atratividade dos inimigos naturais do inseto-praga. Portanto, com a confirmação e a identificação de voláteis associados à resistência por antixenose à mosca-minadora é possível prospectar o isolamento e a síntese desses compostos ou o melhoramento genético do meloeiro, para que os expressem.

O estudo dos mecanismos bioquímicos de defesa também é relevante, uma vez que, a compreensão dos perfis proteômicos e metabólicos de genótipos resistente e suscetível permitirá selecionar proteínas e metabólitos envolvidos na resistência à mosca-minadora em meloeiro, e essas proteínas e metabólitos poderão vir a ser utilizados na síntese de moléculas mais seletivas, eficientes e com baixos níveis de toxicidade ao ambiente.

Outro fato interessante, ainda não relatado para a *L. sativae* em meloeiro, foi a observação que a alimentação larval ocorreu exclusivamente no parênquima paliçádico dos genótipos estudados, seja resistente ou suscetível à mosca-minadora. Esse fato pode ser explorado no sentido de selecionar genótipos com epidermes adaxiais mais espessas, que dificultem as larvas a alcançar o parênquima paliçádico para a alimentação. Essa informação também pode ser relevante para o desenvolvimento de produtos químicos translaminar para controle do inseto-praga, pois o agente químico necessita percorrer um menor número de camadas para afetar a larva. No entanto, é interessante que esse hábito alimentar seja investigado em mais genótipos.

Com os acessos CNPH 11-1072 e CNPH 11-1077 foi verificado, que além da resistência por antixenose, é possível a obtenção de indivíduos resistentes por antibiose por meio do avanço de gerações. E apesar, do programa de melhoramento da Embrapa Agroindústria Tropical possuir fontes mais promissoras e, que atualmente estão em fases mais avançadas de homozigose, novas fontes podem revelar alelos de resistência distintos, com

relevância à piramidação gênica. Tendo isso em vista, o estudo de herança da resistência por antixenose desses acessos estão em andamento, com o objetivo de revelar outro(s) alelo(s) de resistência.

A herança genética da resistência por antixenose à *L. sativae* no acesso CNPH 94-244 tem natureza pelo menos oligogênica, dependendo do genitor contrastante. Essa informação auxiliará na definição do método de melhoramento e da estratégia de seleção mais adequados à introgressão dessa resistência em genótipos-elite de meloeiro. Para tanto, métodos de melhoramento genético mais complexos, como o método genealógico, por exemplo, deverão ser utilizados nessa introgressão, pois além da herança ser complexa, a fonte apresenta características agrônômicas indesejáveis por se trata de um genótipo ainda não melhorado.

Diante do contexto, esse trabalho apresenta grandes avanços para o melhoramento de meloeiro à mosca-minadora, que vem sendo um dos pilares no desenvolvimento de genótipos-elite no Laboratório de Melhoramento e Recursos Genéticos Vegetais da Embrapa Agroindústria Tropical. A obtenção de híbridos resistentes à mosca-minadora prospecta um sistema de produção mais sustentável (redução do controle químico), com menor custo de produção (redução no manejo com a mosca-minadora), com alta produtividade e qualidade (cultivares selecionados para a região nordeste) e, logo, um melão mais competitivo a nível mundial.

REFERÊNCIAS

- AGRAWAL, A. A.; GORSKI, P. M.; TALLAMY, D. W. Polymorphism in plant defense against herbivory: constitutive and induced resistance in *Cucumis sativus*. **Journal of Chemical Ecology**, [s. l.], v. 25, n. 10, p. 2285–2304, 1999. DOI: 10.1023/A:1020821823794
- AJURU, M. G.; OKOLI, B. E. The morphological characterization of the melon species in the family Cucurbitaceae Juss., and their utilization in Nigeria. **International Journal of Modern Botany**, [s. l.], v. 3, n. 2, p. 15-19, 2013. DOI: 10.5923/j.ijmb.20130302.01
- ALVES, A. F.; NASCIMENTO, I. R.; TICONA-BENAVENTE, C. A.; FARIA, M. V.; SARMENTO, R. A.; FIGUEIRA, A. R.; MALUF, W. R. Herança da resistência do acesso de melancia PI 595201 a isolado de PRSV-W do Estado do Tocantins. **Bragantia**, Campinas, v. 7, n. 2, p. 138-142, 2014. DOI: 10.1590/brag.2014.022
- ANUÁRIO BRASILEIRO DA FRUTICULTURA. **Brazilian Fruit Yearbook**. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta Santa Cruz, 2018. 88p.
- ARAUJO, 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**, Mossoró, v. 20, n. 3, p. 210-212, 2007.
- ARAUJO, 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**, Santa Maria, v. 43, n. 4, p. 579-582, 2013. DOI: 10.1590/S0103-84782013000400003
- AYABE, Y. Specific mining pattern as a result of selective feeding within a leaf by the dipteran leafminer *Ophiomyia maura* (Diptera: Agromyzidae). **Entomological Society of America**, [s. l.], v. 103, n. 5, p. 806-812, 2010. DOI: 10.1603/AN10049
- AZEVEDO, F. R.; GUIMARÃES, J. A.; TERAPO, D.; PINHEIRO NETO, L. G.; FREITAS, J. A. D. Distribuição vertical de minas de *Liriomyza sativae* Blanchard, 1938 (Diptera: Agromyzidae) em folhas do meloeiro, em plantio comercial. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 36, n. 3, p. 322-326, 2005.
- BLACKET, M. J.; RICE, A. D.; SEMERARO, L.; MALIPATIL, M. B. DNA-based identifications reveal multiple introductions of the vegetable leafminer *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae) into the Torres Strait Islands and Papua New Guinea. **Bulletin of Entomological Research**, [s. l.], v. 105, p. 533-544, 2015. DOI:10.1017/S0007485315000383
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**, 6ª ed., Viçosa: Ed. UFV, 2013, 523p.
- BOX, G. E. P.; COX, D. R. An Analysis of Transformation. **Journal of the Royal Statistical Society**, [s. l.], v. 26, n. 2, p. 211-252, 1964.

BRAGA SOBRINHO, R.; GUIMARÃES, J. A.; ARAÚJO, E. L.; MOREIRA, M. A. B.; MESQUITA, A. L. M. **Manejo Integrado de Pragas do Meloeiro**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2011. 20p. (Documentos, 143).
http://www.cnpat.embrapa.br/cnpat/down/index.php?pub/Doc_143.pdf. Acesso em: 14 out. 2019.

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. 25p. (Documentos, 69).
http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CNPAT/10236/1/Doc_69_Iied.pdf. Acesso em: 14 out. 2019.

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**, Recife, v. 8, edição especial, p. 42-58, 2012.

BRISOLLA, A. D.; NAZARENO, N. R. X.; TRATCH, R.; FURIATTI, R. S.; JACCOUD FILHO, D. S. **Manejo integrado das principais doenças e de pragas da cultura da batata – uma visão holística de controle para o Estado do Paraná**, Londrina: IAPAR, 2002. 43p. (Circular Técnica, 124). http://www.iapar.br/arquivos/File/zip_pdf/CT124.pdf. Acesso em: 14 out. 2019.

