



Bragantia

ISSN: 0006-8705

editor@iac.sp.gov.br

Instituto Agronômico de Campinas

Brasil

Ferreira Alves, Anatércia; Rodrigues do Nascimento, Ildon; Ticona-Benavente, César Augusto;  
Ventura Faria, Marcos; de Almeida Sarmiento, Renato; dos Reis Figueira, Antônia; Maluf, Wilson

Roberto

Herança da resistência do acesso de melancia PI 595201 a isolado de PRSV-W do Estado do  
Tocantins

Bragantia, vol. 73, núm. 2, abril-junio, 2014, pp. 138-142

Instituto Agronômico de Campinas

Campinas, Brasil

Disponível em: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=90831468007>

- Como citar este artigo
- Número completo
- Mais artigos
- Home da revista no Redalyc

redalyc.org

Sistema de Informação Científica

Rede de Revistas Científicas da América Latina, Caribe, Espanha e Portugal

Projeto acadêmico sem fins lucrativos desenvolvido no âmbito da iniciativa Acesso Aberto

# Herança da resistência do acesso de melancia PI 595201 a isolado de PRSV-W do Estado do Tocantins

Anatércia Ferreira Alves <sup>(1\*)</sup>; Ildon Rodrigues do Nascimento <sup>(1)</sup>; César Augusto Ticona-Benavente <sup>(2)</sup>; Marcos Ventura Faria <sup>(3)</sup>; Renato de Almeida Sarmento <sup>(1)</sup>; Antônia dos Reis Figueira <sup>(4)</sup>; Wilson Roberto Maluf <sup>(2)</sup>

<sup>(1)</sup> Universidade Federal do Tocantins (UFT), Produção Vegetal, Caixa Postal 66, 77402-970 Gurupi (TO), Brasil.

<sup>(2)</sup> Universidade Federal de Lavras (UFLA), Departamento de Biologia, Caixa Postal 3037, 37200-000 Lavras (MG), Brasil.

<sup>(3)</sup> Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO), Departamento de Agronomia, Rua Padre Honorino João Muraro, 875, 85015-430 Guarapuava (PR), Brasil.

<sup>(4)</sup> UFLA, Departamento de Fitopatologia, 37200-000 Lavras (MG), Brasil.

(\*) Autora correspondente: [anaterciaa@yahoo.com.br](mailto:anaterciaa@yahoo.com.br)

Recebido: 21/out./2013; Aceito: 14/abr./2014

## Resumo

Com o objetivo de identificar o tipo de herança, o número de genes e os parâmetros genéticos e fenotípicos da resistência do acesso PI 595201 a um isolado de PRSV-W da região Norte do Brasil foi conduzido um experimento na área experimental do Departamento de Produção Vegetal da Universidade Federal do Tocantins, em condições de casa de vegetação. A partir do cruzamento entre a cultivar suscetível Crimson Sweet ( $P_1$ ) e o acesso resistente PI 595201 ( $P_2$ ) foi obtida a geração  $F_1$  e as gerações segregantes, cujas plantas foram inoculadas e avaliadas quanto à resistência com base nos sintomas nas folhas. Foram avaliadas 48, 48, 80, 200, 100 e 100 plantas das gerações  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_{11}$  e  $RC_{12}$ , respectivamente, em delineamento inteiramente casualizado com quatro repetições. A partir da análise de componentes de médias no controle da resistência determinaram-se dois genes, predominando os efeitos gênicos aditivos, seguido de efeitos de dominância incompleta no sentido de aumentar a resistência. As herdabilidades para a resistência, no sentido amplo e restrito, foram de 0,48 e 0,38, respectivamente.

