

**ADÔNIS QUEIROZ MENDES**

**RESISTÊNCIA À MURCHA BACTERIANA EM LINHAGENS  
E HÍBRIDOS DE TOMATEIRO**

**RECIFE  
2017**

**ADÔNIS QUEIROZ MENDES**

**RESISTÊNCIA À MURCHA BACTERIANA EM LINHAGENS  
E HÍBRIDOS DE TOMATEIRO**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia “Melhoramento Genético de Plantas”, da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do grau de Doutor em Agronomia.

**COMITÊ DE ORIENTAÇÃO:**

Professor Dr. Dimas Menezes – Orientador – UFRPE

Dra. Aldenir de Oliveira Alves – Co-orientadora – UFRPE

Dr. Adriano Márcio Freire Silva – Co-orientador – UFRPE

**RECIFE  
2017**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)  
Sistema Integrado de Bibliotecas da UFRPE  
Biblioteca Central, Recife-PE, Brasil

M538r Mendes, Adônis Queiroz.  
Resistência à murcha bacteriana em linhagens e híbridos de  
Tomateiro / Adônis Queiroz Mendes. – 2017.  
83 f.; il.

Orientador: Dimas Menezes.

Coorientadora: Aldenir de Oliveira Alves.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal Rural de  
Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Agronomia –  
Melhoramento Genético de Plantas, Recife, BR-PE, 2017.

Inclui anexo(s) e referências.

1. *Solanum lycopersicum* L. 2. *Ralstonia pseudosolanacearum* 3.  
Dissimilaridade 4. Hibridação 5. Capacidade de combinação I.  
Menezes, Dimas, orient. II. Alves, Aldenir de Oliveira; Silva, Adriano  
Márcio Freire coorient. III. Título

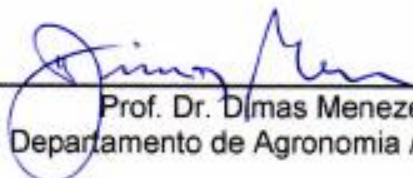
CDD 631.4

**RESISTÊNCIA À MURCHA BACTERIANA EM LINHAGENS  
E HÍBRIDOS DE TOMATEIRO**


**ADÔNIS QUEIROZ MENDES**

Tese defendida e aprovada pela banca examinadora em: 28/07/2017

**ORIENTADOR:**

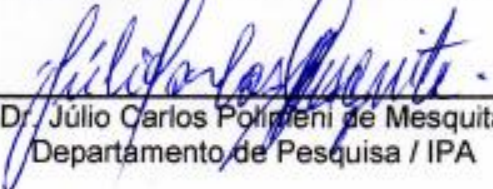
  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Dimas Menezes  
Departamento de Agronomia / UFRPE

**EXAMINADORES:**

  
\_\_\_\_\_  
Dr. Adriano Márcio Freire Silva  
Universidade Federal Rural de Pernambuco

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. Elias Inácio da Silva  
Departamento de Agricultura / IFPE

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Dr. José Luiz Sandes de Carvalho Filho  
Departamento de Agronomia / UFRPE

  
\_\_\_\_\_  
Dr. Júlio Carlos Polidori de Mesquita  
Departamento de Pesquisa / IPA

Deus

## **OFEREÇO**

À minha esposa Aline e meu filho Alisson, pela compreensão e dedicação ao nosso lar nos momentos de ausência e pelo apoio constante neste projeto e na vida.

À minha mãe Veronica e ao meu pai Amaury pelo apoio e pela oportunidade de boa educação a mim concedida.

**DEDICO**

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por ter me dado forças para finalizar esta tese.

Aos meus pais que se dedicaram na educação e incentivos em todos os instantes.

À minha esposa Aline pela ajuda incondicional em tudo que se refere a minha vida, estando sempre presente, com imenso zelo.

Ao meu filho Alisson por me compreender nos momentos e fins de semana que não pude oferecer a atenção que ele merece.

Aos meus irmãos, Eduardo, Ariadne e Hugo por serem tão especiais.

Ao professor Dimas Menezes, pela paciência na orientação e ajuda, tanto na graduação como no mestrado e agora no doutorado.

À Aldenir Alves e a Adriano Silva, pela co-orientação e colaboração nesse projeto.

Ao Professor Dr. José Luiz Sandes, que na época do meu ingresso no curso, estava como coordenador do Programa de Pós-graduação em Melhoramento Genético de Plantas da UFRPE, assim como o coordenador atual professor Dr. Edson Ferreira.

À Universidade Federal Rural de Pernambuco pela oportunidade e formação acadêmica.

Aos professores do programa: Dr. Francisco José de Oliveira, Dr. Edson Ferreira da Silva, Dr. José Luiz Sandes de Carvalho Filho, Dra. Valderez Pontes Matos e Dra. Luiza Suely Semen Martins pela dedicação dentro e fora da sala de aula.

À direção do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia (*Campus* Vitória de Santo Antão) pela minha licença do cargo de docente, podendo me dedicar integralmente ao programa.

Ao amigo Islan Diego, pela sua ajuda e atenção no experimento e nas análises estatísticas.

Aos amigos Ricardo Valadares, Kleyton Danilo, Ítalo Jonny, Djayran Sobral e Fernando Parente, pela ajuda e contribuições no planejamento e na condução dos experimentos.

Ao laboratório de Fitobacteriologia, coordenado pelas professoras Rosa Mariano e Elineide Barbosa, através do PNPd Adriano Silva pela concessão dos isolados dos agentes causais da murcha bacteriana e pela utilização da estrutura do laboratório.

Aos estagiários: Ezildo Felinto, Lilian Bonfim, Matheus Maciel, Bruno Santos e Tiago Seixas pelo grande apoio na condução e avaliação do experimento.

Aos amigos técnicos da UFRPE Fabian Santana e Fernando Rocha pela atenção e colaboração durante e após os experimentos.

Aos funcionários terceirizados Enivaldo, Davi, Henrique, Salatiel e Batistinha pelas ajudas constantes no campo sempre que era necessário.

E a todos que diretamente e indiretamente contribuíram no desenvolvimento e conclusão desta tese.

Muito Obrigado!

## RESUMO

Dentre as solanáceas o tomateiro é a segunda mais produzida no mundo, perdendo apenas para a batata. No Nordeste brasileiro o seu cultivo tem se limitado às mesorregiões do Agreste e do Sertão, tendo como um dos fatores para os problemas fitossanitários, principalmente a murcha bacteriana. Trata-se de uma doença causada pelo complexo de espécies *Ralstonia solanacearum*, sendo já relatada em mais de 450 espécies de plantas. As perdas causadas por essa doença são severas em plantios realizados durante verões chuvosos e em cultivo protegido. Este estudo teve como objetivo identificar e obter germoplasmas de tomateiro resistentes à murcha bacteriana entre 23 linhagens e 24 híbridos experimentais de tomateiro. Foram utilizados os isolados CRM 74, CRM 76 e CRM 77 de *Ralstonia pseudosolanacearum* para avaliação das linhagens e os isolados CRM 74 e CRM 77 para avaliação dos híbridos experimentais. As 23 linhagens, juntamente com sete testemunhas, foram semeadas, transplantadas após 21 dias e inoculadas com 15 ml de suspensão bacteriana na concentração de  $5 \times 10^8$  UFC ml<sup>-1</sup> para cada vaso de 500 ml. O experimento foi realizado em delineamento inteiramente casualizado com três repetições e cada parcela foi constituída por quatro vasos com uma planta cada. As avaliações foram realizadas observando a incidência e a severidade da doença e a partir dessas medidas foram calculados: índice de murcha bacteriana (IMB), incidência (INC), período de latência (PL 50) e área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelos testes de Scott-Knott, a 5% de probabilidade, além de estimar os coeficientes de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais entre os componentes de resistência e calcular a dissimilaridade através da distância de Mahalanobis ( $D^2$ ) determinando a divergência genética entres as linhagens. As cultivares Yoshimatsu e Hawaii 7996 foram utilizadas como testadoras em cruzamentos com as cultivares IPA-6 e Santa Clara, além de 10 linhagens de tomateiro que apresentaram os melhores resultados na etapa anterior. Posteriormente, os híbridos F<sub>1</sub> foram avaliados quanto à resistência à murcha bacteriana durante 15 dias, quanto à incidência e a severidade da doença (SEV) com auxílio de escala descritiva de notas variando de 0 a 4. Os dados foram utilizados para determinar a capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação para os quatro componentes de resistência, além de estimar parâmetros genéticos, tais como herdabilidade, variância fenotípica, genotípica e



ambiental. A interação genótipos x isolados apresentou diferença significativa a 1% de probabilidade apenas para as variáveis período de latência e área abaixo da curva de progresso da doença. Considerando o índice de murcha bacteriana, as linhagens L04, L42, L49, L53, L82, L120, L125 e L128 foram classificadas como resistentes, mas para incidência não houve linhagem que se comportasse de forma semelhante às testemunhas resistentes Hawaii 7996, Yoshimatsu e Woodstock. No tocante às correlações genótípicas, em 100% dos pares de caracteres, foram observados valores iguais ou ligeiramente superiores às correlações fenotípicas, assim como essas duas, em 50% dos casos, foram ligeiramente superiores às correlações ambientais, mostrando que o ambiente favoreceu da mesma forma para IMB x PL 50, IMB x AACPD e PL 50 x AACPD. Para análise do dendrograma, um corte em torno de 15,2% de dissimilaridade possibilitou a formação de quatro grupos distintos e quatro subgrupos. O grupo I foi constituído por genótipos considerados resistentes: Hawaii 7996, Woodstock, Yoshimatsu, Tropithai, L04, L42, L49, L53, L82, L120, L125 e L128, além de linhagens com resistência moderada. Considerando as capacidades de combinação dos híbridos experimentais, os cruzamentos que apresentaram os maiores potenciais para resistência foram os YOS x L04 com os dois isolados e o HAW x L125 com o isolado CRM 74, pois foram os únicos com CEC positiva para PL 50 e negativa para os demais caracteres, apresentando valores de intermediário a superior e que se destacaram para a variável PL 50, além de alto valor para CEC, pelo menos um dos genitores apresentou alto valor de CGC, o que é desejável. Observando os parâmetros genéticos, os valores estimados da variância genética foram superiores aos da variância ambiental para todos os componentes de resistência estudados para os dois isolados bacterianos. Todavia, observou-se neste estudo que a expressão gênica do fenótipo resistência em tomateiro é resultante da ação de efeitos gênicos aditivos e não aditivos, em que os efeitos gênicos não aditivos estão envolvidos nos quatro componentes de resistência e que os efeitos aditivos estão envolvidos no IMB, INC e AACPD.

**Palavras-chave:** *Solanum lycopersicum* L., *Ralstonia pseudosolanacearum*, dissimilaridade, hibridação, capacidade de combinação.

## ABSTRACT

Among the Solanaceae family, tomato plant is the second most produced in the world, behind only the potato. In Northeast of Brazil, its cultivation has been limited to sub regions of the Agreste and the Sertão, as a result of plant diseases problems, especially bacterial wilt. It is a disease caused by a complex of *Ralstonia solanacearum* species, and it has been reported in more than 450 species of plants. The losses caused by this disease are severe in plantations occurred during rainy summers and inside of greenhouses. This study aims to identify and obtain tomato germplasms resistant to bacterial wilt from 23 lines of tomato and 24 experimental hybrids. It was utilized the isolates CRM 74, CRM 76 and CRM 77 of *Ralstonia pseudosolanacearum* for the evaluation of lines, and the isolates CRM 74 and CRM 77 for evaluation of the hybrids. The 23 lines, with seven controls, were sowed, transplanted after 21 days and inoculated with 15 ml of the bacterial suspension with  $5 \times 10^8$  CFU ml<sup>-1</sup> per vase of 500 ml. The experiment had a completely randomized with three repetitions and every parcel had four vases with one plant each. Evaluations were carried out observing the incidence and severity of the disease and based on the result it was calculated: bacterial wilt index (IMB), incidence (INC), latency period (PL 50) and area below the curve of disease progression (AACPD). The data were submitted to analysis of variance and the means were grouped by the Scott-Knott test at 5% probability. Besides that estimating the phenotypic, genotypic and environmental correlation coefficients between the resistance components and calculating the dissimilarity of the Mahalanobis distance (D) to determine the genetic divergence among the lines. The Yoshimatsu and Hawaii 7996 were used as testers in crosses with the 10 lines of best results tomatoes and cultivars IPA-6 and Santa Clara. Subsequently, F<sub>1</sub> hybrid was evaluated for bacterial wilt resistance during 15 days, analyzing the incidence and disease severity (SEV) using a descriptive scale notes from 0 to 4. The data were used to determine the general (CGC) and specific combining (CEC) capacities to four resistance components, estimating genetic parameters such as heritability, phenotypic, genotypic and environmental variance. The interaction genotypes x isolates presented significant difference at 1% probability only for the variables latency period and area below the disease progress curve. Considering bacterial wilt index, lines L04, L42, L49, L53, L82, L120, L125 and L128 were classified as resistant, but for incidence there were no lines that behaved similarly to the resistant controls Hawaii 7996, Yoshimatsu and Woodstock. As for

genotype correlations, in 100% of the pairs of characters, values equal to or slightly higher than the phenotypic correlations were observed. Similar to these two, in 50% of the cases, were slightly higher than the environmental correlations, showing that the environment favored as the same form for IMB x PL 50, IMB x AACPD and PL 50 x AACPD. For the analysis of the dendrogram, a cut around 15.2% dissimilarity allowed the formation of four distinct groups and four subgroups. Group I was composed of resistant genotypes containing: Hawaii 7996, Woodstock, Yoshimatsu, Tropithai, L04, L42, L49, L53, L82, L125, L120 and L128, in addition to lines with moderate resistance. Considering the combining abilities of the experimental hybrids, the crosses that showed the greatest potentials for resistance were the YOS x L04 with the two isolates, and the HAW x L125 with the isolate CRM 74, since they were the only ones with a positive CEC for PL 50 and negative for the others characters. Also, presenting values from intermediate to superior that highlighted for the character PL 50, besides a high value for CEC, and at least one of the parents presented a high CGC value, which it is desirable. Observing the genetic parameters, the estimated values of the genetic variance were higher than the environmental variance for all the resistance components studied for the two bacterial isolates. However, it was observed in this study that the gene expression of the tomato resistance phenotype is resulted from the action of additive and non-additive gene effects, where the non-additive gene effects are involved in the four resistance components and that the additive effects are involved in the IMB, INC and AACPD.