CELIN, E. F.; OLIVEIRA, F. I. C.; DIAS-PINI, N. S.; NUNES, G. H. S.; ARAGÃO, F. A. S. New sources of resistance to leafminers (*Liriomyza sativae*) in melon (*Cucumis melo* L.) germplasm. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 2, p. 1-12, 2017a. DOI: 10.4238/gmr16029561

CELIN, E. F.; SILVA, F. D.; OLIVEIRA, N. R. X.; DIAS, R. C. S.; ARAGÃO, F. A. S. Simple genetic inheritance conditions resistance to *Liriomyza sativae* in melon. **Euphytica**, Holanda, v. 213, n. 101, p. 1-11, 2017b. DOI 10.1007/s10681-017-1888-2

CHABI-OLAYE, A.; MWIKYA, N. M.; FIABOE, K. K. M. Acceptability and suitability of three *Liriomyza* species as host for the endoparasitoid *Phaenocarpa scabriventris*: Implication for biological control of leafminers in the vegetable production system of Kenya. **Biological Control**, [s. l.], v. 65, p. 1-5, 2013. DOI: 10.1016/j.biocontrol.2013.01.007

CHAMARTHI, S. K.; SHARMA, H. C.; SAHRAWAT, K. L.; NARASU, L. M.; DHILLON, M. K. Physico-chemical mechanisms of resistance to shoot fly, *Atherigona soccata* in sorghum, *Sorghum bicolor*. **Journal of Applied Entomology**, [s. l.], v. 135, p. 446-455, 2011. DOI: 10.1111/j.1439-0418.2010.01564.x

CHANDLER, L. D.; THOMAS, C. E. Effect of leafminer feed infectivity on the incidence of *Alternaria* leaf blight lesions on muskmelon leaves. **Plant Disease**, [s. l.], v. 75, p. 938-940, 1991. DOI: 10.1094/PD-75-0938

COELHO, S. A. M. P.; LOURENÇÃO, A. L.; MELO, A. M. T.; SCHAMMASS, E. A. Resistência de meloeiro a *Bemisia tabaci*, Biótipo B. **Bragantia**, Campinas v. 68, n. 4, p. 1025-1035, 2009. DOI: 10.1590/S0006-87052009000400024

COSTA, E. M.; FREITAS, R. M. O.; SILVA, P. A. F.; ARAUJO, E. L. Determination of damaged leaf area and physiological responses of melon plants submitted to different infestation levels of *Liriomyza sativae*. **Horticultura Brasileira**, Recife, v. 35, p. 571-575, 2017. DOI: 10.1590/S0102-053620170415

COSTA, E. M.; TORRES, S. B.; FERREIRA, R. R.; SILVA, F. G.; ARAUJO, E. L. Extrato aquoso de sementes de nim no controle de *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae) em meloeiro. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 47, n. 2, p. 401-406, 2016. DOI: 10.5935/1806-6690.20160048

COSTA, J. M. **Novas fontes de resistência em meloeiro a *Liriomyza sativae*, *Acidovorax avenae* e *Alternaria* spp.** 2017. 80 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia), Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN.

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**, Londrina, v. 38, n. 6, p. 727-733, 2009. DOI:10.1590/S1519-566X2009000600004

COSTA-LIMA, T. C.; MICHEREFF FILHO, M.; LIMA, M. F.; ALENCAR, J. A. **Guia sobre mosca-branca em meloeiro: monitoramento e táticas de controle.** Petrolina, PE: Embrapa Semiárido, 2016. 8p (Circular Técnica, 112). <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/146605/1/CTE112.pdf>. Acesso em: 14 out. 2019.

COSTA-LIMA, T. C.; SILVA, A. C.; PARRA, J. R. P. **Moscas-minadoras do gênero *Liriomyza* (Diptera: Agromyzidae): aspectos taxonômicos e biologia.** Petrolina, PE: Embrapa Semiárido, 2015. 35p. (Documentos, 268). <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/140807/1/SDC268.pdf>. Acesso em: 14 out. 2019.

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

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013. DOI: 10.4025/actasciagron.v35i3.21251

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, 4^a ed., v. 1, Viçosa: Ed. UFV, 2012. 514p.

DANE, F.; TSUCHIYA, T. Chromosome studies in the genus *Cucumis*. **Euphytica**, Holanda, v. 25, p. 367-374, 1976. DOI: 10.1007/BF00041569

DANTAS, A. C. A.; HOLANDA, I. S. A.; ESTERAS, C.; NUNES, G. H. S.; PICO, B.; Diversity of melon accessions from northeastern Brazil and their relationships with germplasms of diverse origins. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, [s. l.], v. 140, n. 5, p. 504-517, 2015. DOI: 10.21273/JASHS.140.5.504

DECKER-WALTERS, D. S.; CHUNG, S. M.; STAUB, J. E.; QUEMADA, H. D.; LÓPEZ-SESÉ, A. I. The origin and genetic affinities of wild populations of melon (*Cucumis melo*, Cucurbitaceae) in North America. **Plant Systematics and Evolution**, Austria, v. 233, n. 3-4, p. 183-197, 2002. DOI: 10.1007/s00606-002-0191-3

DELWING, A. B.; FRANKE, L. B.; BARROS, I. B. I. Qualidade de sementes de acessos de melão crioulo (*Cucumis melo* L.). **Revista Brasileira de Sementes**, Londrina, v. 29, n. 2, p. 187-194, 2007. DOI: 10.1590/S0101-31222007000200025

DEVKOTA, S.; SEAL, D. R.; LIBURD, O. E.; FERGUSON, S.; WADDILL, C. T.; MARTIN, C. G. Responses of *Liriomyza trifolii* (Diptera: Agromyzidae) to chemical and biorational insecticides. **Florida Entomologist**, Flórida, v. 99, n. 4, p. 616-623, 2016. DOI: 10.1653/024.099.0405

DOGIMONT, C.; BORDAT, D.; PAGES, C.; BOISSOT, N. One dominant gene conferring the resistance to the leafminer, *Liriomyza trifolii* (Burgess) Diptera: Agromyzidae in melon (*Cucumis melo* L.). **Euphytica**, Holanda, v. 105, p. 63-67, 1999. DOI: 10.1023/A:1003436428847

DOMINGOS, G. M.; BALDIN, E. L. L.; CANASSA, V. F.; SILVA, I. F.; LOURENÇÃO, A. L. Resistance of collard green genotypes to *Bemisia tabaci* B: characterization of antixenosis. **Neotropical Entomology**, Londrina, v. 47, n. 4, p. 560-568, 2018. DOI: 10.1007/s13744-018-0588-5

DURAIRAJ, C.; KARTHIKEYAN, G.; GANAPATHY, N.; KARUPPUCHAMY, P. Predisposition effect of *Liriomyza trifolii* damage to *Alternaria* leaf spot disease in tomato. **Karnataka Journal of Agricultural Sciences**, Índia, v. 23, n. 1, p. 161-161, 2010.

ENDL, J.; ACHIGAN-DAKO, E. G.; PANDEY, A. K.; MONFORTE, A. J.; PICO, B.; SCHAEFER, H. Repeated domestication of melon (*Cucumis melo*) in Africa and Asia and a new close relative from India. **American Journal of Botany**, Connecticut, v. 105, n. 10, p. 1-10, 2018. DOI: 10.1002/ajb2.1172

FAO – Food and Agriculture Organization. **Base de Dados Agrícolas de FAOSTAT**. Disponível em: <http://faostat3.fao.org>. Acesso em: 14 out. 2019.