**Palavras-chave:** *Citrulus lanatus* var. *lanatus*, Potyvirus, resistência genética, componentes principais.

## Inheritance of the resistance of the watermelon accession PI 595201 to a PRSV-W isolate from the State of Tocantins

### Abstract

Aiming to identify the type of inheritance, the number of genes and genetic and phenotypic parameters of PI 595201 access resistance to an isolate of PRSV-W in the North of Brazil, was conducted an experiment in the experimental area of the Department of Plant Production of the Universidade Federal do Tocantins, in a greenhouse. From the cross between the susceptible cultivar 'Crimson Sweet' ( $P_1$ ) and resistant access 'PI 595201' ( $P_2$ ) was obtained  $F_1$  and segregating generations, whose plants were inoculated and evaluated for resistance based on leaf symptoms. Was evaluated 48, 48, 80, 200, 100 and 100 plants of  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_{11}$  and  $RC_{12}$  generations, respectively, in a completely randomized design with four replications. From the analysis of medium components in the control of resistance were determined two genes, predominantly additive gene effects, followed by effects of incomplete dominance to increase the resistance. The heritability for resistance in broad and narrow sense were 0.48 and 0.38, respectively.

**Key words:** *Citrulus lanatus* var. *lanatus*, Potyvirus, genetic resistance, principal components.

## 1. INTRODUÇÃO

O Estado do Tocantins é um dos principais produtores de melancia da região Norte do Brasil (Goiás, 2013), nele, o principal problema no cultivo é a ocorrência de viroses do gênero Potyvirus. O vírus da mancha anelar do mamoeiro, estirpe melancia (Pappaya Ringspot Virus-Strain

Watermelon, PRSV-W) é o mais importante, por reduzir a qualidade e a quantidade dos frutos (Vieira et al., 2010).

A espécie *Citrulus lanatus* var. *lanatus* (melancia) pertence à família Cucurbitaceae, na qual foram encontradas fontes de resistência a esse vírus. Em pepino (*Cucumis*

*sativus*), a resistência ao PRSV-W é controlada por um gene dominante (Pitrat e Lecoq, 1983; Wai e Grumet, 1995) e em abobrinha (*Cucurbita pepo*) e abóboras (*Cucurbita maxima* e *C. moschata*), por genes recessivos (Maluf et al., 1997). Em melancia a resistência também foi reportada como sendo controlada por um gene recessivo nos acessos africanos PI 244017, PI 482318 e PI 244019, sendo o alelo *pvr* o responsável nos três acessos (Guner et al., 2002).

O acesso de melancia PI 595201 (*Citrullus lanatus* var. *lanatus*) proveniente da Nigéria foi caracterizado como resistente ao PRSV-W (Guner et al., 2002). O controle da resistência foi reportado como complexo, com predomínio do efeito gênico aditivo e herdabilidade no sentido restrito de 0,7, indicando que é possível realizar a seleção de plantas resistentes em populações segregantes (Azevedo et al., 2012; Bezerra Júnior et al., 2007).

Apesar de esse acesso ser uma fonte de resistência genética ao PRSV-W, não foi elucidada sua eficiência a isolados oriundos da região Norte do Brasil, nem sua herança nesse ambiente, pois a taxa de mutação dos vírus é elevada, podendo certos genes de resistência serem úteis em ambientes específicos – fato perceptível por a temperatura elevada dessa região favorecer a multiplicação dos vetores dos vírus.

O objetivo da pesquisa foi identificar o tipo de herança, o número de genes e os parâmetros genéticos e fenotípicos da resistência do acesso PI 595201 a PRSV-W do Estado do Tocantins.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na Estação Experimental de Gurupi, pertencente ao Departamento de Produção Vegetal, Setor de Olericultura da Universidade Federal do Tocantins, em 2011, em condições de casa de vegetação com telado antiáfideos.

Foi realizado o cruzamento da cultivar comercial suscetível Crimson Sweet ( $P_1$  – genitor feminino) com o acesso resistente PI 595201 ( $P_2$  – genitor masculino) e foram obtidas as populações  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_{11}$  e  $RC_{12}$  por meio de cruzamentos controlados. As informações dos genitores utilizados para a obtenção dessas populações estão na tabela 1.

A identificação do isolado de PRSV-W obtido de região produtora de melancia do Estado do Tocantins foi confirmada por teste sorológico Das-Elisa utilizando-se antissoros policlonais específicos para WMV, ZYMV e PRSV-W produzidos no Laboratório de Virologia Molecular da Universidade Federal de Lavras, a partir de *Cucurbita pepo* L. cv. Caserta inoculada via extrato vegetal tamponado com o isolado coletado na região. Para a preparação do inóculo, folhas de plantas de abóbora da cultivar Caserta infectadas com o isolado foram maceradas com auxílio de nitrogênio líquido, na presença de tampão fosfato monobásico dibásico 0,01 M, pH 7,0 e sulfato de sódio.