**Keywords:** *Solanum lycopersicum* L., *Ralstonia pseudosolanacearum*, dissimilarity, hybridization, combining abilities.

## LISTA DE FIGURAS E TABELAS

Páginas

### CAPÍTULO II

#### Identificação de linhagens de tomateiro resistentes à murcha bacteriana

Tabela 1. Estimativas dos quadrados médios para os componentes de resistência para 30 genótipos de tomateiro. Recife, UFRPE, 2017 .....	<b>53</b>
Tabela 2. Reação dos genótipos de tomateiro em relação à incidência e ao índice de murcha bacteriana para três isolados de <i>Ralstonia pseudosolanacearum</i> . Recife, UFRPE, 2017.....	<b>54</b>
Tabela 3. Reação dos genótipos de tomateiro em relação ao período de latência e a área abaixo da curva de progresso da doença para três isolados de <i>Ralstonia pseudosolanacearum</i> . Recife, UFRPE, 2017.....	<b>55</b>
Figura 1. Frequência de reações de genótipos de tomateiro à murcha bacteriana. Recife, UFRPE, 2017.....	<b>56</b>
Tabela 4. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (F), genotípica (G) e ambiental (A), entre quatro componentes de resistência à murcha bacteriana em 30 genótipos de tomateiro. Recife, UFRPE, 2017.....	<b>56</b>
Figura 2. Dendrograma obtido pelo método do UPGMA, a partir de medidas de dissimilaridade entre 30 genótipos de tomateiro, baseado na distância de Mahalanobis. Recife, UFRPE, 2017 .....	<b>57</b>

### CAPÍTULO III

#### Identificação e seleção de híbridos de tomateiro visando resistência à murcha bacteriana

- Tabela 1. Estimativa dos quadrados médios da capacidade geral (CGC) e específica (CEC), média e coeficiente de variação (CV) para quatro componentes de resistência à murcha bacteriana para dois isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum*. Recife, UFRPE, 2017..... **74**
- Tabela 2. Estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) para quatro componentes de resistência à murcha bacteriana em 14 genótipos de tomateiro para dois isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum*. Recife, UFRPE, 2017..... **75**
- Tabela 3. Estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação (CEC) para quatro componentes de resistência à murcha bacteriana em genótipos de tomateiro para dois isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum*. Recife, UFRPE, 2017..... **76**
- Tabela 4. Estimativas associadas às variâncias fenotípica ( $\sigma_F^2$ ), genotípica ( $\sigma_G^2$ ), ambiental ( $\sigma_E^2$ ), coeficiente de variação genética ( $CV_G$ ), coeficiente de variação ambiental ( $CV_e$ ), coeficiente de variação da razão ( $CV_G/CV_e$ ) e herdabilidade média ( $h_m^2$ ) para quatro componentes de resistência à murcha bacteriana para dois isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum*. Recife, UFRPE, 2017..... **77**

## SUMÁRIO

	Páginas
<b>CAPÍTULO I</b>	
<b>INTRODUÇÃO GERAL.....</b>	<b>15</b>
<b>1. O TOMATEIRO – ASPECTOS GERAIS.....</b>	<b>16</b>
<b>2. A MURCHA BACTERIANA.....</b>	<b>19</b>
<b>2.1. COMPLEXO DE ESPÉCIES <i>Ralstonia solanacearum</i>.....</b>	<b>19</b>
<b>2.2. SINTOMATOLOGIA.....</b>	<b>21</b>
<b>2.3. CONTROLE DA DOENÇA.....</b>	<b>21</b>
<b>2.4. MÉTODOS DE AVALIAÇÃO QUANTO A RESISTÊNCIA À MURCHA</b>	
<b>BACTERIANA.....</b>	<b>22</b>
<b>3. VARIABILIDADE GENÉTICA DO TOMATEIRO E DA <i>Ralstonia</i></b>	
<b><i>pseudosolanacearum</i>.....</b>	<b>23</b>
<b>4. MELHORAMENTO GENÉTICO DO TOMATEIRO VISANDO RESISTÊNCIA À</b>	
<b>MURCHA BACTERIANA.....</b>	<b>24</b>
<b>5. CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO COM TESTADORES.....</b>	<b>26</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>29</b>
<b>CAPÍTULO II</b>	
<b>IDENTIFICAÇÃO DE LINHAGENS DE TOMATEIRO RESISTENTES À MURCHA</b>	
<b>BACTERIANA.....</b>	<b>37</b>
<b>RESUMO.....</b>	<b>38</b>
<b>ABSTRACT.....</b>	<b>39</b>
<b>INTRODUÇÃO.....</b>	<b>39</b>
<b>MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>41</b>
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>	<b>44</b>
<b>AGRADECIMENTOS.....</b>	<b>49</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>49</b>

**CAPÍTULO III**

<b>IDENTIFICAÇÃO E SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE TOMATEIRO VISANDO RESISTÊNCIA À MURCHA BACTERIANA.....</b>	<b>58</b>
<b>RESUMO.....</b>	<b>59</b>
<b>ABSTRACT.....</b>	<b>60</b>
<b>INTRODUÇÃO.....</b>	<b>60</b>
<b>MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>62</b>
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>	<b>64</b>
<b>AGRADECIMENTOS.....</b>	<b>70</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>70</b>
<b>CONCLUSÕES GERAIS.....</b>	<b>78</b>
<b>ANEXOS.....</b>	<b>80</b>

## **CAPÍTULO I**

---

### **INTRODUÇÃO GERAL**



## INTRODUÇÃO GERAL

### 1. Aspectos gerais

O tomateiro, do gênero *Solanum*, pertence à família das Solanáceas, cuja primeira denominação científica foi dada em 1694 por Tournefort, que o classificou genericamente de *Lycopersicon*, que significa “pêssego de lobo” na língua grega e, por sua vez, o botânico sueco Carolus Linnaeus em 1753, usando o sistema binomial, reclassificou o tomateiro como sendo do gênero *Solanum* (Peralta et al. 2006). Em 1754, Miller descreveu e reclassificou o gênero como *Lycopersicon* e, mais tarde, novamente Miller, em 1768, descreveu várias espécies, incluindo o tomate cultivado, que chamou de *L. esculentum* Mill (Peralta et al. 2006). Com base em evidências obtidas a partir de estudos filogenéticos utilizando sequência de DNA (Spooner et al. 1993) e estudos mais aprofundados de morfologia e de distribuição das plantas, há ampla aceitação entre taxonomistas, melhoristas e geneticistas da nomenclatura *S. lycopersicum* L., conforme consta no Code of Nomenclature for Cultivated Plants (Brickell et al. 2004).

Segundo Rick and Holle (1990), o provável centro de origem do tomateiro é a América do Sul, mas especificamente nos Andes, já que seus ancestrais selvagens são naturais de uma região que compreende o Peru, Equador, Bolívia e Chile, também é encontrado nas Ilhas Galápagos. Acredita-se que o México foi seu sítio de domesticação. Seu cultivo com fins alimentares ocorreu apenas a partir de 1830, passando a ser popular, uma vez que antes o tomate era considerado um fruto venenoso. Na Itália a planta foi documentada pela primeira vez em 1554 e recebeu o nome de “pomi d’oro” por conta da coloração amarela devido ao teor de betacaroteno (Naika et al. 2006, Alvarenga 2004).

Após a sua domesticação em meados do século XVI no México, o tomateiro foi introduzido na Europa pelos espanhóis. Posteriormente foi disseminado para outros países, Itália no século XVI, chegando aos Estados Unidos e Japão no século XVIII. No Brasil, o tomateiro foi trazido no final do Século XIX, com a chegada de imigrantes italianos na região Sul do país (Alvarenga 2004, Filgueira 2008, Neitzke and Buttow 2008).

O tomate é a segunda solanácea mais produzida mundialmente, perdendo apenas para a batata inglesa, movimentando bilhões de dólares anualmente. Trata-se de uma cultura plantada praticamente em todas as regiões geográficas do

planeta sendo, portanto, considerada a olerícola mais difundida no mundo (Souza 2016).

Os principais produtores mundiais de tomate são China, Índia e Estados Unidos com 52.587, 18.736 e 14.516 milhões toneladas respectivamente, constituindo 50% da produção mundial. O Brasil se encontra na 9° posição com 2,5% da produção do planeta (FAO 2014).

A produção de tomate no Brasil, em 2016, envolvendo ambos os segmentos, processamento e mesa, alcançou 3,7 milhões de toneladas, área de 58.548 ha e rendimento médio em torno de 63,84 t ha<sup>-1</sup>. A região Sudeste teve a maior produção, responsável por 48% do total produzido, com destaque para o Estado de São Paulo, representando 20,2% da produção brasileira. A segunda maior região produtora foi o Centro-Oeste, que apresentou uma participação de 27,1% na produção nacional. O Estado de Goiás é o maior produtor nacional, cuja produção em 2016 foi de 978.258 toneladas de frutos, equivalente a 26,2% da produção nacional (IBGE 2016).

O Nordeste teve, em 2016, uma participação de 10,1% da produção de tomate no Brasil, com produção de 478.845 toneladas e rendimento de 41.760 t ha<sup>-1</sup> (IBGE 2016).

Segundo Camargo and Camargo Filho (2012), o Vale do Rio São Francisco (Petrolina, Moxotó, Juazeiro, Abaré e Mirangaba) foi, entre o período de 1986-1990, o maior produtor de tomate destinado à indústria do País e responsável por 47% da produção nacional, predominando a cultivar IPA-5. A partir dos anos de 1990 alguns problemas interferiram na produção do Vale do São Francisco, dentre os quais as fiscalizações ambientais e trabalhistas, aumento do custo de produção e principalmente a chegada da mosca branca, vetor do geminivírus.

O estado de Pernambuco foi, em 2016, o 3° maior produtor do Nordeste, ficando atrás dos estados da Bahia e Ceará, sendo o 11° maior produtor nacional. Sua área de cultivo foi de 1.617 ha, com 53.331 toneladas e rendimento médio de 32.981 kg ha<sup>-1</sup>, correspondendo a 1,4% da produção nacional de tomate (IBGE 2016).

O valor alimentício e medicinal depende não só do estágio de maturação do fruto, mas também de sua cor. Licopeno e betacaroteno são antioxidantes que ajudam a impedir e reparar os danos causados às células pelos radicais livres (Coelho 2010). Há algumas evidências de que o consumo regular de licopeno

diminui a probabilidade de incidência de câncer de próstata e nos pulmões, outros estudos demonstram também a redução de infarto do miocárdio (Borguni 2002).

O tomateiro é uma planta originalmente perene e cultivada como anual, de hábito de crescimento indeterminado, no qual os ramos vegetativos e reprodutivos se alternam formando as unidades simpodiais. Essas unidades são compostas geralmente por três folhas entre duas inflorescências, com a emissão do primeiro cacho floral após oito a doze folhas, na maioria das cultivares. Contudo, esse padrão é alterado nas cultivares de crescimento determinado, em que, a partir da emissão da primeira inflorescência, o número de folhas por unidade simpodial vai sendo reduzido gradativamente até a formação de duas inflorescências consecutivas, quando todo meristema vegetativo apical se transforma em floral (Pnueli et al. 1998). O crescimento determinado do tomateiro ocorre devido à presença da mutação recessiva self-pruning (sp), que apareceu espontaneamente na Flórida em 1914 e, desde então, tem sido usada extensivamente nos programas de melhoramento para tomate processado. Até então, todas as cultivares de tomateiro eram de crescimento indeterminado, que é condicionado pelo alelo dominante Self-Pruning (SP), para o locus em questão. A mutação sp foi, posteriormente, mapeada no cromossomo seis, cujo alelo em homozigose recessiva provoca a “auto-poda” (self-pruning), ou seja, a perda da capacidade de continuar crescendo o ramo vegetativo, após o florescimento, na gema apical (Piotto and Peres 2012).