FERREIRA, E. C. B.; FREITAS, M. T. S.; SOMBRA, K. D. S.; SIQUEIRA, H. A. A.; ARAÚJO, E. L.; BALBINO, V. Q. Molecular identification of *Liriomyza* sp. in the northeast and southeast regions of Brazil. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 30, n. 4, p. 892-900, 2017. DOI: 10.1590/1983-21252017v30n409rc

FIRDAUS, S.; VAN HEUSDEN, A.; HARPENAS, A.; SUPENA, A.; VISSER, R. G. F.; VOSMAN, B. Identification of silverleaf whitefly resistance in pepper. **Plant Breeding**, Reino Unido, v. 130, p. 708-714, 2011. DOI:10.1111/j.1439-0523.2011.01894.x

FOBA, C. N.; SALIFU, D.; LAGAT, Z. O.; GITONGA, L. M.; AKUTSE, K. S.; FIABOE, K. K. M. Species composition, distribution, and seasonal abundance of *Liriomyza* leafminers (Diptera: Agromyzidae) under different vegetable production systems and agroecological zones in Kenya. **Environmental Entomology**, [s. l.], v. 44, n. 2, p. 223-232, 2015. DOI: 10.1093/ee/nvu065

FURIATTI, R. S.; PINTO JUNIOR, A. R.; LOPES, J. A. B. Estudo comparativo entre agrotêxtil e inseticidas no controle da mosca-minadora da batata. **Revista Acadêmica: Ciências Agrárias e Ambientais**, Curitiba, v. 6, n. 1, p. 89-96, 2008. DOI: 10.7213/cienciaanimal.v6i1.10391

FÜRSTENBERG-HÄGG, J.; ZAGROBELNY, M.; BAK, S. Plant defense against insect herbivores. **International Journal of Molecular Sciences**, [s. l.], v. 14, p. 10242-10297, 2013. DOI: 10.3390/ijms140510242

GABRIEL, K. R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, Oxford, v. 58, n. 3, p. 453-467, 1971. DOI: 10.2307/2334381

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, 920p.

GAO, Y.; LEI, Z.; ABE, Y.; REITZ, S. R. Species displacements are common to two invasive species of leafminer fly in China, Japan, and the United States. **Journal of Economic Entomology**, [s. l.], v. 104, n. 6, p. 1771-1773, 2011. DOI: 10.1603/EC11206

GAO, Y.; REITZ, S. R.; WEI, Q.; YU, W.; LEI, Z. Insecticide-mediated apparent displacement between two invasive species of leafminer fly. **PloS ONE**, Califórnia, v. 7(5): e36622, p. 1-7, 2012. DOI: 10.1371/journal.pone.0036622

GLAS, J.; SCHIMMEL, B. C. J.; ALBA, J. M.; ESCOBAR-BRAVO, R. E.; SCHUURINK, R. C.; KANT, M. R. Plant glandular trichomes as targets for breeding or engineering of resistance to herbivores. **International Journal of Molecular Sciences**, [s. l.], v. 13, p. 17077-17103, 2012. DOI:10.3390/ijms131217077

GREEN, J. P.; FOSTER, R.; WILKINS, L.; OSORIO, D.; HARTLEY, S. E. Leaf colour as a signal of chemical defence to insect herbivores in wild cabbage (*Brassica oleracea*). **PloS ONE**, Califórnia, v. 10(9): e0136884, p. 1-20, 2015. DOI:10.1371/journal.pone.0136884

GUANTAI, M. M.; OGOL, C. P.; SALIFU, D.; KASINA, J. M.; AKUTSE, K. S.; FIABOE, K. K. Differential effects of pesticide applications on *Liriomyza huidobrensis* (Diptera: Agromyzidae) and its parasitoids on pea in central Kenya. **Journal Economic Entomology**, [s. l.], v. 108, n. 2, p. 662-71, 2015. DOI: 10.1093/jee/tov006

GUIMARÃES, J. A.; AZEVEDO, F. R.; BRAGA SOBRINHO, R.; MESQUITA, A. L. M. **Recomendações para o manejo das principais pragas do meloeiro na região do semiárido nordestino**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2005. 9p. (Circular

Técnica, 24). <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CNPAT-2010/9620/1/Ci-024.pdf>. Acesso em: 14 out. 2019.

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, 2009. 9 p. (Circular Técnica, 77). <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CPNH-2010/36358/1/ct-77.pdf>. Acesso em: 14 out. 2019.

GUIMARÃES, J. A.; MOURA, A. P.; OLIVEIRA, V. R. **Biologia e manejo do pulgão *Aphis gossypii* em meloeiro**. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2013. 7p. (Comunicado Técnico). <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/84925/1/cot-93>. Acesso em: 14 out. 2019.

HAGHANI, M.; FATHIPOUR, Y.; TALEBI, A. A.; BANIAMERI, V. Thermal requirement and development of *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae) on cucumber. **Journal of Economic Entomology**, [s. l.], v. 100, n. 2, p. 350-356. 2007. DOI: 10.1603/0022-0493(2007)100[350:TRADOL]2.0.CO;2

HASANUZZAMAN, A. T. M.; ISLAM, M. N.; ZHANG, Y.; ZHANG, C-Y.; LIU, T-X. Leaf morphological characters can be a factor for intra-varietal preference of whitefly *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) among eggplant varieties. **PloS ONE**, Califórnia, v. 11(4): e0153880, p. 1-15, 2016. DOI: 10.1371/journal.pone.0153880

HAUTEA, R. A.; COFFMAN, W. R.; SORRELLS, M. E.; BERGSTROM, G. C. Inheritance of partial resistance to powdery mildew in spring wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlim, v. 73, n. 4, p. 609-615, 1987. DOI: 10.1007/BF00289202

HE, J. CHEN, F.; CHEN, S.; LV, G.; DENG, Y.; FANG, W.; LIU, Z.; GUAN, Z.; HE, C. Chrysanthemum leaf epidermal surface morphology and antioxidant and defense enzyme activity in response to aphid infestation. **Journal of Plant Physiology**, [s. l.], v. 168, n. 7, p. 687–693, 2011. DOI: 10.1016/j.jplph.2010.10.009

HEAD, J.; WALTERS, K. F. A.; LANGTON, S. Utilisation of morphological features in life table studies of *Liriomyza huidobrensis* (Dipt., Agromyzidae) developing in lettuce. **Journal of Applied Entomology**, [s. l.], v. 126, p. 349-352, 2002. DOI: 10.1046/j.1439-0418.2002.00685.x

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Levantamento Sistemático da Produção Agrícola – LSPA**. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/lspa/default.shtm>>. Acesso em: 14 out. 2019.

ITIS. 2017. **Catalogue of Life, Annual Checklist. Integrated Taxonomic Information System**. <http://www.catalogueoflife.org/annual-checklist/2017/search/all/key/liriomyza/fossil/0/match/1>. Acesso em: 14 out. 2019.

JEFFREY, C. A review of the Cucurbitaceae. **Botanical Journal of the Linnean Society**, Oxford, v. 81, p. 233-247, 1980. DOI: 10.1111/j.1095-8339.1980.tb01676.x

JEFREE, C. E. **The cuticle, epicuticular waxes and trichomes of plants, with reference to**

their structure, functions and evolution. In: JUNIPER, B.; SOUTHWOOD, R. (Eds.). *Insects and the plant surface*. London, Edward Arnold, 1986. 360p.

JOHN, K. J.; SCARIAH, S.; MUHAMMED NISSAR, V. A.; LATHA, M.; GOPALAKRISHNAN, S.; YADAV, S. R.; BHAT, K. V. On the occurrence, distribution, taxonomy and genepool relationship of *Cucumis callosus* (Rottler) Cogn., the wild progenitor of *Cucumis melo* L. from India. **Genetic Resources and Crop Evolution**, [s. l.], v. 60, p. 1037-1046, 2013. DOI: 10.1007/s10722-012-9899-2

KAÇAR, Y. A.; SIMSEK, O.; SOLMAZ, I.; SARI, N.; MENDI, Y.Y. Genetic diversity among melon accessions (*Cucumis melo*) from Turkey based on SSR markers. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 4, p. 4622-4631, 2012. DOI: 10.4238/2012.November.29.2

KARNOVSKY, M. J. A. Formaldehyde glutaraldehyde fixative of hiht osmolality for use in electron microscopy. **Journal Cell Biology**, Nova York, v. 27, p. 137-138, 1965.