**Tabela 1.** Genitores utilizados para a obtenção das populações  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_{11}$  e  $RC_{12}$

$P_1$ - cultivar Crimson Sweet	$P_2$ - acesso PI 595201
Suscetível ao PRSV-W	Resistente ao PRSV-W
Fruto arredondado	Fruto arredondado
Casca clara com estrias verde-escuras	Casca branca
Polpa vermelho intenso	Polpa branca
Sabor muito doce	Pouco doce
Poucas sementes	Excessivo número de sementes

As sementes dos parentais e das populações foram semeadas em copos plásticos de 200 mL com paredes externas pintadas com tinta PVA preta, contendo uma mistura de terra de barranco (corrigido conforme análise de solo), substrato comercial e casca de arroz carbonizada, na proporção 1:1:1.

O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado com quatro repetições. Os tratamentos foram formados, em cada repetição, por 12 plantas do  $P_1$ , 12 plantas do  $P_2$ , 20 plantas da geração  $F_1$ , 60 plantas da geração  $F_2$ , 25 plantas da geração  $RC_{11}$  e 25 plantas da geração  $RC_{12}$ , de modo que os números totais de plantas avaliadas foram 48, 48, 80, 200, 100 e 100, respectivamente para as gerações  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $F_2$ ,  $RC_{11}$  e  $RC_{12}$ .

As inoculações foram realizadas aos 35 e 40 dias após a semeadura. A primeira foi efetuada nas folhas cotiledonares e a segunda, nas duas primeiras folhas verdadeiras. As inoculações foram realizadas por fricção da suspensão viral sobre a superfície das folhas com o polegar na presença de carborundum (400 mesh) e a seguir realizou-se a lavagem das folhas com água.

Foram realizadas quatro avaliações de acordo com a severidade dos sintomas aos 15, 25, 35 e 45 dias após a primeira inoculação. As avaliações se basearam em um sistema de notas proposta por Maluf et al. (1997), em que: 1 - Folhas sem sintomas; 2 - Poucas folhas com leve mosaico nos bordos; 3 - Maioria das folhas com mosaico e poucas bolhas; 4 - Maioria das folhas com mosaico, muitas bolhas e/ou folhas com leves deformações; 5 - Mosaico intenso e folhas com deformações severas. Plantas com notas médias superiores a 2 foram consideradas suscetíveis. A eficiência da inoculação foi verificada pela inoculação de plantas não infectadas de abóbora cv. Caserta e nos parentais.

Para avaliar o comportamento conjunto das populações avaliadas em relação à resistência à doença foi realizada a análise de componentes principais, utilizando-se a matriz de variâncias e covariâncias amostrais das frequências das notas de resistência em cada geração. Esse método reduz as cinco dimensões de notas da doença e seis populações em duas, considerando todas as populações ( $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ ,  $RC_{11}$ ,  $RC_{12}$ ), permitindo fácil visualização da resposta das populações à doença.

Com as médias e variâncias da resistência de cada população, foram estimados os seguintes parâmetros genéticos

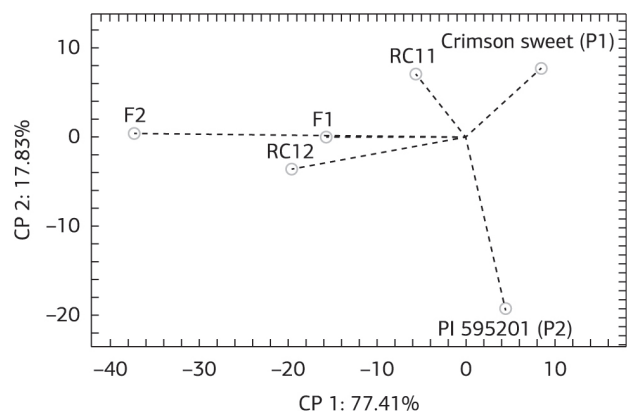
e fenotípicos: variância genética ( $\sigma_G^2$ ), variância ambiental ( $\sigma_E^2$ ), variância fenotípica ( $\sigma_F^2$ ), variância aditiva ( $\sigma_A^2$ ), variância de dominância ( $\sigma_D^2$ ), herdabilidades no sentido amplo ( $h_A^2$ ) e no sentido restrito ( $h_R^2$ ). Também foram estimados os efeitos aditivos [a] e de dominância [d] dos genes que controlam o caráter, pelo método dos quadrados mínimos ponderados (Mather e Jinks, 1977).