Quanto a sua biologia de reprodução, trata-se de uma espécie com flores hermafroditas ou perfeitas, predominantemente autógamas, pendentes e pequenas em forma de cacho com um tubo de anteras, ambas na cor amarela. Os cachos podem se apresentar de: forma simples, quando há apenas um eixo principal, ocorrendo com maior frequência na parte inferior da planta; forma bifurcada, quando há a formação de dois eixos; e por fim na forma ramificada, quando há formação de vários eixos, ocorrendo frequentemente na parte superior da planta. O número de flores é bem variável e o pegamento dos frutos está diretamente ligado com a temperatura ideal, pois temperaturas abaixo de 10°C e acima de 30°C podem ocasionar abortamento de flores. O pólen é liberado pelas aberturas laterais da antera e, por gravidade, chega à boca formada pelo tubo de anteras encontrando o estigma, garantindo, assim, a autofecundação (Melo and Ribeiro 1990).

Seus frutos são de tamanho, forma e cores bem variáveis, internamente são divididos em cavidades denominadas de lóculos, em que se encontram as sementes

imersas em mucilagem que nada mais é que uma substância gelatinosa rica em pectina. O número de lóculos é variável, podendo o fruto ser, segundo a EMBRAPA (2003), unilocular, bilocular, trilocular ou plurilocular quando apresentarem um lóculo, dois lóculos, três lóculos ou de quatro lóculos em diante, respectivamente (Fernandes et al. 2007)

Suas sementes possuem de 3-5 mm de diâmetro, formato ovalado, de cor amarela-acizentada, altamente higroscópicas, cobertas por estruturas de proteção chamadas de tricomas e pesam cerca de 2,4 a 4,4mg (Rubatzky and Yamaguchi 1997)

## **2. A murcha bacteriana**

O tomateiro pode ser acometido por uma série de doenças causadas por vírus, fungos, bactérias e nematoides. Dentre as doenças causadas por bactérias destacam-se o cancro bacteriano, a mancha bacteriana, a pinta bacteriana, talo oco, podridão-mole, necrose da medula e murcha bacteriana (Amorim et al. 2011). Esta última é de grande importância em regiões de clima tropical e subtropical, sendo uma das principais doenças das solanáceas nessas regiões. A doença já foi descrita em mais de 450 espécies vegetais, incluindo culturas importantes como, por exemplo, batata, bananeira, pimentão, berinjela, pimenta, amendoim e o tomateiro. A murcha bacteriana ocasiona uma série de prejuízos diretos e indiretos, que podem promover a perda total da produção (Wicker et al. 2007).

A murcha bacteriana ocorre em todas as regiões do país, sendo a principal doença bacteriana do tomateiro nas regiões Norte e Nordeste, limitando o seu plantio em diversas áreas. Especificamente no Nordeste, a doença é mais severa em plantios conduzidos durante os verões chuvosos e em cultivos protegidos (Lopes 2009). Segundo Mariano et al. (1989), em Pernambuco a doença já foi detectada em todas as mesorregiões, tornando inviável o cultivo do tomateiro na mesorregião metropolitana do Recife e na mesorregião da Mata do Estado, causando prejuízos significativos nas regiões produtoras do Agreste e Sertão.

### **2.1. Complexo de espécies *Ralstonia solanacearum***

Até o ano de 2014 o agente causal da murcha bacteriana era denominado de *Ralstonia solanacearum* (Smith) Yabuuchi et al., sendo considerado uma espécie heterogênea ou um complexo de espécies. Devido a sua alta variabilidade e

adaptação e uma grande gama de hospedeiro se fez necessário classificação em nível subespecífico. Esse complexo era dividido em cinco raças considerando a capacidade de atacar diferentes hospedeiros, em quatro filotipos de acordo com a origem geográfica dos isolados, em sequevares observando sequência de genes de endoglucanases, além de clados e clones (Hayward 1994, Fegan and Prior 2005, Albuquerque 2017).

O complexo *Ralstonia solanacearum* é dividido em quatro filotipos estreitamente relacionados à origem geográfica e identificados através da análise das sequências de região ITS e dos genes *egl* (endoglucanase) e *mutS* (gene de reparação de DNA) (Albuquerque 2013). O filotipo I originou-se na Ásia, filotipo II (IIA e IIB) nas Américas, filotipo III na África e ilhas vizinhas e o filotipo IV na Indonésia (Fegan and Prior 2005). O termo “sequevar”, que é identificado pela análise de sequência de genes de endoglucanases, é usado para designar grupos infrasubespecíficos. A classificação em “filotipos” e “sequevares” é a que melhor reflete a variabilidade desse complexo (Albuquerque 2013).

Em um estudo recentemente realizado por Safni et al. (2014), foi observado que o complexo *Ralstonia solanacearum* é composto por três espécies independentes, denominando-as como *Ralstonia solanacearum* (Smith; Yabuuchi et al.) Safni et al., *R. pseudosolanacearum* sp. n. Safni et al. e *R. syzigii* subsp. *indonesiensis* (Roberts et al.) Vaneechoutte et al., das quais apenas as duas primeiras espécies ocorrem no Brasil e a terceira ocorre principalmente na Indonésia. Nessa nova classificação a espécie *R. solanacearum* engloba os isolados pertencentes ao filotipo II. Já a espécie *R. pseudosolanacearum* é composta por isolados do filotipo I e III. E por último o filotipo V passa a ser denominado de *R. syzigii*.

No Brasil ocorre apenas os filotipos I e II (IIA e IIB) e já foram encontradas, das 61 existentes, 13 sequevares em solanáceas. A predominância nos cultivos brasileiros é de isolados pertencentes ao filotipo II, sendo IIA presente em todas as regiões e IIB presente principalmente na região Sul. Porém, o filotipo I é o mais prevalente nos cultivos de berinjela, pimentão e tomate das regiões Norte e Nordeste, valendo salientar que todos os isolados do filotipo I encontrados no país foram classificados como pertencentes às sequevares 17 e 18. (Silva 2014).

Santiago et al. (2016), relatam a presença dos filotipos I e II no Brasil e apontam o país como centro de origem do filotipo II (*R. solanacearum*). No Nordeste

há a ocorrência dos filotipos I e II, porém há prevalência do filotipo I, já que 70% das ocorrências de murcha bacteriana têm como agente causal a espécie *R. pseudosolanacearum*.

Nas mesorregiões do Sertão e São Francisco Pernambucano foram detectadas as sequevares 17, 50 e 59 e nas mesorregiões do Agreste e Mata do estado foram detectadas as sequevares 17, 18, 50, 58 e 59, onde predomina o clima tropical chuvoso, com verão seco (Silva 2014, Santiago et al. 2016, Albuquerque 2017).

## **2.2. Sintomatologia**

Isolados do complexo de espécies *R. solanacearum* penetram através de ferimentos e locais de emergência de raízes. Em menos de quatro horas a bactéria invade os espaços intercelulares do córtex da raiz e em dois a três dias coloniza inteiramente esses espaços e o parênquima celular (Liu et al. 2005).

O patógeno se multiplica rapidamente sempre em direção ao xilema, de onde atinge todas as partes da planta. Em decorrência da colonização, ocorre a obstrução dos vasos, causada pelo acúmulo de exopolissacarídeo. Assim, o fluxo de seiva bruta pode ser parcial ou totalmente bloqueado, impedindo que a água e nutrientes absorvidos pelo sistema radicular supram adequadamente a parte aérea da planta (Hikichi et al. 2007; Amorim et al. 2011). Em consequência da colonização, o sintoma externo é evidenciado por murcha sem alteração da coloração das folhas, iniciando pelas mais velhas e progredindo para as mais novas (Silva 2014).

Com o progresso da doença, os tecidos do caule e do ponteiro se tornam flácidos, seguindo-se a murcha permanente e a morte da planta. Os sintomas internos são observados quando um corte transversal ou longitudinal do caule é realizado, principalmente na parte basal, onde é possível observar a descoloração do xilema. O escurecimento dos vasos é atribuído ao transporte de substâncias resultantes da oxidação de fenóis, que originam composto do tipo melanina. Ao ser realizado o teste do copo, observa-se a exsudação de pus bacteriano, indicando a presença da bactéria nos vasos infectados (Amorim et al. 2011).

## **2.3. Controle da doença**

Não há produtos fitossanitários que sejam eficientes no controle da murcha bacteriana e os produtos que desinfestam o solo também não são eficientes pelo

fato de não penetrarem nas camadas mais profundas, além de serem inviáveis economicamente. O que geralmente se faz é utilizar um conjunto de medidas como: conhecer o histórico da área quanto à ocorrência da doença; fazer rotação de cultura com gramíneas por no mínimo um ano; manejar a irrigação evitando encharcar o solo; ter cuidado com os tratos culturais como poda, capina e desbaste; evitar movimentação de solo a partir de focos da doença para outras áreas. (Lopes and Quezado Soares 2000).

No mercado de sementes não há cultivares de tomateiro com nível adequado de resistência e com características agronômicas que o mercado exige, isso ocorre pelo fato da bactéria possuir alta variabilidade e a resistência ser altamente influenciada pelas condições climáticas. O que existe são materiais com alta resistência, mas sem as características comerciais desejáveis, utilizados como porta-enxerto, tais como Hawaii 7996, Caraíba, Yoshimatsu, Guardiã, Muralha, Magnet e Woodstock. No entanto Lopes (2009), afirma que a utilização de materiais para enxertia não dispensa os demais cuidados.

#### **2.4. Métodos de avaliação quanto à resistência a murcha bacteriana**

A obtenção de variedades de tomateiros que expressem o caráter de resistência à murcha bacteriana é de extrema importância, já que o tratamento químico não demonstra resultado satisfatório no controle da doença.

Uma das maneiras de avaliar a resistência à murcha bacteriana é realizando inoculação em plantas representativas dos genótipos a serem estudados e avaliar a incidência e a severidade da doença, com auxílio de uma escala descritiva de notas. As principais formas de realizar a inoculação da bactéria na planta são: plantio em solo infestado com suspensão bacteriana, plantio em solo naturalmente infestado, imersão das raízes de plântulas em suspensão bacteriana antes do transplante, injeção de suspensão bacteriana na extremidade de ramos em crescimento e a inoculação do isolado após causar injúrias radiculares de plantas em vasos, sendo os três primeiros métodos os mais utilizados (Morgado et al. 1994).

Ozaki and Kimura (1989), afirmam que o estágio de desenvolvimento da planta no momento de inoculação deve ser considerado, uma vez que plantas muito jovens submetidas à suspensão com alta concentração do inóculo podem esconder uma possível resistência, assim como suspensão com baixa concentração de inóculo pode permitir escapes de plantas suscetíveis.

O melhoramento para a resistência à murcha bacteriana é considerado uma medida eficiente de controle e deve ser regionalizado (Hayward 1991). No entanto, a quebra da resistência ocorre frequentemente devido à plasticidade genômica e fenotípica dentro do complexo de espécies *R. solanacearum* (Toukam et al. 2009). Isso acontece devido ao fato de genótipos considerados resistentes à murcha bacteriana em uma determinada área geográfica poderem ser suscetíveis em outra área devido à influência ambiental e a variações das populações do patógeno ali existentes (Hayward 1991).

### **3. Variabilidade genética do tomateiro e da *Ralstonia pseudosolanacearum***

Sabe-se da grande importância da existência e do conhecimento da diversidade genética para o êxito nos programas de melhoramento vegetal, principalmente quando se busca resistência a doenças.

As espécies vegetais, quando submetidas a vários ciclos de seleção, têm por consequência o estreitamento de sua base genética, podendo colocar em risco a segurança alimentar (Saavedra et al. 2001). Um exemplo é o tomateiro cultivado que, após ter sido submetido ao processo de domesticação, teve sua base genética estreitada drasticamente, de forma que possui apenas 5% de variação genética em relação aos seus parentes silvestres (Miller and Tanksley 1990). Mesmo assim os programas de melhoramento de tomate têm obtido ganhos na seleção de novas cultivares, devido à adoção de estratégias racionais de utilização do germoplasma disponível, ampliando a base genética utilizando hibridações interespecíficas com fontes de germoplasmas selvagens compatíveis do mesmo gênero para incorporação de genes no tomate cultivado e, conseqüentemente, a variabilidade necessária para uso no processo seletivo (Seah et al. 2004, Marim et al. 2009).