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

LARA, F. M. **Princípios de resistência de plantas a insetos**. 2ª ed. São Paulo: Ícone, 1991. 336p.

LÁZARO, A.; FERNÁNDEZ, I. C.; BORRERO, M. J.; CABELLO, F.; LÓPEZ-SESÉ, A. I.; GÓMEZ-GUILLAMÓN, M. L.; PICÓ, B. Agromorphological genetic diversity of Spanish traditional melos. **Genetic Resources and Crop Evolution**, [s. l.], v. 64, n. 7, p. 1687-1706, 2016. DOI: 10.1007/s10722-016-0466-0

LEITÃO, L. R. G. **Herança genética e associação de marcadores microssatélites à resistência à *Liriomyza sativae* em meloeiro**. 2018. 52 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia), Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza.

LIANG, D.; HU, Q.; XU, Q.; QI, X.; ZHOU, F.; CHEN, X. Genetic inheritance analysis of melon aphid (*Aphis gossypii* Glover) resistance in cucumber (*Cucumis sativus* L.). **Euphytica**, Holanda, v. 205, p. 361-367, 2015. DOI 10.1007/s10681-015-1391-6

LIMA, M. A. A. **Resistência de genótipos de meloeiro à mosca-minadora *Liriomyza sativae* (Blanchard, 1938) (Diptera: Agromyzidae)**. 2012, 120p. Tese (Doutorado em Ciências), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade Federal de São Paulo, Piracicaba.

MACÊDO, S. S.; QUEIRÓZ, M. A.; AQUINO, I. P. F.; OLIVEIRA, R. S.; LIMA NETO, I. S. Botanical identification and genetic diversity in melons from family farming in the state of Maranhão. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 30, n. 3, p. 602-613, 2017. DOI: 10.1590/1983-21252017v30n308rc

MALIK, A. A.; VASHISHT, V. K.; SINGH, K.; SHARMA, A.; SINGH, D. K.; SINGH, H.; MONFORTE, A. J.; McCREIGHT, J. D.; DHILLON, N. P. S. Diversity among melon

(*Cucumis melo* L.) landraces from the Indo-Gangetic plains of India and their genetic relationship with USA melon cultivars. **Genetic Resources and Crop Evolution**, [s. l.], v. 61, n. 6, p. 1189-1208, 2014. DOI: 10.1007/s10722-014-0101-x

MALLICK, M. F. R.; MASUI, M. Origin, distribution and taxonomy of melons. **Scientia Horticulturae**, [s. l.], v. 28, p. 251-261, 1986. DOI: 10.1016/0304-4238(86)90007-5

MATHER, R. K.; JINKS, J. L. **Biometrical genetics**: The study of continuous variation. 3. ed. New York: Cornell University Press, 1974.

MELLO, M. O.; SILVA-FILHO, M. C. Plant-insect interactions: an evolutionary arms race between two distinct defense mechanisms. **Brazilian Journal of Plant Physiology**, Campos dos Goytacazes, v. 14, n. 2, p. 71-81, 2002. DOI: 10.1590/S1677-04202002000200001

MENEZES, N. L.; SILVA, D C.; PINNA, G. F. A. M. **Folha**. In: APEZZATO-DA-GLÓRIA, B.; CARMELLO-GUERREIRO, S. M. (Eds.). Anatomia Vegetal. 3ª ed. Viçosa: UFV, 2012. p. 303-325.

MINISTÉRIO DE DESENVOLVIMENTO INDÚSTRIAL E COMÉRCIO – MDIC. **Sistema de Análise das Informações de Comércio Exterior via Internet do Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comercio Exterior** – AliceWeb. Disponível em <<http://aliceweb.desenvolvimento.gov.br/>>. Acesso em: 14 out. 2019.

MINKENBERG, O. P. J. M.; VAN LENTEREN, J. C. The leafminers *Liriomyza bryoniae* and *L. trifolii* (Diptera: Agromyzidae), their parasites and host plants: a review. **Agricultural University of Wageningen Papers**, [s. l.], v. 86, n. 2, p. 86-92, 1986.

MORAES, G. J.; MAGALHÃES, A. A.; OLIVEIRA, C. A. V. Resistência de variedades de *Vigna unguiculata* ao ataque de *Liriomyza sativa* (Diptera: Agromyzidae). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília-DF, v. 16, n. 2, p. 219-221, 1981.

MORAIS, A. A.; PINHEIRO, J. B. **Melhoramento para resistência aos insetos-praga**. In: FRITSCHÉ-NETO, R.; BORÉM, A., editores. Melhoramento de plantas para condições de estresse bióticos. Visconde do Rio Branco: Suprema, MG, 2012. p. 153-185.

MUJICA, N.; KROSCHEL, J. Leafminer fly (Diptera: Agromyzidae) occurrence, distribution, and parasitoid associations in field and vegetable crops along the peruvian coast. **Environmental Entomology**, [s. l.], v. 40, n. 2, p. 217-230, 2011. DOI: 10.1603/EN10170

MUSUNDIRE, R.; CHABI-OLAYE, A.; KRUGER, K. Host plant effects on morphometric characteristics of *Liriomyza huidobrensis*, *L. sativae* and *L. trifolii* (Diptera: Agromyzidae). **Journal of Applied Entomology**, [s. l.], v. 136, p. 97-108, 2012. DOI: 10.1111/j.1439-0418.2010.01597.x

NAUDIN, C. Essais d'une monographie des espèces et des variétés du genre *Cucumis*. **Annales Sciences Naturelles**, Paris, v. 11, p. 5-87, 1859.

NOGUEIRA, C. H. F. **Seleção de genótipos de meloeiro resistente à mosca-minadora *Liriomyza sativae* Blanchard (Diptera: Agromyzidae)**, 2016. 83 f. Tese (Doutorado em Entomologia Agrícola), Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife-PE.

NUNES, G. H. S.; MEDEIROS, A. C.; ARAUJO, 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**, Jaboticabal, v. 35, p. 3, p. 746-754, 2013. DOI: 10.1590/S0100-29452013000300011

NUÑEZ-PALENIUS, H. G.; GOMEZ-LIM, M.; OCHOA-ALEJO, N.; GRUMET, R.; LESTER, G.; CANTLIFFE, D. J. Melon fruits: genetic diversity, physiology, and biotechnology features. **Critical Reviews in Biotechnology**, [s. l.], v. 28, p. 13-55, 2008. DOI: 10.1080/07388550801891111

OLIVEIRA, F. I. C.; FIEGE, L. B. C.; CELIN, E. F.; INNECCO, R.; NUNES, G. H. S.; ARAGÃO, F. A. S. Screening of melon genotypes for resistance to vegetable leafminer and your phenotypic correlations with colorimetry. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, Rio de Janeiro, v. 89, n. 2, p. 1155-1166, 2017b. DOI: 10.1590/0001-3765201720150368

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.; GONDIM, R. S.; ARAGÃO, F. A. S., editores. Produção de melão e mudanças climáticas: sistemas conservacionistas de cultivo para redução das pegadas de carbono e hídrica. Brasília, DF: Embrapa, 2017c. p. 45-76.

OLIVEIRA, F. I. C.; NUNES, A. C.; SILVA, F. D.; SILVA, G. T. M. A.; ARAGÃO, F. A. S. **Cultura do melão**. In: FIGUEIRÊDO, M. C. B.; GONDIM, R. S.; ARAGÃO, F. A. S., editores. Produção de melão e mudanças climáticas: sistemas conservacionistas de cultivo para a redução das pegadas de carbono e hídrica. Brasília, DF: Embrapa, 2017a. p. 17-31.