As estimativas dos erros padrões foram obtidas de acordo com Vencovsky e Barriga (1992). Também foram estimados o grau médio de dominância (GMD) e o número mínimo de genes ( $\eta$ ), de acordo com Wright (1934). As análises foram feitas com auxílio do programa GENES (Cruz, 2006).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de componentes principais explicou 95% da variação observada no experimento, portanto as inferências geométricas têm alta acurácia para explicar os fenômenos genéticos. Observa-se que entre  $P_1$  (Crimson Sweet) e  $P_2$  (PI 595201) existe associação inversa, ou seja, são contrastantes para resistência à doença, sendo a tendência oposta do sentido, conforme os vetores para o parental suscetível, e o segundo vetor para o parental resistente a PRSV-W (Figura 1).

O tamanho do vetor da população  $F_2$  é o dobro da geração  $F_1$ , mostrando que existe maior variância na população  $F_2$ , no entanto, ambas têm o mesmo sentido, indicando que as populações têm média semelhante (Figura 1). Tetteh et al. (2013), avaliando folha e caule de melancia com resistência a oídio, também não observaram diferença entre as gerações  $F_1$  e  $F_2$ , o que mostra que o controle genético não deve ser um gene com dominância completa. A dominância completa permitiria que o vetor da geração  $F_1$  formasse ângulo que tende a zero com o um dos parentais. Esse fato indica que a resistência genética do acesso PI 595201 pode ser poligênica/oligogênica ou monogênica com modificadores



**Figura 1.** Análise de componentes principais a partir da matriz de variância e covariância para resistência ao PRSV-W em populações de melancia produzidas a partir da recombinação de Crimson Sweet x PI 595201.

ou monogênica com dominância incompleta. Azevedo et al. (2012) afirmam que PI 595201 não possui uma simples herança monogênica para resistência ao PRSV-W.

A geração  $RC_{11}$  apresenta ortogonalidade com Crimson Sweet, o que indicaria independência das duas populações para resistência a PRSV-W (Figura 1), mas como se trata de população de retrocruzamento, isso significaria rotação do vetor da geração  $F_1$  em direção à geração  $P_1$ . Essa rotação foi próxima à metade do ângulo dos vetores da geração  $F_1$  e da geração  $P_1$ , indicando efeito aditivo para o controle da suscetibilidade. O vetor  $RC_{12}$  também rotacionou no sentido de  $P_2$  (Figura 1), mostrando provável efeito aditivo dos genes envolvidos.

As médias das populações avaliadas em plantas do cruzamento entre Crimson Sweet e PI 595201 estão apresentadas na tabela 2, evidenciando-se que as médias dos parentais são contrastantes. Os erros da estimativa das médias dos parentais permitem verificar maior precisão para as plantas resistentes (0,2) do que para plantas suscetíveis (0,7). Esses resultados indicam que  $P_1$  é mais influenciada pelo ambiente do que a reação do pai resistente  $P_2$ . A média da população  $F_1$  é intermediária aos parentais e é igual à população  $F_2$  com 95% de confiança. As médias dos retrocruzamentos foram intermediárias entre a  $F_1$  e os respectivos parentais, conforme a análise de componentes principais tinha revelado.

A análise de componentes de médias permitiu observar que no controle da resistência predominam os efeitos aditivos (Tabela 3), seguido dos efeitos de dominância, sendo essa dominância incompleta no sentido de aumentar

**Tabela 2.** Notas médias das populações avaliadas em plantas do cruzamento entre Crimson Sweet e PI 595201 após inoculação mecânica com vírus da mancha anelar do mamoeiro, estirpe melancia (Pappaya Ringspot Virus-Strain Watermelon – PRSV-W)

Populações	N	Médias
$P_1$	48	4,54 ± 0,735 <sup>(1)</sup>
$P_2$	48	1,06 ± 0,214
$F_1$	80	2,38 ± 0,169
$F_2$	200	2,46 ± 0,869
$RC_{11}$	100	3,13 ± 0,732
$RC_{12}$	100	2,25 ± 0,564

<sup>(1)</sup> Erro da estimativa  $\alpha = 0,05$ .