No tomateiro é comum a utilização de métodos de melhoramento que envolvam hibridação e seleção objetivando características agronômicas, inclusive resistência a doenças. O melhorista pode utilizar diferentes fontes de germoplasma como doadoras de genes de resistência e na falta de resistência no material comercial, podem-se fazer avaliações para identificação de resistência em acessos de bancos ativos de germoplasma, variedades crioulas cultivadas por agricultores, introgressões e germoplasma selvagem obtido do centro de diversidade da espécie (Bespalhok 2017, Costa 2008).



Uma alternativa é a conservação, manutenção e caracterização da diversidade genética do tomateiro em bancos de germoplasma (Brown et al. 1989). No departamento de Agronomia da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) há conservação de acessos de solanáceas como tomate e berinjela e acessos de cucurbitáceas como o melão. Essa coleção possui materiais coletados no país, linhagens e cultivares comerciais provenientes de pesquisas realizadas na instituição e de parcerias com empresas públicas como o Instituto Agrônômico de Pernambuco (IPA) e a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), além de empresas privadas.

Em contrapartida, um dos problemas que os melhoristas têm enfrentado quando se buscam genótipos resistentes à murcha bacteriana é a variabilidade da *R. solanacearum* e *R. pseudosolanacearum*. Essa dificuldade de obtenção de genótipos resistentes está relacionada a inúmeros fatores como gama de hospedeiros, distribuição geográfica, agressividade, características fisiológicas, adaptação a diferentes temperaturas e, até, disseminação por meio de insetos (Costa et al. 2007). Outro fator que tem dificultado os programas de melhoramento com tal objetivo é a capacidade que as espécies do complexo *R. solanacearum* apresentam de recombinar, mutar, disseminar e variar a agressividade dos seus isolados, sendo as duas primeiras responsáveis pelo aumento da variabilidade genética (Silva 2014).

#### **4. Melhoramento genético do tomateiro visando resistência à murcha bacteriana**

O tomateiro é uma cultura muito estudada e trabalhada em relação ao melhoramento genético. Os principais programas de melhoramento da cultura têm buscado, principalmente, maior tempo de pós-colheita dos frutos, aumento da produtividade e também resistência a doenças (Andrade Júnior et al. 2001).

Considerando a resistência a doenças, o produtor hoje pode contar com genótipos resistentes a diversas doenças, tais como murcha-de-fusário raça 1, 2 e 3, Mosaico do Tabaco (TMV), nematoides formadores de galhas, Murcha-de-Verticílio raça 1, mosaico dourado e vira cabeça do tomateiro.

A universidade do Hawaii - EUA realizou pesquisas objetivando a obtenção genótipos resistentes à murcha bacteriana, obtendo as cultivares resistentes Hawaii

7996, Hawaii 7997 e Hawaii 7998, todas têm como genitor comum o acesso PI 127805A pertencente à espécie *Solanum pimpinellifolium* L.

Em experimentos realizados em 12 países e utilizando 35 genótipos resistentes à murcha bacteriana, a linhagem Hawaii 7996 foi a que apresentou os melhores resultados com valores variando entre 84,8 e 100% de plantas sem sintomas, enquanto a testemunha suscetível apresentou resultados entre 0 e 56%, tornando-se padrão internacional de resistência. Foram identificados vários QTS's (Quantitative Trait Loci) ligados a resistência e os de maior efeitos estão localizados nos cromossomos 6 e 12 (Wang et al. 1999, Wang et al. 2013, Lopes et al. 2015)

O Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia – INPA iniciou na década de 1970 seu programa de melhoramento de tomateiro, no qual um dos objetivos foi a obtenção de genótipos resistentes à murcha bacteriana, utilizando genótipos não comerciais do estado do Hawaii (EUA) e da Guiana Francesa como fonte de resistência. O que resultou no lançamento da cultivar denominada Yoshimatsu, originada do cruzamento de IH-40 com UH-7976, apresentando resistência governada por mais de um gene ou bloco gênico com dominância, além de efeitos aditivos no aumento do caráter. Posteriormente, as pesquisas do INPA foram direcionadas no sentido de melhorar as características agrônômicas relacionadas à qualidade do fruto (Menezes 1998, Noda 2007).

No período de 1983 a 1991 o Centro de Pesquisa Agropecuária do Trópico Úmido – CPATU da EMBRAPA desenvolveu um programa de melhoramento objetivando a obtenção de genótipos de tomateiro resistente à murcha bacteriana. Teve início com a introdução de nove materiais procedentes de diversas regiões do mundo como a América Central, EUA, Taiwan e China. O objetivo foi avaliar produtividade, tamanho de fruto, ciclo da planta, além de identificar materiais resistentes à murcha bacteriana através de um ensaio em campo. Os pesquisadores concluíram que a cultivar Caraíba, introduzida da América Central, foi a que apresentou maior resistência à murcha bacteriana, podendo ser recomendada para produção comercial de tomate na época do verão na Amazônia (Cheng et al. 1994).

O CPATU realizou um cruzamento entre CL 1131-0-0-30-40 x Caraíba com seleção posterior em relação à época do ano, tamanho dos frutos e resistência à murcha bacteriana. Em 1986, uma linhagem dessa seleção foi lançada como cultivar denominada de C-38, mas não conseguiu conquistar os principais mercados da

Amazônia, devido ao pequeno peso do fruto, de 60 a 80 g e a curta durabilidade pós-colheita (Cheng et al. 2002).

Silveira et al. (1999) avaliaram uma população de tomateiro na geração  $F_6$ , obtida pelo cruzamento das cultivares CL 5915-93 moderadamente resistente com IPA-6 suscetível e selecionaram para resistência ao complexo *R.solanacearum*. Parte das plantas  $F_6$  e a testemunha suscetível (IPA-6) exibiram sintomas de murcha sete dias após inoculação. Do total das 660 plantas testadas, 151 (22,9%) plantas não apresentaram sintomas, sendo consideradas potencialmente resistentes.

Souza et al. (2013), avaliaram o índice de sanidade e, por diferença, o índice de infecção de progênies na  $F_{12}$ ,  $F_{13}$  e  $F_{14}$ , desenvolvidas a partir da cultivar Yoshimatsu, em experimento em campo no município de Parintins - AM em solo naturalmente infestado. As cultivares Yoshimatsu e Santa Cruz Kada foram utilizadas como testemunhas de resistência e suscetibilidade respectivamente. Das três gerações avaliadas, a geração  $F_{12}$  apresentou o maior valor de índice de sanidade, mas sem diferença significativa entre as demais gerações e a testemunha de resistência. Os autores concluíram que as gerações avançadas da cultivar Yoshimatsu são geneticamente adaptadas para o cultivo em ambiente de terra firme e várzea no estado do Amazonas.

Campos et al. (1998), inoculando isolados locais no estado de Tocantins verificou que a cultivar Yoshimatsu, desenvolvida pelo INPA, é resistente ao agente causal da murcha bacteriana, sendo uma fonte de resistência a ser utilizada em programas de melhoramento da cultura.

Como se percebe, há disponibilidade no mercado brasileiro de cultivares de tomateiro que apresentam resistência à murcha bacteriana, porém apresentam desvantagens como: frutos que não suportam o transporte, que apresentam rachaduras e que possuem pouco tempo de pós-colheita. Dessa forma, tais cultivares podem ser utilizadas como porta-enxertos na produção de mudas de tomateiro.

## **5. Capacidade de combinação com testadores**

Para a cultura do tomateiro é enorme a variabilidade genética existente no germoplasma nacional e nas introduções realizadas, estando disponíveis para programas de melhoramento da espécie. Uma das formas de explorar tal variabilidade disponível é a hibridação, que possibilita a recombinação e produção

de novas cultivares adaptadas às diversas finalidades. A principal dificuldade no uso de tais recursos genéticos está relacionada à escolha dos genitores mais favoráveis para atingir o objetivo do programa em questão (Ramalho et al. 1993).

O cruzamento dialélico é uma técnica bastante poderosa, pois além de quantificar a variabilidade genética do caráter, possibilita conhecer o controle genético dos caracteres, avaliar o valor genético de genitores, capacidade específica e heterose manifestada em cruzamentos específicos (Cruz 2012). A técnica se baseia em realizar cruzamentos de  $n$  genótipos, dois a dois, produzindo  $n^2$  combinações possíveis. Dentre os métodos de análise de cruzamentos dialélicos os mais utilizados são os métodos de Jinks and Hayman (1953), Griffing (1956) e Gardner and Eberhart (1966).

Com o método de Jinks and Hayman (1953) pode-se trabalhar com as gerações  $F_1$ ,  $F_2$  e os retrocruzamentos, sendo utilizado para obter estimativas dos parâmetros genéticos como as variâncias gênicas aditivas e dominantes, o grau médio de dominância, distribuição dos alelos nos genitores e a herdabilidade nos sentidos amplo e restrito, enquanto a metodologia de Griffing (1956) foi desenvolvida para avaliar a capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC) dos genótipos provenientes de cruzamentos dialélicos. Já na metodologia de Gardner and Eberhart (1966), são avaliados os efeitos de variedades e da heterose varietal, baseados no estudo genético de populações por meio das médias obtidas dos cruzamentos, em vez das estimativas de variâncias, também permite o desdobramento desse efeito em heterose média, heterose do genitor e heterose específica, no entanto, essa metodologia é proposta apenas para o caso univariado (Vieira 2006).

Para esses métodos é necessário realizar cruzamentos considerando todas as combinações possíveis entre os genótipos trabalhados, demandando tempo e muito trabalho, limitando o número de materiais a serem avaliados.

Uma forma mais simples e menos onerosa para avaliar um grande número de linhagens é realizar os cruzamentos com outro genótipo chamado de testador, obtendo, assim, os cruzamentos *Top crosses*, que devem ser avaliados em experimentos com repetições. Dessa forma o termo *Top cross* é empregado em cruzamentos entre um grupo de linhagens com um ou mais testadores, que podem ser uma variedade, linhagem ou híbrido, visando à avaliação da capacidade geral ou específica de combinação das linhagens e eliminando as de desempenho inferior,

tornando mais racional e eficiente o programa de híbridos. Quando se faz o uso de apenas um único testador, a amplitude de expressão das linhagens é reduzida, em virtude do fato da contribuição das linhagens em *Top cross* ser reduzida à metade (Araujo 2014).

A fim de solucionar o problema de realizar os cruzamentos considerando todas as combinações possíveis, Geraldi and Miranda Filho (1988), utilizando cruzamentos *Top crosses*, apresentam adaptações para a metodologia dos métodos 2 e 4 do modelo de Griffing (1956), considerando avaliar combinações híbridas entre dois grupos fixos de genótipos envolvendo os genitores e  $F_1$  para método 2 ou apenas os  $F_1$  para o método 4, possibilitando maximizar as informações sobre os dois grupos de genitores com menor número de cruzamento do que o necessário no dialelo balanceado (Nóbrega 2008).

Para alcançar êxito no programa de melhoramento, a seleção de bons testadores é muito importante, devendo ser realizada considerando o tipo de base genética do genitor, a frequência de alelos favoráveis, a capacidade de combinação, o número de testadores utilizados e o grau de parentesco com o material avaliado (Costa 2015).

Inúmeros trabalhos na literatura versam sobre a base genética da capacidade de combinação de linhagens e número de testadores, mas são restritas as informações publicadas sobre a escolha de testadores, que de fato é bastante controversa, não havendo respostas satisfatórias sobre todas as questões, em que a escolha pelo melhor testador acaba ocorrendo segundo as preferências peculiares de cada pesquisador baseado em sua experiência e sua intuição (Hallauer and Miranda Filho 1995).

Nesse contexto e considerando a importância da murcha bacteriana na cultura do tomateiro no estado de Pernambuco, além da necessidade da obtenção de genótipos resistentes, os objetivos desse estudo foram: avaliar o nível de resistência de 30 genótipos de tomateiro a três isolados bacterianos de *Ralstonia pseudosolanacearum*, através da estimativa dos componentes de resistência; estimar as capacidades gerais (CGC) e específicas (CEC) de combinação entre dois grupos de genótipos de tomateiro para produção de híbridos resistentes à murcha bacteriana, além da estimativa de parâmetros genéticos.

## REFERÊNCIAS

Albuquerque GMR (2013) **Diversidade de isolados de *Ralstonia solanacearum* raça 2**. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 63p.

Albuquerque GMR (2017) **Diversidade de *Ralstonia* spp. em Pernambuco, resistência de tomateiros silvestres à murcha bacteriana e expressão gênica na quebra de resistência**. Tese (Doutorado em Fitopatologia) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 109p.

Alvarenga MAR (2004) **Tomate: produção em campo, em casa de vegetação e em hidroponia**. Lavras, UFLA, 391p.

Amorim L, Rezende MAJ and Bergamin Filho A (2011) **Manual de fitopatologia: princípios e conceitos**. Editora Agronômica Ceres, São Paulo, 704 p.

Andrade Júnior VC, Maluf W, Azevedo SM, Gomes LAA, Faia MV (2001) Avaliação do potencial agrônomico e da firmeza pós-colheita de frutos em híbridos de tomateiro. **Ciência e Agrotecnologia**. **25**: 489-502.