OLIVEIRA, J. M. **Resistência de genótipos de meloeiro à mosca-minadora, *Liriomyza sativae* Blanchard (Diptera: Agromyzidae)**. 2017. 53 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia), Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza-CE.

ORIANI, M. A. G.; VENDRAMIM, J. D. Influence of trichomes on attractiveness and ovipositional preference of *Bemisia tabaci* (Genn.) B biotype (Hemiptera: Aleyrodidae) on tomato genotypes. **Neotropical Entomology**, Londrina, v. 39, n. 6, p. 1002–1007, 2010. DOI: 10.1590/S1519-566X2010000600024

PAINTER, R. H. **Insect resistance in crop plants**. New York, McMillan, 1951, 520p.

PARIS, H. S.; AMAR, Z.; LEV, E. Medieval emergence of sweet melons, *Cucumis melo* (Cucurbitaceae). **Annals of Botany**, [s. l.], v. 110, n. 1, p. 23-33, 2012. DOI: 10.1093/aob/mcs098

PARRELA, M. P.; JONES, V. P.; YOUNGMAN, R. R.; LEBECK, L. M. Effect on leaf mining and leaf stippling of *Liriomyza* spp. on photosynthetic rates of chrysanthemum. **Annals of Entomological Society of America**, [s. l.], v. 78, n. 1, p. 90-93, 1985. DOI: 10.1093/aesa/78.1.90

PAVAN, S.; MARCOTRIGIANO, A. R.; CIANI, E.; MAZZEO, R.; ZONNO, V.; RUGGIERI, V.; LOTTI, C.; RICCIARDI, L. Genotyping-by-sequencing of a melon (*Cucumis melo* L.) germplasm collection from a secondary center of diversity highlights patterns of genetic variation and genomic features of different gene pools. **BMC Genomics**, [s. l.], v. 18, n. 1, p. 1-10, 2017. DOI: 10.1186/s12864-016-3429-0

PEETERS, P. J. Correlations between leaf structural traits and the densities of herbivorous insect guilds. **Biological Journal of the Linnean Society**, [s. l.], v. 77, n. 1, p. 43–65, 2002. DOI: 10.1046/j.1095-8312.2002.00091.x

PETRUS, A. J. A. An approach to the chemosystematics of the genus *Cucumis* L. **Oriental Journal of Chemistry**, [s. l.], v. 30, n. 1, p. 149-154, 2014. DOI: 10.13005/ojc/300117

PITRAT, M. **Melon genetic resources: phenotypic diversity and horticultural taxonomy**. In: GRUMET, R.; KATZIR, N.; GARCIA-MAS, J., editors. Genetics and genomics of Cucurbitaceae. USA: Springer; 2017. p. 25–60. DOI: 10.1007/978-3-319-49332-9

PITRAT, M. **Melon**. In: PROHENS J.; NUEZ F., editors. Vegetables I. Handbook of Plant Breeding, v. 1, Springer; 2008. p. 283-315. DOI: 10.1007/978-0-387-30443-4_9

PITRAT, M.; CHAUVET, M.; FOURY, C. Diversity, history and production of cultivated cucurbits. **Acta Horticulturae**, Bélgica, v. 492, p. 21-28, 1999. DOI: 10.17660/ActaHortic.1999.492.1

PITRAT, M.; HANELT, P.; HAMMER, K. **Some comments on infraspecific classification of cultivar of melon**. In: KATZIR N.; PARIS H. S. (Eds). Proceeding of Cucurbitaceae 2000. **Acta Horticulturae**, Bélgica, v. 510, p. 29–36, 2000. DOI: 10.17660/ActaHortic.2000.510.4

PRADO, J. C.; PEÑAFLORES, M. F. G. V.; CIA, E.; VIEIRA, S. S.; SILVA, K. I.; CARLINI-GARCIA, L. A.; LOURENÇÃO, A. L. Resistance of cotton genotypes with different leaf colour and trichome density to *Bemisia tabaci* biotype B. **Journal of Applied Entomology**, [s. l.], v. 140, p. 405-413, 2016. DOI: 10.1111/jen.12274

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na Agropecuária**, 5ª ed., rev. – Lavras: Ed. UFLA, 2012, 565p.

ROBINSON, R. W.; DECKER-WALTERS, D. S. **Evolution and exploitation**. In: ROBINSON, R. W.; DECKER-WALTERS, D. S. (Eds.). *Curcubis*. New York: CAB International, 1997. p. 35.

ROSETTO, C. J.; MENDONÇA, N. T. A mosca-minadora da melancia, *Liriomyza langei* Frick, 1951 (Diptera: Agromyzidae). **Bragantia**, Campinas, v. 17, n. 2, p. 91-94, 1968. DOI: 10.1590/S0006-87051968000200030

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**, [s. l.], v. 192, p. 441-452, 2015. DOI: 10.1016/j.scienta.2015.06.006

SANTOS, A. A.; CARDOSO, J. E.; OLIVEIRA, J. C.; VIDAL, J. C.; CARDOSO, J. W. **Transmissão do amarelão-do-meloeiro pela mosca-branca**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2004, 3p. (Comunicado Técnico, 93). <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CNPAT-2010/8612/1/Ct-093.pdf>. Acesso em: 14 out. 2019.

SARRIA, E.; PALOMARES-RIUS, F. L.; LÓPEZ-SESÉ, A. I.; HEREDIA, A.; GÓMEZ-GUILLAMÓN. Role of leaf glandular trichomes of melon plants in deterrence of *Aphis gossypii* Glover. **Plant Biology**, [s. l.], v. 12, p. 503-511, 2010. DOI:10.1111/j.1438-8677.2009.00239.x

SCHLICK-SOUZA, E. C.; BALDIN, E. L. L.; MORANDO, R.; LOURENÇÃO, A. L. Antixenosis to *Chrysodeixis includes* (Lepidoptera: Noctuidae) among soybean genotypes. **Bragantia**, Campinas, v. 77, n. 1, p. 124-133, 2018. DOI: 10.1590/1678-4499.2016449

SEBASTIAN, P.; SCHAEFER, H.; TELFORD, I. R.; RENNER, S. S. Cucumber (*Cucumis sativus*) and melon (*C. melo*) have numerous wild relatives in Asia and Australia, and the sister species of melon is from Australia. **Proceedings of the National Academy of Sciences USA**, USA, v. 107, n. 32, p. 14269-14273, 2010. DOI: 10.1073/pnas.1005338107

SEKI, K. Leaf-morphology-assisted selection for resistance to two-spotted spider mite *Tetranychus urticae* Koch (Acari: Tetranychidae) in carnations (*Dianthus caryophyllus* L.). **Pest Management Science**, [s. l.], v. 72, p. 1926-1933, 2016. DOI: 10.1002/ps.4231

SERRES-GIARDI, L.; DOGIMONT, C. How microsatellite diversity helps to understand the domestication history of melon. In: *Cucurbitaceae 2012: Proceedings of the Xth EUCARPIA Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae*. **Antalya-Turkey**, 2012. p. 254-263.