**Tabela 3.** Estimativa dos componentes de médias, grau médio de dominância (GMD) e número de genes ( $\eta$ ) no controle da resistência ao PRSV-W em melancia a partir do cruzamento entre Crimson Sweet e PI 595201

M	2,60 ± 0,064
[a]	1,22 ± 0,063
[d]	-0,25 ± 0,11
$\chi^2$	0,07 <sup>ns</sup>
GMD	-0,205
$\eta$	1,86

M: média geral; [a]: efeitos aditivos; [d]: efeitos de dominância.

**Tabela 4.** Estimativa dos parâmetros genéticos, fenotípicos e herdabilidade da reação de plantas de melancia ao PRSV-W do cruzamento entre Crimson Sweet e PI 595201

Cruzamentos	Componentes de variância					Herdabilidades	
	$\sigma_G^2$	$\sigma_A^2$	$\sigma_D^2$	$\sigma_E^2$	$\sigma_F^2$	$h_A^2$	$h_R^2$
CS x PI 595201	0,386	0,302	0,062	0,415	0,801	0,48	0,38

CS: Crimson Sweet;  $\sigma_G^2, \sigma_A^2, \sigma_D^2, \sigma_E^2, \sigma_F^2$ : variância genética, variância aditiva, variância dominante, variância ambiental e variância fenotípica, respectivamente.

a resistência – resultados similares foram encontrados por Azevedo et al. (2012).

Os parâmetros genéticos estimados através do modelo aditivo-dominante foram suficientes para explicar o controle genético da reação ao PRSV-W, não havendo evidências de interações alélicas entre os genes que condicionam a resistência, conforme pode ser verificado pela não-significância do  $\chi^2$  (Tabela 3), corroborando resultados de Tetteh et al. (2013), não se necessitando, assim, da inclusão de outros modelos. O grau médio de dominância foi estimado em  $-0,7$ , sendo indicativo de dominância no sentido de aumentar a resistência ao PRSV-W (Tabela 3).

O número de genes que controla a resistência no acesso PI 595201 foi estimado em dois, com predomínio de efeitos aditivos (Tabela 3). O controle genético da resistência desse acesso é variável para outros vírus e isolados de PRSV-W de outros ambientes. Nesse acesso foi encontrado um gene recessivo (Strange et al., 2002), herança predominantemente aditiva para diferentes isolados de PRSV-W (Azevedo et al., 2012), quatro genes para o WMV (Bezerra Júnior et al., 2008) e um gene recessivo para ZYMV (Xu et al., 2004).

Todos os resultados indicam herança complexa, em detrimento da monogênica típica, corroborando resultados de Azevedo et al. (2012), o que indicaria que o mecanismo de resistência da planta poderia ser o mesmo.

A partir das estimativas dos componentes de variância fenotípica observou-se que a variação ambiental foi a de maior magnitude, diminuindo o valor da herdabilidade, cujas estimativas foram inferiores a 0,5 (Tabela 4), indicando que a resistência é influenciada pelo ambiente.

#### 4. CONCLUSÃO

O controle da resistência ao PRSV-W em melancia está determinado por dois genes, predominando os efeitos gênicos aditivos, seguidos de efeitos de dominância incompleta no sentido de aumentar a resistência.

A herdabilidade da resistência ao vírus PRSV-W foi baixa, portanto para utilizar essa fonte de resistência deve-se realizar teste de progênies nas etapas iniciais de seleção para obtenção de famílias homozigotas para resistência a essa virose.

#### AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, pela concessão de bolsa e auxílio financeiro. À Capes, pela bolsa do programa nacional de pós-doutorado – PNPd.