Araújo JR (2014) **Uso de top cross como indicador do potencial de híbridos de milho para extração de linhagens**. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento de plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 45p.

Bespalhok FJC, Guerra EP and Oliveira R (2017) **Introdução ao Melhoramento de Plantas**. Disponível em [www.bespa.agrarias.ufpr.br](http://www.bespa.agrarias.ufpr.br), p.1- 9. Acesso em 05 de abril de 2017.

Borguni RG (2002) **Tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill) orgânico: O conteúdo nutricional e a opinião do consumidor**. Dissertação (Mestrado em Ciência e Tecnologia de Alimentos) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 110p.

Brickell CD, Baum BR, Hettterscheid WLA, Leslie AC, McNeill J, Trehane P, Vrugtman F and Wiersema JH (2004) International code of nomenclature of cultivated plants **Acta Horticulturae 7**: 1-123.

Brown AHD, Frankel OH, Marshall DR, Williams JT (1989) **The use of plant genetic resources**. Cambridge University Press, New York, 156 p.

Camargo FP and Camargo Filho WP (2012) **Desenvolvimento da cadeia produtiva do tomate industrial no Brasil: Antecedentes históricos e contribuições do Governo para a organização**. Disponível em: [http://www.cati.sp.gov.br/projetolupa/estudos\\_lupa/ArtigoTomIndDesenvolvimento2011\\_2012.pdf](http://www.cati.sp.gov.br/projetolupa/estudos_lupa/ArtigoTomIndDesenvolvimento2011_2012.pdf). Acesso em: 28 ago. 2014.

Campos GA, Silveira MA, Azevedo SM, Maluf WR and RESENDE JTV (1998) Resistência de linhagens de tomateiro à murcha bacteriana no Estado do Tocantins. **Horticultura Brasileira 16**: 46 (resumo).

Cheng SS, Carvalho JEU, Souza VAB and Oliveira WMS (1994). **Avaliação de nove introduções de tomateiros com caráter de tolerância à murcha bacteriana**. In: Simpósio do Trópico Úmido, 1994. Belém. *Anais...* Belém: EMBRAPA-CPAT, p. 288-291.

Cheng SS and Chu EY (2002) 'PARÁ BELO', um clone do tomateiro adaptado à Amazônia Oriental. **Horticultura Brasileira 20**: 516-519.

Coelho KD (2010) **Secagem de tomate em camada delgada: Avaliação das características físico-químicas**. Dissertação (Mestrado em Engenharia e Ciências de Alimentos) – Universidade Federal do Rio Grande, Rio Grande, 97p.

Costa IJN (2015) **Capacidade de combinação e heterose em genótipos de meloeiro do grupo Mormodica**. Dissertação (Mestrado em Agronomia - Melhoramento genético de plantas) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 46p.

Costa JC (2008) **Melhoramento para resistência a doenças e pragas do feijoeiro comum**. Campinas: UAC, p. 1672-1674.

Costa SB, Ferreira MASV and Lopes CA (2007) Diversidade patogênica e molecular de *Ralstonia solanacearum* da região amazônica brasileira. **Fitopatologia Brasileira** **32**: 285-294.

Cruz CD (2012) **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa, UFV, 957p.

EMBRAPA HORTALIÇAS (2003) **Sistemas de produção: Cultivo de tomate para industrialização**. Disponível em: <<http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Tomate/TomateIndustrial/index.htm>>. Acesso em: 04 ago. 2014.

FAO (2014) Faostat – **Statistics Database**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/faaostat>>. Acesso em: 66 de jul. 2017.

Fegam M and Prior P (2005) How complex is the *Ralstonia solanacearum* species complex? In: ALLEN C, PRIOR P and HAYWARD AC (Eds.) **Bacterial wilt disease and the *Ralstonia solanacearum* species complex**. APS Press, Saint Paul, p. 449-461.

Fernandes C, Corá JE and Braz LT (2007) Classificação de tomate-cereja em função do tamanho e peso dos frutos. **Horticultura Brasileira** **25**: 275-278.

Filgueira FAR (2008) **Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. UFV, Viçosa, 421p.

Gardner CO and Eberhart SA (1966) A general model for genetic effects. **Biometrics** **22**: 864-881.

Geraldi OI, Miranda Filho JB (1988) Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética** **11**: 419-430.



Griffing B (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science** **9**:463-493.

Hallauer AR and Miranda Filho JB (1995) **Quantitative genetics in maize breeding**. Iowa State University Press, Ames, 486p.

Hayward AC (1991) Biology and epidemiology of bacterial wilt caused by *Pseudomonas solanacearum*. **Annual Review of Phytopathology** **29**: 65-87.

Hayward AC (1994) The hosts of *Pseudomonas solanacearum*. In: Hayward AC and Hartman GL (Ed) **Bacterial wilt – The disease and its causative agent, *Pseudomonas solanacearum***. CAB International, Wallingford, p. 9-24.

Hikichi Y, Yoshimochi T, Tsujimoto S, Shinohara R, Nakaho K, Kanda A, Kiba A and Ohnishi K. 2007. Global regulation of pathogenicity mechanism of *Ralstonia solanacearum*. **Plant Biotechnology** **24**: 149-154.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Levantamento sistemático da produção agrícola (2016) **Pesquisa mensal de previsão e acompanhamento das safras agrícolas no ano civil**. Rio de Janeiro, 30: 1-83.

Jinks JL, Hayman BI (1953) The analysis of diallel crosses. **Maize Genetics Corporation News Letter** **27**: 48-54.

Lopes CA (2009) **Murcha Bacteriana ou Murchadeira – Uma Inimiga do Tomateiro em Climas Quentes**. Brasília, DF: Embrapa Hortaliças, 8p (Circular Técnica, 67).

Lopes CA and Quezado-Soares AM (2000) Doenças causadas por bactérias em tomate. In: Zambolim L, Ribeiro do Vale FX and Costa H(Ed) **Controle de doenças de plantas hortaliças**. UFV, Viçosa, p.757-799.

Lopes CA, Boiteux LS and Eschembaack V (2015) Eficácia relativa de porta-enxertos comerciais de tomateiro no controle da murcha-bacteriana. **Horticultura Brasileira**, **33**: 125-130.

Liu HL, Zhang SP, Schell MA, Denny TP (2005) Pyramiding, unmarked deletions in *Ralstonia solanacearum* shows that secreted proteins in addition to plant cell-wall-degrading enzymes contribute to virulence. **Molecular Plant Microbe Interaction** **18**: 1296-1305.

Mariano RLR, Michereff SJ, Holanda VT (1989) **Controle biológico de *Pseudomonas solanacearum* em tomateiro com *Pseudomonas spp.* fluorescentes.** In: Congresso Paulista de Fitopatologia. Grupo Paulista de Fitopatologia, Jaguariúna, p. 218.

Marim BG, José D, Crescêncio P and Carneiro (2009) Variabilidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de germoplasma de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** **44**:1283-1290.

Melo PCT and Ribeiro A (1990) Produção de sementes de tomate: cultivares de polinização aberta e de híbridos. In: Castellane PD, Nicolosi WM and Hasegawa M. (Org.) *Produção de Sementes de Hortaliças*. Jaboticabal, FCAV/FUNESP, p. 193-223.

Menezes D (1998) **Análise Genética de um Cruzamento Dialélico em Tomateiro (*Lycopersicon esculentum* Mill.)**. Tese (Doutorado em Botânica) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 95p.

Miller JC and Tanksley SD (1990) RFLP analysis of phylogenetic relationships and genetic variation in the genus *Lycopersicon*. **Theoretical and Applied Genetics** **80**: 437-448.

Morgado HS, Lopes CA and Takatsu A (1994) Métodos para avaliação de resistência à murcha bacteriana em Berinjela. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** **29**: 237-245.

Naika S, Jeude JVL, Goffau M, Hilmi M and Dam BV (2006) A cultura do tomate: produção, processamento e comercialização. **Agrodok** **17**: 104p.

Neitzke RS and Buttow MV (2008). Presente dos astecas para a gastronomia mundial. In: Barbieri RL and

Stump ERT (Ed.) **Origem e evolução de plantas cultivadas**. EMBRAPA, Brasília, p. 803-818.

Nóbrega MBM (2008) **Avaliação de genótipos de mamona em cruzamentos dialélicos parciais**. Tese (Doutorado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 77p.

Noda H (2007) **Melhoramento de hortaliças em climas desfavoráveis: o desafio do desenvolvimento de cultivares adaptadas à Amazônia**. In: 47° Congresso Brasileiro de Olericultura, *Anais...* Porto Seguro: ABH, 18p.

Ozaki K and Kimura T (1989) Method for evaluating the resistance of *Solanum* plants to bacterial wilt caused by *Pseudomonas solanacearum*. **The Bulletin of the Chugoku National Agriculture Experiment Station 4**: 103-117.

Peralta IE, Knapp S and Spooner DM (2006) Nomenclature for wild and cultivated tomatoes. **Report on Tomato Genetics Cooperative 56**: 6-12.

Piotto FA and Peres LEP (2012) Base genética do hábito de crescimento e florescimento em tomateiro e sua importância na agricultura. **Ciência Rural 42**: 1941-1946.

Pnueli L, Carmel-Goren L, Hareven D, Gutfinger T, Alvarez J, Ganai M, Zamir D and Lifschitz E (1998) The SELF-PRUNING gene of tomato regulates vegetative to reproductive switching of sympodial meristems and is the ortholog of CEN and TFL1. **Development 25**: 1979-1989.

Ramalho MAP, Santos JB and Zimmermann MJO (1993) **Genética quantitativa em plantas autógamas**. Editora UFG, Goiânia, 271p.

Rick CM and Holle, M. (1990) Andean *Lycopersicon esculentum* var. *cerasiforme*: genetic variation and its evolutionary significance. **Economic Botany 44**: 69-78.

Rubatzky E and Yamaguchi M (1997) **World vegetables: principles, production and nutritive values**. Chapman e Hall, New York, 843p.

Saavedra G, Spoor W and Harrier L (2001) Molecular markers and genetic base broadening in *Lycopersicum spp.* **Acta Horticulturae 546**: 503-507.

Safni I, Cleenwerck I, De Vos P, Fegan M, Sly L and Kappler U (2014) Polyphasic taxonomic revision of the *Ralstonia solanacearum* species complex: proposal to emend the descriptions of *Ralstonia solanacearum* and *Ralstonia syzygii* and reclassify current *R. syzygii* strains as *Ralstonia syzygii* subsp. *syzygii* subsp. nov., *R. solanacearum* phylotype IV strains as *Ralstonia syzygii* subsp. *indonesiensis* subsp. nov., banana blood disease bacterium strains as *Ralstonia syzygii* subsp. *celebesensis* subsp. nov. and *R. solanacearum* phylotype I and III strains as *Ralstonia pseudosolanacearum* sp. nov. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 64**: 3087–3103.

Santiago TR, Lopes CA, Caetano-Anolle G and Mizubuti ESG (2016) Phylotype and sequevar variability of *Ralstonia solanacearum* in Brazil, an ancient centre of diversity of the pathogen. **Plant Pathology 66**: 383-392.

Seah S, Yaghoobi J, Rossi M, Gleason CA, Williamson VM (2004) The nematode resistance gene, M1-1, is associated with an inverted chromosomal segment in susceptible compared to resistant tomato. **Theoretical and Applied Genetics 108**: 1635-1642.

Silva JR (2014) **Diversidade de isolados de *Ralstonia solanacearum* das regiões Norte e Nordeste do Brasil**. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia) – Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 48p.

Silveira EB, Gomes AMA, Ferraz E, Maranhão EAA, Mariano RLR (1999) Identificação de progênies de tomateiro resistentes à murcha bacteriana. **Horticultura Brasileira 17**: 06-10.

Souza MC (2016) **Reguladores vegetais e nutrientes minerais no metabolismo de plantas de tomateiro**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agronômicas, Botucatu, 76p.

Souza NM, Blind AD, Silva Filho DF, Rodrigues HS and Noda H (2013) Avaliação de linhagens e cultivares de tomate resistente à murcha bacteriana (*Ralstonia solanacearum*) desenvolvidas na Amazônia. **Centro científico Conhecer 9**: 400-410.

Spooner DM, Anderson GJ and Jansen RK (1993) Chloroplast DNA evidence for the interrelationships of tomatoes, potatoes and pepinos (*Solanaceae*). **American Journal of Botany 80**: 676– 688.

Toukam MS, Cellier G, Wicker E, Guilbaud C, Kahane R, Allen C and Prior P (2009) Broad diversity of *Ralstonia solanacearum* strains in Cameroon. **Plant Disease 93**: 1123-1130.

Vieira FAC (2006) **Análise dialéctica de Jinks & Hayman em genótipos de algodoeiro**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 54p.