SILVA-LOBO, V. L.; GIORDANO, L. B.; LOPES, C. A. Herança da resistência à mancha bacteriana em tomateiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília-DF, v. 30, n. 4, p. 343-349, 2005. DOI: 10.1590/S0100-41582005000400002

SPENCER, K. A. Leguminous crops 2: leaf-miners. In: *Agromyzidae (Diptera) of economic importance*. **Series Entomologica**, v. 9, p. 73-101. Springer, Dordrecht, 1973. DOI: 10.1007/978-94-017-0683-4_4

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM - SAS Institute Inc., Cary, NC, USA, 2002-2010. TANTOWIJOYA, W.; HOFFMANN, A. A. Variation in morphological characters of two invasive leafminers, *Liriomyza huidobrensis* and *L. sativae*, across a tropical elevation gradient. **Journal of Insect Science**, [s. l.], v. 11, n. 69, p. 1-16, 2011. DOI: 10.1673/031.011.6901

TELFORD, I. R. H.; SEBASTIAN, P.; BRUHL, J. J.; RENNER, S. S. *Cucumis* (Cucurbitaceae) in Australia and Eastern Malesia, including newly recognized species and the sister species to *C. melo*. **Systematic Botany**, [s. l.], v. 36, n. 2, p. 376-389, 2011. DOI: 10.1600/036364411X569561

VALKAMA, E.; KORICHEVA, J.; SALMINEN, J. P.; HELANDER, M.; SALONIEMI, I.; SAIKKONEN, K.; PIHLAJA, K. Leaf surface traits: overlooked determinants of birch

resistance to herbivores and foliar microfungi?. **Trees**, [s. l.], v. 19, p. 191-197, 2005. DOI: 10.1007/s00468-004-0380-5

VALLE, G. E.; LOURENÇÃO, A. L.; PINHEIRO, J. B. Adult attractiveness and oviposition preference of *Bemisia tabaci* biotype B in soybean genotypes with different trichome density. **Journal of Pest Science**, [s. l.], v. 85, p. 431-442, 2012. DOI: 10.1007/s10340-012-0443-0

WAR, A. R.; HUSSAIN, B.; SHARMA, H. C. Induced resistance in groundnut by jasmonic acid and salicylic acid through alteration of trichome density and oviposition by *Helicoverpa armigera* (Lepidoptera: Noctuidae). **AOB Plants**, Oxford, 5: plt053, p. 1-6, 2013. DOI:10.1093/aobpla/plt053

WAR, A. R.; PAULRAJ, M. G.; AHMAD, T.; BUHROO, A. A.; HUSSAIN, B.; IGNACIMUTHU, S.; SHARMA, H. C. Mechanisms of plant defense against insect herbivores. **Plant Signaling & Behavior**, [s. l.], v. 7, n. 10, p. 1306-1320, 2012. DOI: 10.4161/psb.21663

WEI, J.; ZOU, L.; KUANG, R.; HE, L. Influence of leaf tissue structure on host feeding selection by pea leafminer *Liriomyza huidobrensis* (Diptera: Agromyzidae). **Zoological Studies**, Taiwan v. 39, n. 4, p. 295-300, 2000.

WEI, Q. B.; LEI, Z. R.; NAUEN, R.; CAI, D. C.; GAO, Y. L. Abamectin resistance in strains of vegetable leafminer, *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae) is linked to elevated glutathione S-transferase activity. **Insect Science**, [s. l.], v. 22, n. 2, p. 243-250, 2014. DOI: 10.1111/1744-7917.12080

WEINTRAUB, P. G. Effects of cyromazine and abamectin on the leafminer, *Liriomyza huidobrensis* and its parasitoid, *Diglyphus isaea* in celery. **Annals of Applied Biology**, [s. l.], v. 135, n. 3, p. 547-554, 1999. DOI: 10.1111/j.1744-7348.1999.tb00886.x

WEINTRAUB, P. G. Effects of cyromazine and abamectin on the pea leafminer *Liriomyza huidobrensis* (Diptera: Agromyzidae) and its parasitoid *Diglyphus isaea* (Hymenoptera: Eulophidae) in potatoes. **Crop Protection**, [s. l.], v. 20, n. 3, p. 207-213, 2001. DOI: 10.1016/S0261-2194(00)00128-9

WEINTRAUB, P. G.; SCHEFFER, S. J.; VISSER, D.; VALLADARES, G.; CORREA, A. S.; SHEPARD, B. M.; RAUF, A.; MURPHY, S. T.; MUJICA, N.; MACVEAN, C.; KROSCHEL, J.; KISHINEVSKY, M.; JOSHI, R. C.; JOHANSEN, N. S.; HALLETT, R. H.; CIVELEK, H. S.; CHEN, B.; METZLER, H. B. The invasive *Liriomyza huidobrensis* (Diptera: Agromyzidae): understanding its pest status and management globally. **Journal of Insect Science**, [s. l.], v. 17, n. 1, p. 1-27, 2017. DOI: 10.1093/jisesa/iew121

WESP, C. L.; MARTINELLI, J. A.; CHAVES, M. S.; GRAICHEN, F. A. S.; FEDERIZZI, L. C. Herança da resistência quantitativa à ferrugem da folha em linhagens recombinantes de aveia branca. **Tropical Plant Pathology**, Brasília-DF, v. 33, n. 2, p. 138-147, 2008. DOI: 10.1590/S1982-56762008000200008

WILLIAMS, C. E.; NEMACHECK, J. A.; SHUKLE, J. T.; SUBRAMANYAM, S.; SALTZMANN, K. D.; SHUKLE, R. H. Induced epidermal permeability modulates resistance

and susceptibility of wheat seedlings to herbivory by Hessian fly larvae. **Journal of Experimental Botany**, Lancaster, v. 62, n. 13, p. 4521–4531, 2011. DOI:10.1093/jxb/err160

WOODMAN, R. L.; FERNANDES, G. W. Differential mechanical defense: herbivory, evapotranspiration, and leaf-hairs. **OIKOS**, [s. l.], v. 60, p. 11-19, 1991. DOI: 10.2307/3544986