#### REFERÊNCIAS

- AZEVEDO, S.M.; MALUF, W.R.; FARIA, M.V.; RESENDE, J.T.V.; MENEZES, C.B.; NASCIMENTO, I.R. Inheritance of resistance to the Papaya ringspot virus-watermelon strain (PRSV-W) from watermelon accession 'pi 595201'. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.12, p.67-75, 2012. <http://dx.doi.org/10.1590/S1984-70332012000100009>
- BEZERRA JÚNIOR, J.E.A.; MALUF, W.R.; FIGUEIRA, A.R.; BARGUIL, B.M. Herança da resistência ao Watermelon mosaic virus em melancia (*Citrullus lanatus* L.). *Fitopatologia Brasileira*, v.31, p.302-305, 2008. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-41582006000300010>
- BEZERRA JÚNIOR, J.E.A.; FIGUEIRA, A.R.; MALUF, W.R. Seleção de genótipos de melancia resistentes ao watermelon mosaic virus e ao papaya ringspot vírus. *Ciência e Agrotecnologia*, v.31, p.1563-1568, 2007. <http://dx.doi.org/10.1590/S1413-70542007000500044>
- CRUZ, C.D. Programa Genes: Biometria. Viçosa: Editora UFV, 2006. 382p.
- GOIÁS. Secretaria de Estado da Agricultura, Pecuária e Irrigação - SEAGRO. Disponível em: <[http://www.agronegocio.goias.gov.br/index.php?pg=arqdoc&id\\_categoria=33](http://www.agronegocio.goias.gov.br/index.php?pg=arqdoc&id_categoria=33)>. Acesso em: 20 ago. 2013
- GUNER, N.; STRANGE, E.B.; WEHNER, T.C.; PESICVAN-ESBROECK, Z. *Papaya ringspot virus type-w* resistance in watermelon. In: MAYNARD, N. (Ed.). *Proc. Cucurbitaceae 2002*. Alexandria: Proc. Press, 2002. p.238-246. PMID:11998441.
- MALUF, W.R.; PEREIRA, J.J.; FIGUEIRA, A.R. Inheritance of resistance to the *Papaya ringspot virus-watermelon* strain from two different accessions of winter squash *Cucurbita maxima* Duch. *Euphytica*, v.94, p.163-168, 1997. <http://dx.doi.org/10.1023/A:1002998216465>
- MATHER, K.; JINKS, J.L. Introduction to biometrical genetics. Ithaca: Cornell University Press, 1977. 213p. <http://dx.doi.org/10.1007/978-94-009-5787-9>
- PITRAT, M.; LECOQ, H. Inheritance of *zucchini yellow mosaic virus* resistance in *Cucumis melo* L. *Euphytica*, v.33, p.57-61, 1983. <http://dx.doi.org/10.1007/BF00022750>
- STRANGE, E.B.; GUNER, N.; PESIC-VANESBROECK, Z.; WEHNER, T.C. Screening the watermelon germplasm collection for resistance to (*Papaya Ringspot Virus Type-W*). *Crop Science*, v.42, p.1324-1330, 2002. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2002.1324>
- TETTEH, A.Y.; WEHNER, T.C.; DAVIS, A.R. Inheritance of resistance to the new race of powdery mildew in watermelon. *Crop Science*, v.53, p.880-887, 2013. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2012.07.0453>
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

VIEIRA, J.V.; ÁVILA, A.C.; SILVA, G.O. Avaliação de genótipos de melancia para resistência ao *Papaya ringspot virus*, estirpe melancia. Horticultura Brasileira, v.28, p.7-11, 2010. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362010000100002>

WAI, T.; GRUMET, R. Inheritance of resistance to the watermelon strain of *Papaya ringspot virus* in the cucumber line TMG-1. HortScience, v.30, p.338-340, 1995.

WRIGHT, S. The results of crosses between inbred strains of Guinea pigs, differing in number of digits. Genetics, v.19, p.537-551, 1934. PMID:17246736 PMCID:PMC1208512.

XU, Y.; KANG, D.; SHI, Z.; SHEN, H.; WEHNER, T. Inheritance of resistance to *Zucchini Yellow Mosaic Virus* and *Watermelon Mosaic Virus* in watermelon. Journal of Heredity, v.94, p.498-502, 2004. PMID:15475395. <http://dx.doi.org/10.1093/jhered/esh076>