Wang JF, Hanson P, Barnes JA (1998) Worldwide evaluation of an international set of resistance sources to bacterial wilt in tomato. In: Prior P, Allen C, Elphinstone J (Ed.). Bacterial wilt disease: molecular and ecological aspects. **Berlim: Springer INRA**, p.269-275.

Wang JF, Ho FI, Troung HTH, Huang SH, Balatero CH, Dittapongpitch V, Hidayati N (2013) Identification of major QTLs associated with stable resistance of tomato cultivar ‘Hawaii 7996’ to *Ralstonia solanacearum*. **Euphytica190**: 241-252.

Wicker E, Grassart L, Coransonbeaudu R, Mian D, Guilbaud C, Fegan M and Prior P (2007) *Ralstonia solanacearum* strains from Martinique (French West Indies) exhibiting a new pathogenic potential. **Applied and Environmental Microbiology 73**: 6790-6801.

## **CAPÍTULO II**

---

### **IDENTIFICAÇÃO DE LINHAGENS DE TOMATEIRO RESISTENTES À MURCHA BACTERIANA**

Artigo a ser enviado para publicação na  
revista da Associação Brasileira de  
Horticultura “Horticultura Brasileira”

ISSN: 0102 – 0536

- Versão preliminar do artigo -

**Identificação de linhagens de tomateiro resistentes à murcha bacteriana.**

Adônis Queiroz Mendes<sup>1</sup>; Dimas Menezes<sup>2</sup>; Islan Diego Espindula de Carvalho<sup>1</sup>; Adriano Márcio Freire Silva<sup>3</sup>; Aldenir de Oliveira Alves<sup>3</sup>; Ezildo Francisco Felinto Filho<sup>4</sup>; Lilian Bonfim de Lima<sup>4</sup>.

Universidade Federal Rural de Pernambuco, Av. Dom Manoel de Medeiros, s/n, 52171-900 Recife-PE; <sup>1</sup>Doutorando UFRPE: adonis@agronomo.eng.br; iislandiego@hotmail.com; <sup>2</sup>Dep<sup>to</sup>. Agronomia: dimas.menezes@ufrpe.br; <sup>3</sup>Pós-doutorando UFRPE: adriano@hotmail.com; aldeoli@hotmail.com; <sup>4</sup>Graduação: ezydo@hotmail.com; lilianbonfim53@gmail.com

**Resumo**

Este estudo teve como objetivo identificar linhagens de tomateiro resistente à murcha bacteriana. O experimento foi em delineamento inteiramente casualizados no esquema fatorial 30x3, com três repetições. Os tratamentos foram constituídos de 30 genótipos submetidos a três isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum*. As avaliações foram realizadas após a inoculação, durante 15 dias, quanto à incidência e severidade da doença para determinar os componentes de resistência da doença. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, foram obtidos ainda os coeficientes de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais além de um dendrograma de dissimilaridade. A interação genótipos x isolados apresentou diferença significativa a 1% de probabilidade apenas para as variáveis período de latência e área abaixo da curva de progresso da doença. Considerando índice de murcha bacteriana oito linhagens foram classificadas como resistentes. Foi possível observar altos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental entre os componentes da resistência, demonstrando que os caracteres de resistência e suscetibilidade são de natureza genética e influenciada pelas condições ambientais. Os sinais dos coeficientes de correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais foram negativos para a correlação entre a variável período de latência com os demais componentes de resistência. No dendrograma um corte significativo em 15,2% de dissimilaridade possibilitou a formação de quatro grupos distintos e quatro subgrupos, em que o grupo I foi constituído por quatro testemunhas de resistência e linhagens resistentes e moderadamente resistentes. Foi possível observar que resultados indicam que algumas linhagens podem ser utilizadas em cruzamentos para obtenção de híbridos resistentes à murcha bacteriana.

Palavras chave: *Solanum lycopersicum* L., *Ralstonia pseudosolanacearum*, resistência, dissimilaridade.

## Abstract

### Identification of lines of tomato resistant to bacterial wilt

The objective of this study was identifying lines of tomato plant resistant to the bacterial wilt. The experiment had a completely randomized design in the factorial 30x3 with three repetitions. The treatments consisted of 30 genotypes submitted to three *Ralstonia solanacearum* isolates. The evaluations were carried out after the inoculation, for 15 days, analyzing the incidence and severity of the disease to determinate its resistance components. The data were submitted to analysis of variance and the means were grouped by the Scott-Knott test at 5% probability. Also, phenotypic, genotypic and environmental correlations and dendrogram of dissimilarity were obtained. The interaction genotypes x isolates presented significant difference at 1% probability only for the variables latency period and area below the disease progress curve. Considering bacterial wilt index, eight lines were classified as resistant. It was possible to observe high values of phenotypic, genotypic and environmental correlation coefficients among resistance components, demonstrating that resistance and susceptibility are genetic and influenced by environmental conditions. Signals of the genotypic, phenotypic and environmental correlation coefficients were negative for the correlation between the latency period character and other resistance components. In the dendrogram a significant cut around 15.2% of dissimilarity allowed the formation of four distinct groups and four subgroups, where group I was constituted by four resistance witnesses and lines resistant and moderately resistant. It was possible to observe that the results indicate that some lines can be used in crosses to obtain bacterial wilt resistant hybrids. Keywords: *Solanum lycopersicum* L., *Ralstonia pseudosolanacearum*, resistance, dissimilarity.

## Introdução

O tomateiro (*Solanum lycopersicon* L.), pertencente à família das Solanáceas, está entre as oleráceas de maior importância econômica no mercado mundial, tanto em valor quanto em volume comercializado, sendo a segunda solanácea mais produzida no mundo (Figueiredo, 2013).

Apesar do grande potencial produtivo das cultivares disponíveis no mercado, a espécie apresenta alta suscetibilidade a vários patógenos como bactérias, fungos e vírus, o que pode prejudicar o desenvolvimento da cultura e comprometer em sua totalidade a produção (Oliveira *et al.*, 2008).



No Brasil, por conta do clima tropical, há diversas doenças causadas por bactérias, dentre elas destaca-se a murcha bacteriana que tem como agentes causais *Ralstonia solanacearum*, *Ralstonia pseudosolanacearum* e *Ralstonia syzygii*, porém a última espécie não ocorre no país (Santiago *et al.*, 2016; Safni *et al.*, 2014).

Trata-se de uma doença com centenas de plantas hospedeiras e se faz presente em todas as regiões, sendo a mais importante doença bacteriana do tomateiro na região Nordeste e fator limitante para o cultivo de solanáceas em muitas áreas de Pernambuco, causando grandes prejuízos nas Mesorregiões do Agreste e Sertão (Mariano & Michereff, 1994).

A entrada do patógeno na planta ocorre através de ferimentos ou através de microferimentos, tais como os pontos nos quais emergem as raízes secundárias e células parcialmente esfoliadas da camada externa do parênquima, seguindo-se a colonização dos vasos lenhosos e consequente obstrução, o que dificulta o fluxo de água e nutrientes para a planta (Kurozawa & Pavan, 1997; Liu *et al.*, 2005).

O sintoma da doença é a murcha das folhas mais velhas para as folhas mais novas, principalmente nos horários mais quentes do dia, evoluindo para todas as folhas (Lopes, 2009). Outro sintoma que pode ser visto após o corte longitudinal da parte inferior da planta, é o escurecimento do xilema, devido à degradação das paredes e células dos parênquimas adjacentes, originando cavidades no floema, medula e tecido cortical (Kimati *et al.*, 1997).

Não há cultivares que atendam às características que o mercado exige como tamanho de fruto, tempo de pós-colheita e firmeza e que, ao mesmo tempo, tenham ampla resistência à murcha bacteriana. Apesar dos esforços da pesquisa, existem apenas híbridos utilizados como portas-enxerto (Lopes & Ávila, 2005). E, mesmo assim, esses híbridos disponíveis no mercado proporcionam resistência incompleta, variando a efetividade em função do isolado bacteriano e da condição ambiental (Lopes, 2009). Grimault & Prior (1994) afirmam que a resistência não está associada à imunidade, mas a não colonização do isolado ou a limitação da colonização e da translocação da bactéria no xilema na base do caule.

O controle da murcha bacteriana é extremamente difícil, especialmente quando as condições ambientais são favoráveis à doença e, também, devido à complexidade que envolve a sobrevivência do patógeno no solo e sua ampla gama de hospedeiros (Lima Neto, 2005). Para o controle da doença, é necessário realizar um conjunto de medidas tais como enxertia com material resistente, rotação de cultura, manejo adequado da irrigação, isolamento de focos iniciais da doença, plantio em área sem histórico da bacteriose (Kurozawa & Pavan, 1997).

Segundo Pena *et al.* (2010), é extremamente importante o desenvolvimento de cultivares de tomateiros melhorados geneticamente para o cultivo no trópico úmido brasileiro que expressem o caráter de resistência à murcha bacteriana causada pelo complexo *Ralstonia solanaceum*, sendo um dos maiores componentes das estratégias de controle. As cultivares Hawaii 7996 e Yoshimatsu destacam-se como fonte de resistência, podendo ser utilizadas em programas de melhoramento.

Menezes (1998), afirma que a herança envolvida no controle da expressão de resistência na cultivar Yoshimatsu é governada por mais de um gene ou *Loci* gênico, exibindo dominância, além de efeitos aditivos na expressão do caráter. Wang *et al.*, (1998) afirmam que, em avaliação de 35 fontes de resistência em 12 países foram identificados locos de resistência quantitativa específica de isolado nas populações de Hawaii 7996.

O conhecimento da natureza e magnitude das correlações dos componentes de resistência à murcha bacteriana são de fundamental importância, podendo realizar estudos para avaliar as correlações genótípicas, fenótípicas e de ambiente (Ferreira *et al.*, 2003), possibilitando a seleção de forma indireta. Somente a porção genética das correlações fenótípicas é usada para orientar programas de melhoramento, pois representa o único componente de natureza hereditária, podendo ser usada na orientação de pesquisas, sendo relevante separar e quantificar as correlações genéticas e ambientais (Souza *et al.*, 2012).

Este estudo teve como objetivo avaliar o nível de resistência de 30 genótipos de tomateiro a três isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum*, através da estimativa dos componentes de resistência e coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental.

## **Material e Métodos**

Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação do Departamento de Agronomia da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Recife-PE, com altitude de quatro metros acima do nível do mar, temperatura média de  $27 \pm 4^{\circ}\text{C}$  e umidade relativa do ar de  $76 \pm 5,5\%$ . Nos experimentos foram utilizados três isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum* obtidos da coleção de culturas bacterianas Rosa Mariano do Laboratório de Fitobacteriologia da Universidade Federal Rural de Pernambuco (Tabela 1).

Para o preparo das suspensões bacterianas, os isolados foram resgatados da preservação em água e cultivados em meio TZC (tetracloro de trifetil tetrazólio) (Kelman, 1954), por 48 h a  $30 \pm 2^{\circ}\text{C}$ , sendo transferidos para meio ágar nutritivo-dextrose-extrato de levedura (NYDA). Em seguida o crescimento bacteriano dos isolados foram suspensos em água destilada esterilizada (ADE), ajustando-se a concentração da suspensão para  $5 \times 10^8$  UFC

ml<sup>-1</sup> em fotocolorímetro (Analyser 500 M, Brasil). Todos os isolados utilizados foram testados previamente quanto à patogenicidade em mudas da cultivar IPA-6.

Isolado	Espécie	Hospedeiro	Região	Filotipo/Sequevar
CRM 74	<i>R. pseudosolanaceum</i>	Jiló	Chã Grande	I/18
CRM 76	<i>R. pseudosolanaceum</i>	Jiló	Chã Grande	I/17
CRM 77	<i>R. pseudosolanaceum</i>	Jiló	Chã Grande	I/18

**Tabela 1.** Características dos isolados utilizados nos experimentos. Recife, UFRPE, 2017.

Foram avaliadas 23 linhagens de tomateiro em relação à resistência à murcha bacteriana. Também foram incluídas nessa avaliação três testemunhas resistentes: Hawaii 7996, Yoshimatsu e Woodstock, uma medianamente resistente: Tropithai e três testemunhas suscetíveis: Cereja Vermelho, Santa Clara e IPA-6.

As linhagens foram obtidas pelo método de Uma Única Semente, a partir de plantas F<sub>2</sub> do híbrido SE 1055 F<sub>1</sub>, pertencente à empresa East-West Seed, através de autofecundação até a F<sub>7</sub>. O híbrido SE 1055 F<sub>1</sub> apresenta resistência à murcha de fusário, ao mosaico do tomateiro, à murcha-de-verticílio e ao geminivírus. Como também o híbrido SE 1055 F<sub>1</sub> apresentou, em experimentos anteriores, resistência à murcha bacteriana quando cultivado em solo naturalmente infestado com *Ralstonia pseudosolanacearum*.