APÊNDICE A - FIGURAS REFERENTES AO ESTUDO DA RESISTÊNCIA POR ANTIXENOSE À MOSCA-MINADORA EM MELOEIRO

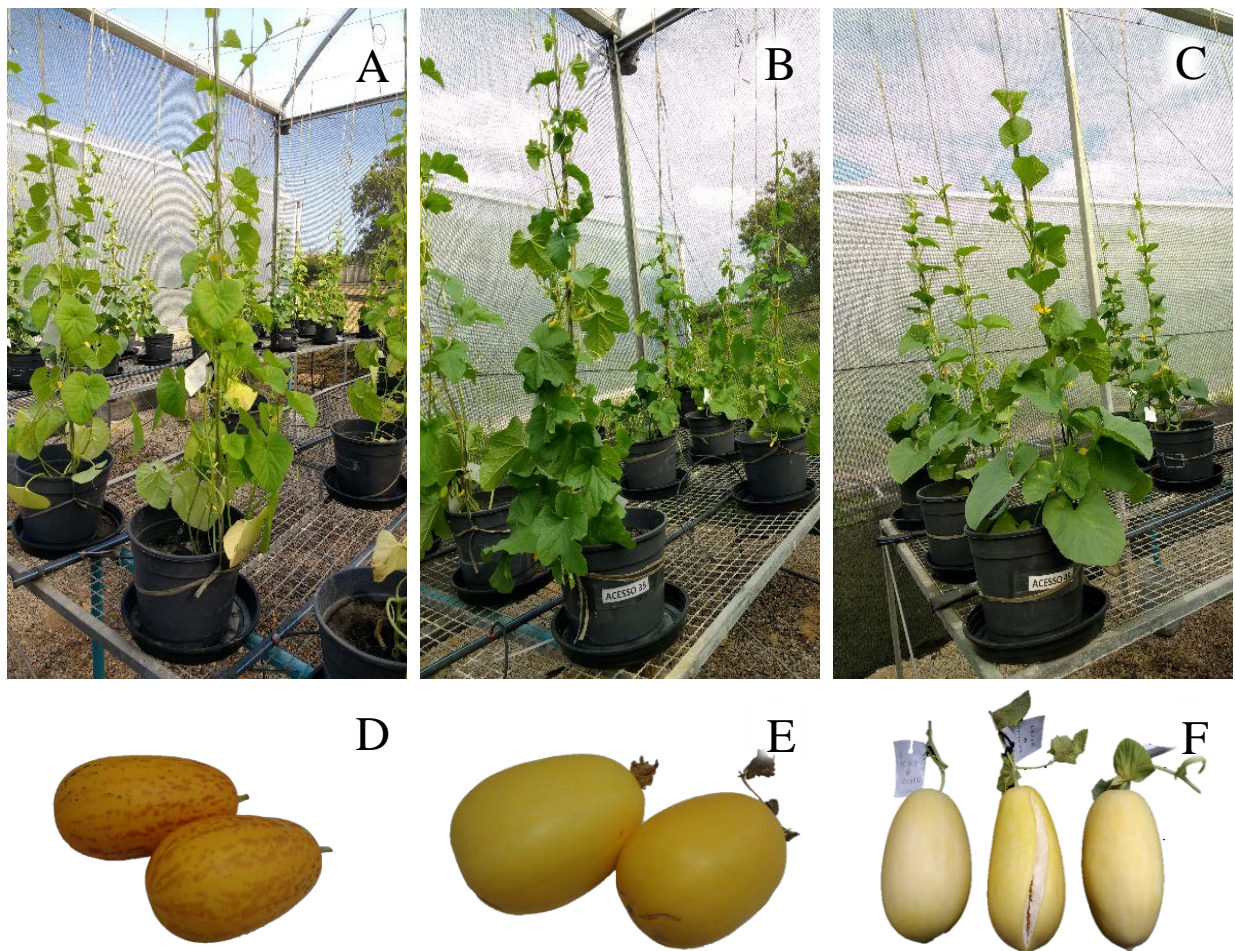


Figura 1. Plantas e frutos dos acessos portadores de alelos de resistência por antixenose à mosca-minadora. CNPH 11-1072 (A e D); CNPH 11-1077 (B e E); e CNPH 94-244 (C e F).

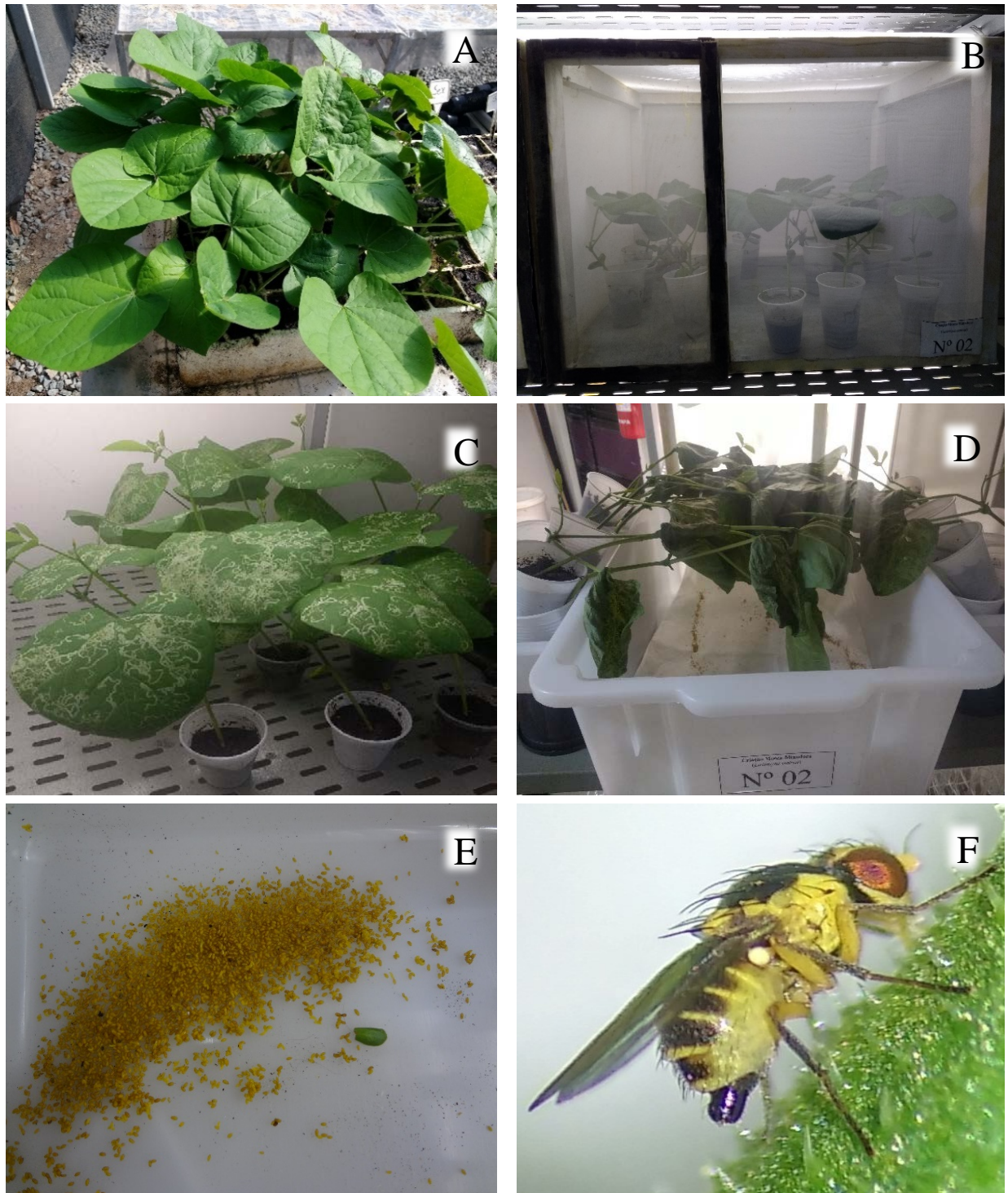


Figura 2. Manutenção da criação em laboratório. Plantas de feijão de porco em bandejas de polietileno (A); infestação das mudas de feijão de porco em gaiola entomológica (B); plantas de feijão de porco, após infestação, com minas desenvolvidas (C); coleta das pupas (D); pupas (E); e mosca-minadora adulta (F).



Figura 3. Obtenção das plantas de meloeiro. Sementes dos genótipos: CNPH 11-1072 (32), CNPH 11-1077 (35), CNPH 94-244 (48), ‘Goldex’ (G) e ‘Iracema’ (I); semeadura em bandejas de polietileno (B); plântulas com 10 dias após a semeadura (C); transplântio para vasos com capacidade de 0,3 litros (D); plantas jovens após o transplântio (E); e plantas com 21 dias após a semeadura (F).



Figura 4. Avaliação de antixenose. Gaiolas entomológicas para os ensaios com e sem escolha (A); distribuição das mudas de meloeiro nas gaiolas (B); plantas após a infestação na casa de vegetação (C); e folhas com minas desenvolvidas (D).