Os genótipos foram semeados em bandejas de poliestireno expandido, com 128 células, contendo substrato comercial à base de casca de pinos, turfa, carvão, vermiculita e enriquecida com NPK e micronutrientes. As bandejas foram mantidas em casa de vegetação, coberta com filme agrícola de 150 micras e fechada lateralmente com tela antiafídica. Após 14 dias, foram realizados desbastes e repicagens mantendo apenas uma planta por célula. O suprimento de água foi realizado por meio de irrigação por microaspersão.

As plantas com 21 dias foram transplantadas para vasos plásticos contendo volume de 500 ml com o substrato comercial e composto (solo, húmus de minhoca e pó de coco), na proporção de 1:1. Após uma semana, quando as raízes se desenvolveram e se espalharam pelo vaso, foi realizado um corte em meia lua a cerca de dois centímetros em torno do colo da planta com o auxílio de um estilete a fim de causar danos no sistema radicular, servindo de porta de entrada para a bactéria e, logo em seguida, colocado 15 ml da suspensão bacteriana. Para suprir a necessidade hídrica das plantas, a irrigação foi realizada em recipientes plásticos colocados sob cada vaso, como objetivo de evitar escape do inóculo, sendo efetuada de acordo com a necessidade e mantendo o substrato sempre úmido. O experimento foi realizado

em delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 30x3, com 30 genótipos, três isolados e três repetições. Cada parcela foi constituída por quatro vasos com uma planta cada.

As avaliações foram realizadas diariamente, durante 15 dias quanto à incidência e severidade da doença (SEV) com auxílio de escala descritiva de notas variando de 0 a 4 (Nielson & Haynes, 1960), onde:

- 0 = ausência de sintomas,
- 1 = plantas com 1/3 das folhas murchas,
- 2 = plantas com 2/3 das folhas murchas,
- 3 = plantas totalmente murchas
- 4 = plantas mortas.

Com os dados obtidos foram determinados os seguintes componentes de resistência da doença:

a) incidência (INC) da doença, determinada pela porcentagem de plantas infectadas em relação ao total de plantas inoculadas;

b) índice de murcha bacteriana (IMB) aos 15 dias (Empig *et al.*, 1962), calculado pela fórmula:  $IMB = \sum[(C \times P)/N]$ , onde C = nota atribuída em cada classe de sintoma; P = número de plantas em cada classe de sintoma e N = número total de plantas inoculadas.

De acordo com esse índice, os genótipos foram classificados para reação ao patógeno como resistente 0,0 - 1,0; moderadamente resistente >1,0 - 2,0; moderadamente suscetível >2,0 - 3,0 e suscetível >3,0 - 4,0 (Morgado *et al.*, 1992 com adaptação).

c) período de latência (PL 50), número de dias requeridos para o aparecimento de murcha em 50% das plantas inoculadas (Silveira *et al.*, 1999);

d) área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), calculada pela expressão:  $AACPD = [\sum (y_i + y_{i+1}) / 2 \cdot d_{ii}] / n$ , em que  $y_i$  e  $y_{i+1}$  são os valores da severidade observados nas avaliações consecutivas e  $d_{ii}$  é o intervalo entre as avaliações (Shaner & Finney, 1977).

Utilizando o programa de análise estatística Sisvar versão 5.6 (Ferreira, 2010), os dados obtidos foram transformados em raiz quadrada, por não apresentarem distribuição normal e submetidos à análise de variância (ANOVA) e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

O programa de análise genético-estatístico Genes versão 2016.6.0 (Cruz, 2013) foi usado para a estimativa dos coeficientes de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. Também foi utilizado para realizar o estudo da diversidade genética, calculando a dissimilaridade através da distância de Mahalanobis ( $D^2$ ), gerando a matriz de distância genética entre os genótipos. De posse da matriz de dissimilaridade, foi construído um

dendrograma pelo método da média aritmética não ponderada - UPGMA (Unweighted pair Group Method with Arithmetic Average). Para análise do dendrograma, considerou-se a possibilidade de corte significativo, conjuntamente com o exame visual do dendrograma.

### **Resultados e Discussão**

De acordo com o teste F a 1% de probabilidade houve diferença significativa para todas as variáveis avaliadas para os genótipos (Tabela 1). Os isolados apresentaram diferença significativa a 1% de probabilidade para o IMB, PL 50 e AACPD e foi não significativo para o INC. A interação Genótipos x Isolados apresentou diferença significativa a 1% e 5% para as variáveis PL 50 e AACPD, indicando que os genótipos apresentam comportamento diferente de acordo com cada isolado bacteriano (Tabela 1).

Do total de 1080 plantas testadas no experimento, 408 (37,78%) plantas não apresentaram sintomas sendo potencialmente resistentes, incluindo as testemunhas Hawaii 7996, Yoshimatsu, Woodstock e Tropithai. Por outro lado 672 plantas (62,22%) apresentaram sintomas com notas de 1 a 4, incluindo todos os indivíduos das cultivares IPA-6, Santa Clara e Cereja Vermelho.

Considerando os três isolados, uma vez que a interação Genótipos x Isolados não foi significativa a 5% de probabilidade pelo teste F para a variável incidência (INC), o teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade demonstrou que houve a formação de três grupos. As testemunhas resistentes formaram o grupo com a menor INC, com a cultivar Hawaii 7996 (2,77%), Yoshimatsu (2,77%), Woodstock (5,55%) e Tropithai (19,44%). O grupo intermediário foi constituído por 10 linhagens (L04, L38, L42, L49, L53, L79, L82, L120, L125 e L128) com INC variando de 36,11% a 55,56%, valores esses considerados altos quando se buscam materiais com alta efetividade para os isolados bacterianos. Já a cultivar IPA-6 apresentou 100% de plantas com sintomas de murcha bacteriana iniciando a partir do 4º dia, mesmo valor da cultivar Santa Clara e Cereja Vermelho, seguindo pela L166 (97,2%), L32 e L91 (91,7%), L69 e L129 (88,9%) e a L66 (83,3%), formando o grupo com as maiores incidências. Esses valores corroboram com Cardoso *et al.* (2006) e Silveira *et al.* (1999), que classificam como resistente o Hawaii 7996 e como altamente suscetível a cultivar IPA-6.

Considerando o índice de murcha bacteriana (IMB), resultante da transformação das leituras da escala de notas, dos três isolados em conjunto, foi possível classificar a reação ao patógeno quanto à resistência de acordo com Morgado *et al.*, (1992). Do total de 30 materiais (23 linhagens e 07 testemunhas), doze foram classificados como resistentes, dez linhagens

apresentaram resistência moderada, quatro linhagens foram moderadamente suscetíveis e quatro genótipos foram considerados suscetíveis (Figura 1).

Dentro dos doze classificados como resistentes houve a formação de dois grupos, de acordo com o teste Scott-Knott, em que as testemunhas Hawaii 7996, Woodstock e Yoshimatsu formaram o grupo com os menores valores de IMB (Tabela 2) diferindo significativamente a 5% de probabilidade do segundo grupo formado pela testemunha Thopithai e pelas linhagens L04, L42, L49, L53, L82, L120, L125 e L128. As dez linhagens apresentaram resistência moderada (L45, L12, L57, L27, L14, L24, L01, L79, L38 e L129) formando um terceiro grupo. Nos quatro genótipos moderadamente suscetíveis, agruparam as linhagens, L32, L66, L69 e L91 formando o quarto grupo. Dentre os genótipos suscetíveis a testemunha IPA-6 formou o grupo com maior valor de IMB, diferindo significativamente a 5% de probabilidade das cultivares igualmente suscetíveis Santa Clara e Cereja Vermelho e também da linhagem L116.

Considerando o período de latência (PL 50) e a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), houve diferença significativa a 1% para a interação genótipo x isolado, indicando que há diferença de agressividade entre os três isolados utilizados com as linhagens e testemunhas.

Para o desdobramento da variável PL 50 em função dos isolados para cada genótipo de tomateiro, observaram-se diferentes comportamentos para cada um dos isolados. Para o isolado CRM 74 observam-se três grupos, em que no primeiro grupo se encontram as testemunhas de resistência Hawaii 7996 e Woodstock com PL 50 longo de 16 dias e não diferindo de Yoshimatsu e das linhagens L24, L42, L49, L53, L82 e L128. A testemunha Tropithai ficou em um grupo intermediário com as linhagens L01, L04, L12, L45, L57, L66 e L125. Assim como no terceiro grupo, a testemunha IPA-6 apresentou PL 50 de 3,33, não diferindo significativamente das demais testemunhas de suscetibilidade e das linhagens L32, L69, L91, L116 e L129 (Tabela 3).

Com relação ao isolado CRM 76 a maioria das linhagens não diferiram das testemunhas de resistência. Apenas IPA-6 que se comportou semelhante à testemunha Cereja Vermelho formando o terceiro grupo. A testemunha Santa Clara não diferiu estatisticamente das linhagens L24, L38 e L116, ficando no grupo intermediário. Já com o isolado CRM 77 as linhagens que ficaram no mesmo grupo que as testemunhas de resistência foram as L38, L49, L82 e L125. A cultivar IPA-6 formou outro grupo com as testemunhas Santa Clara e Cereja Vermelho, juntamente com as linhagens L01, L32, L66, L69, L91, L116 e L 129.

Desdobrando-se a variável AACPD para o isolado CRM 74, os genótipos Hawaii 7996 e Woostock foram os que obtiveram as menores médias, porém não diferiram estatisticamente das testemunhas Yoshimatsu e Tropithai e das linhagens L49, L82, L53, L42, L04, L128, L24 e L01. Assim como todos os valores dos tratamentos diferiram da testemunha IPA-6 formando um grupo isolado. Para o isolado CRM 76 a maioria das linhagens se comportou semelhante às testemunhas de resistência, exceto a linhagem L116 que se comportou de forma semelhante às testemunhas Cereja Vermelho e Santa Clara. E, mais uma vez, a testemunha IPA-6 foi a que obteve o maior valor de AACPD, isolando-se em um terceiro grupo.

Já o isolado CRM 77 formou apenas três grupos, em que os genótipos IPA-6, Santa Clara, Cereja Vermelho e L166 formaram o grupo de maior suscetibilidade. As linhagens L32, L69, L66 e L91 formaram um grupo intermediário e os demais se comportaram de forma similar aos genótipos resistentes.

Considerando os três isolados foi observado que as linhagens L49, L82, L53, L42, L04, L128, L24 e L01 obtiveram os menores valores de AACPD não diferindo das testemunhas de resistência. O progresso da doença nesses materiais foi mais lento, retardando o início da epidemia, podendo ser atribuído a uma possível resistência, já que foram mantidos todos nas mesmas condições. Foi possível observar também que as linhagens L49 e L82 foram semelhantes às testemunhas de resistência para os caracteres PL 50 e AACPD considerando os três isolados.

Foram calculados ainda os coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental, entre os pares dos componentes de resistência que estão demonstrados na Tabela 4. Segundo Lopes *et al.* (2002), os melhoristas de plantas tendem a valorizar mais o sinal e a magnitude dos valores de correlações, valorizando as estimativas abaixo de -0,50 e acima de 0,50. Dessa forma os valores apresentados estão todos dentro de tal parâmetro, já que os valores negativos ficaram entre -1,00 e -0,66 e os valores positivos entre 0,52 e 1,00.

É possível observar que os componentes de resistência estão altamente correlacionados, uma vez que os coeficientes apresentaram significância pelo teste F a 1% ou a 5% de probabilidade para maior parte dos casos, com exceção da variância ambiental entre os caracteres INC x IMB, INC x PL 50 e INC x AACPD. Nota-se ainda que, de forma geral nessas combinações, as correlações fenotípicas foram de mesmo sinal e ligeiramente diferentes das genotípicas e superiores às correlações ambientais, confirmando a maior contribuição dos fatores genéticos que dos ambientais nas correlações acima citadas.

Com relação aos sinais dos coeficientes de correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais foram negativos para a correlação entre a variável período de latência com os

demais componentes de resistência. Isso indica que o período de latência diminui sempre que os demais caracteres aumentam de valor e vice-versa, demonstrando menor ou maior agressividade do isolado bacteriano. Esses resultados estão de acordo com os obtidos por Alves (2012) com pimentão e Silveira (1999) com tomateiro.

Em 100% dos pares de caracteres, as correlações genóticas foram iguais ou ligeiramente superiores às correlações fenotípicas, assim como essas duas, em 50% dos casos, foram ligeiramente superiores às correlações ambientais, mostraram que o ambiente favoreceu da mesma forma para IMB x PL 50, IMB x AACPD e PL 50 x AACPD, uma vez que os valores dos coeficientes não apresentaram diferença em magnitude e sinal. Segundo Cardoso (2004), isso ocorre devido à murcha bacteriana ser fortemente influenciada pelas condições ambientais, tais como temperatura, intensidade de luz, comprimento do dia, umidade e pH do solo. Porém a variável incidência apresentou os menores valores de correlação ambiental e altos valores de correlação genotípica (correlação genotípica maior que a correlação ambiental) para índice de murcha bacteriana, período de latência e área abaixo da curva de progresso da doença. Isso mostra que nesses casos os fatores genéticos contribuíram mais do que os de ambiente e que o fenótipo reflete adequadamente o genótipo.