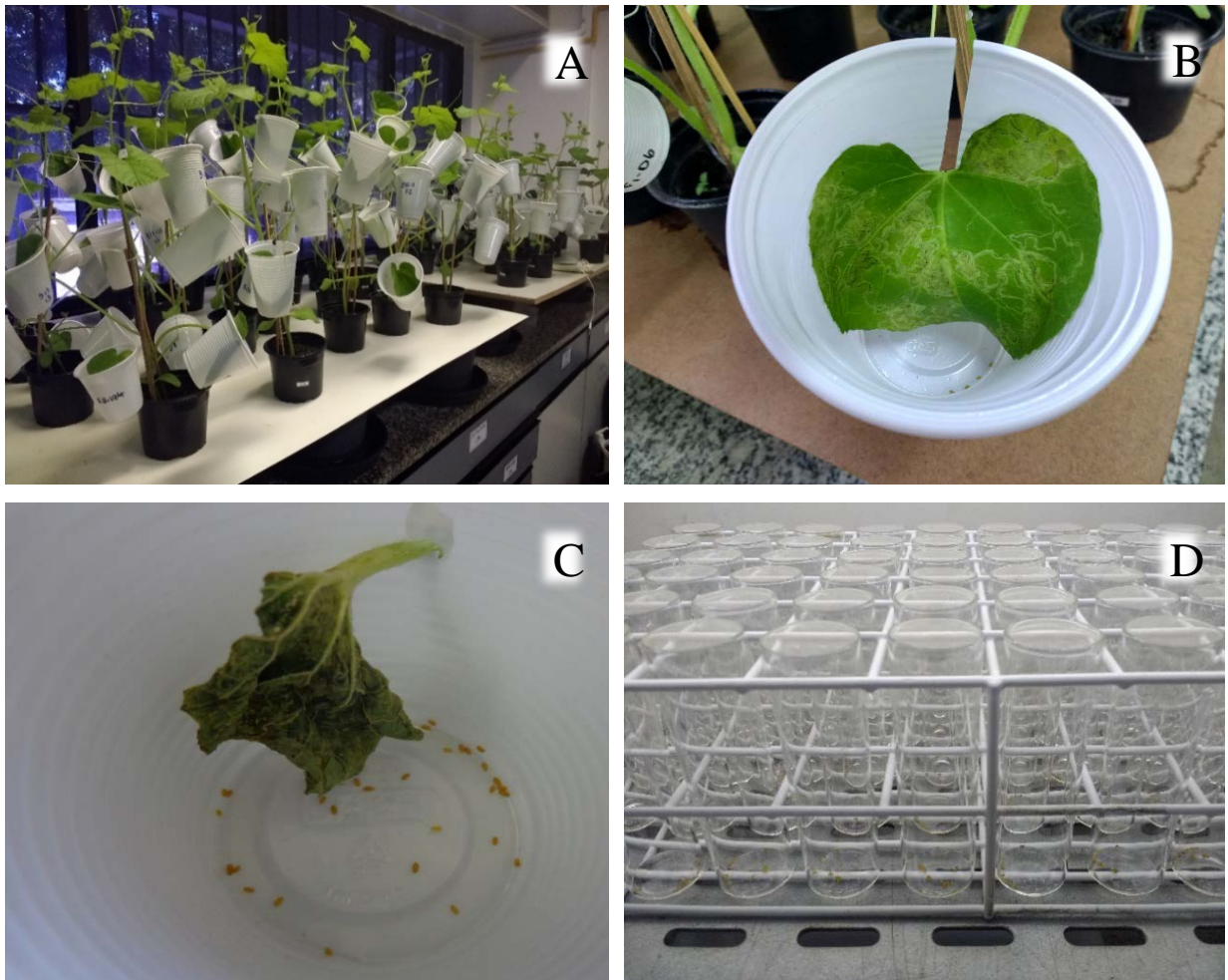


Figura 5. Avaliação de antibiose. Plantas de meloeiro com copos nas folhas com minas (A); pupas coletadas nos copos (quantificação de pupas) (B e C); e acondicionamentos das pupas em tubos de ensaios para a quantificação dos adultos (D).

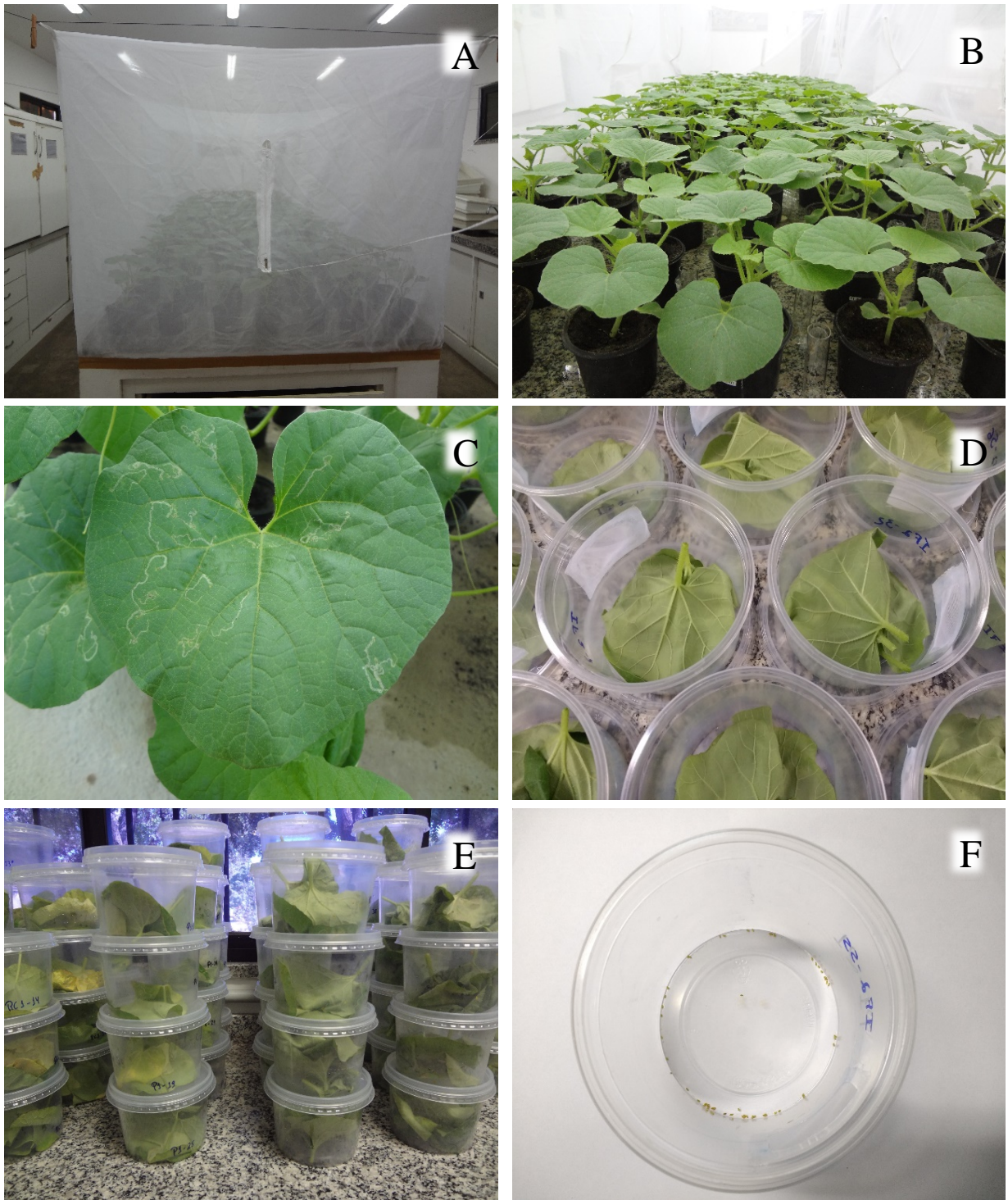


Figura 6. Infestação em gaiola. Gaiola entomológica (A); plantas sob infestação de mosca-minadora (B); folhas com minas (C); coleta das folhas com minas para obtenção de pupas (D e E); e pupas (F).



Figura 7. Infestação em campo: plantio (A); plântulas (B); transplântio (C); planta jovem (D); plantas adultas com minas (E); e 10ª folhas dos três primeiros ramos (F).