O índice de murcha bacteriana apresentou correlação fenotípica positiva e significativa pelo teste F, com a área abaixo da curva de progresso da doença e incidência, indicando que a seleção baseada nos menores valores da escala de notas atribuída pela severidade dos sintomas resultaria em plantas com menor incidência dos sintomas e com lento progresso da doença. Da mesma forma que apresentou correlação fenotípica negativa com o período de latência, resultando em plantas que necessitariam de mais dias para que metade das plantas apresentasse sintomas de murcha bacteriana.

Segundo Cruz *et al.* (2004), na ocorrência de caracteres com correlação genética favorável, é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta no outro associado. Dessa forma, segundo Aguiar *et al.* (2008), em alguns casos a seleção indireta, com base na resposta correlacionada, pode levar a progressos mais rápidos do que a seleção direta da característica desejada, além disso as associações observadas podem ser valiosas para o desenvolvimento de híbridos de tomate envolvendo os genótipos estudados.

O dendrograma de dissimilaridade pelo método do UPGMA entre as 23 linhagens e as sete testemunhas trabalhadas, baseado na distância de Mahalanobis, é apresentado na Figura 2. A confiabilidade dos dados foi confirmada pelo valor do coeficiente de correlação cofenética ( $r$ ), que obteve resultado de 86,79%, expressando uma considerável confiabilidade nos agrupamentos.



Para análise do dendrograma, após observação visual, foi realizado um corte significativo de 15,2% de dissimilaridade possibilitou a formação de quatro grupos distintos e quatro subgrupos.

O grupo I foi o maior, constituído por genótipos considerados resistentes e moderadamente resistente segundo a classificação proposta por Morgado *et al.* (1992), contendo testemunhas Hawaii 7996, Woodstock, Yoshimatsu e Tropithai, além das linhagens L04, L42, L49, L53, L82, L125 e L128 resistentes e das linhagens L01, L12, L14, L24, L38, L45, 57, L79 e L129 moderadamente resistente, totalizando 21 genótipos, ou seja, 70% do total. Nesse primeiro grupo se observa a formação de dois subgrupos, sendo o primeiro formado apenas por Hawaii 7996, Woodstock e Yoshimatsu e o segundo subgrupo com os demais genótipos do grupo. Foi possível observar também, na Tabela 2, que o primeiro subgrupo diferiu estatisticamente do segundo subgrupo no agrupamento de média pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade para a variável IMB com valores entre 0,03 e 0,17 para o primeiro subgrupo e valores de 0,64 a 1,83 para o segundo subgrupo.

No grupo II foi possível observar que a linhagem L27 formou um grupo, se isolando das demais linhagens. No grupo III se encontram dois subgrupos, sendo o primeiro formado pelas linhagens L32 e L66 e o segundo subgrupo com as testemunhas Cereja Vermelho e Santa Clara e as linhagens L69, L91 e L116. Mais uma vez foi possível observar, na Tabela 2, que o primeiro subgrupo diferiu estatisticamente do segundo subgrupo, pelo agrupamento de média pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade para a variável IMB, exceto as linhagens L69 e L91.

A testemunha IPA-6 se encontra no quarto grupo, correspondendo a apenas 3,3% dos materiais, demonstrando ser o genótipo mais divergente de todos e diferindo estatisticamente nos caracteres índice de murcha bacteriana (3,86) e área abaixo da curva de progresso da doença para os isolados CRM 74 (39,00) e CRM 76 (28,62).

A maior dissimilaridade ficou entre as testemunhas de resistência Hawaii 7996 e Woodstock com a testemunha IPA-6, sendo essa combinação a que possui a maior divergência genética, resultado esperado, uma vez que Hawaii 7996 e Woodstock são resistentes à murcha bacteriana e obtiveram os menores valores para INC, IMB e AACPD e os maiores valores para PL 50, assim como a testemunha IPA-6 é altamente suscetível à murcha bacteriana, obtendo maiores valores para INC, IMB e AACPD e os menores valores para PL 50. Entre as linhagens a maior dissimilaridade foi entre L49 e L82 com a linhagem L116, mostrando que L49 e L82 foram os que apresentaram a menor dissimilaridade com as testemunhas de resistência e a linhagem L116 com a menor dissimilaridade com as

testemunhas de suscetibilidade. Observa-se ainda que as linhagens L49 e L82 poderiam ser utilizadas em cruzamentos envolvendo a obtenção de híbridos resistentes, uma vez que se encontram no mesmo grupo que as testemunhas de resistência.

Segundo Prior *et al.* (1994), seleção de genótipos com bom nível de resistência a murcha bacteriana deve passar primeiramente por uma seleção baseada na incidência e, em seguida, uma avaliação da infecção latente em plantas que não apresentaram sintomas, sendo de grande importância a identificação de material adaptados a região para onde se destina as futuras cultivares (Hanson *et al.*, 1996).

O período de latência pode ser considerado relevante para o melhoramento visando à resistência e ser usada como referência na seleção de materiais, uma vez que o maior período de latência resultará em menores índices de murcha bacteriana, menor incidência e menor área abaixo da curva de progresso da doença. Foi observado que é possível estudar a divergência genética com os componentes de resistência, pois os grupos formados apresentaram-se em consonância com as diferenças estatísticas observadas no teste de Scott-Knott. As linhagens do grupo I podem ser introduzidas em programas de melhoramento visando o aumento de alelos favoráveis à resistência à murcha bacteriana.

No presente estudo foi possível verificar que algumas linhagens podem ser utilizadas em cruzamentos para obtenção de híbridos oferecendo resistência à murcha quando há baixa pressão do inóculo. As linhagens que se destacaram quanto à resistência foram: L04, L42, L49, L53, L82, L120, L125 e L128, podendo ser utilizadas em cruzamentos com genótipos resistentes para proporcionar o favorecimento de alelos que conferem a resistência aos isolados CRM 74, CRM 76 e CRM 77 de *R. pseudosolanacearum*.

### **Agradecimentos**

Os autores agradecem ao laboratório de Fitobacteriologia da UFRPE, em nome da professora Dra. Rosa Mariano e do Dr. Adriano Silva, pelos isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum* e estrutura do laboratório para multiplicação e preparo das suspensões bacterianas e ao CNPq pelo financiamento do projeto de Melhoramento Genético de Solanáceas em Diferentes Sistemas de Cultivo.

### **Referências**

AGUIAR EM; LIMA JMP; CUNHA EE; FREITAS MO; GOUVEIA HSA; MELO AB; CASTRO OPCM. 2008. Correlações genóticas e fenotípicas entre características produtivas

de sorgo forrageiro. In: 45 Reunião anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, *anais...* Lavras. SBZ. p. 1 -3.

ALVES AO. 2012. *Controle alternativo de murcha bacteriana do pimentão utilizando óleos essenciais vegetais e silicato de cálcio*. Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco. 94p (Tese doutorado)

CARDOSO SC. 2004. *Controle da murcha bacteriana do tomateiro com a incorporação de guandu e crotalária ao solo e com enxertia em porta-enxerto resistente*. Cruz das Almas: Universidade Federal da Bahia. 72p (Dissertação mestrado).

CARDOSO SC; SOARES ACF; BRITO AS; CARVALHO LA. 2006. Viabilidade de uso do híbrido Hawaii 7996 como porta-enxerto de cultivares comerciais de tomateiro. *Bragantia* 65: 89-96.

CRUZ CD. 2013. *Programa genes: versão 2016.6.0 Windows*. Viçosa: UFV. 648p.

CRUZ CD; REGAZZI AJ; CARNEIRO PCS. 2004. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, UFV, 480p.

EMPIG LT; CALUB AG, KATIGBAK MM; DEANON JÚNIOR JR. 1962. Screening tomato, eggplant and pepper varieties and strains for bacterial wilt (*Pseudomonas solanacearum*) resistance. *Phillippine Agriculturist* 46: 303-314.

FERREIRA DF. 2010. Sisvar versão 5.3. Sistemas de análises de variância: programa de análises estatísticas e planejamento de experimentos. Lavras, UFLA.

FERREIRA MAJF; QUEIROZ MA; BRAZ LT; VENCovsky R. 2003 Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. *Horticultura Brasileira* 21: 438-442.

FIGUEIREDO AST. 2013. *Capacidade de combinação e divergência genética de linhagens de tomateiro com aptidão industrial*. Guarapuava: Universidade Estadual do Centro-Oeste. 100p (Dissertação mestrado).

GRIMAUULT V; PRIOR P. 1994. Grafting tomato cultivars resistant of and susceptible to bacterial wilt – Analysis of resistance mechanisms. *Journal of Phytopathology-Phytopathologische Zeitschrift*. 141: 330-334.

HANSON P; WANG JF; LICARDO O; MAY SJ; HARTMAN GL; LIN YC; CHEN J. 1996. Variable reaction of tomato lines to bacterial wilt evaluated at several locations in Southeast Asia. *HortScience* 31: 143-146.

KELMAN A. 1954. The relationship of pathogenicity of *Pseudomonas solanacearum* to colony appearance on a tetrazolium medium. *Phytopathology* 44: 693-695.

KIMATI H; AMORIM L; BERGAMIN FILHO A; CAMARGO LEA; REZENDE JAM. 1997. (eds.) *Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas*. São Paulo: Agronômica Ceres. 774p.

KUROZAWA C; PAVAN MA. 1997. Doenças do tomateiro. In: KIMATI H; AMORIM L; BERGAMIN FILHO A.; CAMARGO LEA. REZENDE JAM. (eds.). *Manual de Fitopatologia*. p. 703- 705.

LIMA NETO AF. 2005. *Avaliação da resistência de clones e cultivares de batata a murcha bacteriana (Ralstonia solanacearum)*. Brasília: Universidade de Brasília. 108p (Tese de doutorado).

LOPES CA. 2009. *Comunicado Técnico: Murcha Bacteriana ou Murchadeira – Uma Inimiga do Tomateiro em Climas Quentes*. Brasília, DF: Embrapa Hortaliças, 7p.

LOPES CA; ÁVILA AC. 2005. *Doenças do tomateiro*. Embrapa Hortaliças, Brasília, DF. 152p.

LOPES CA; VELLO NA; PANDINI F; ROCHA MM; TSUTSUMY CY. 2002. Variabilidade entre caracteres em cruzamentos de soja. *Scientia Agrícola* 59: 341-348.

LIU HL; ZHANG SP; SCHELL MA; DENNY TP. 2005. Pyramiding, unmarked deletions in *Ralstonia solanacearum* shows that secreted proteins in addition to plant cell-walldegrading enzymes contribute to virulence. *Molecular Plant Microbe Interaction* 18: 1296-1305.

MARIANO RLR; MICHEREFF SJ. 1994. Lista comentada de bactérias fitopatogênicas registradas e/ou estudadas no Estado de Pernambuco - Brasil. *Fitopatologia Brasileira* 19: 499-508.

MENEZES D. 1998. *Análise genética de um cruzamento dialético em tomateiro (Lycopersicon esculentum MILL)*. Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco. 95p (Tese Doutorado).

MORGADO HS; LOPES CA; TAKATSU A. 1992. Avaliação de genótipos de berinjela para resistência a murcha bacteriana. *Horticultura Brasileira* 10: 77-79.

NIELSON LW; HAYNES FL. 1960. Resistance in *Solanum tuberosum* to *Pseudomonas solanacearum*. *American Potato Journal* 37:260-267.

PENA MAA; NODA H; MACHADO FM; PAIVA MSS. 2010. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de tomateiro sob cultivo em solos de terra firme e várzea da Amazônia infestados por *Ralstonia solanacearum*. *Bragantia* 69: 27-37.

OLIVEIRA, ACR; VELOSO, VRS; BARROS, RG; FERNANDES, PM; SOUZA, ERB. 2008. Captura de *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae) com armadilha luminosa na cultura do tomateiro tutorado. *Pesquisa Agropecuária Tropical* 38: 153-157.

PRIOR P; GRIMAULT V; SCHMIT J. 1994. Resistance to bacterial wilt (*Pseudomonas solanacearum*) in tomato: present status and future prospects. In: HAYWARD AC; HARTMAN GL (eds). *Bacterial Wilt: the disease and its causative agent, Pseudomonas solanacearum*. Wallingford: CAB International. p. 209-223.

SAFNI I; CLEENWERCK I; DE VOS P; FEGAN M; SLY L; KAPPLER U. 2014. Polyphasic taxonomic revision of the *Ralstonia solanacearum* species complex: proposal to emend the descriptions of *R. solanacearum* and *R. syzygii* and reclassify current *R. syzygii* strains as *Ralstonia syzygii* subsp. *syzygii*, *R. solanacearum* phylotype IV strains as *Ralstonia syzygii* subsp. *indonesiensis* subsp. nov., banana blood disease bacterium strains as *Ralstonia syzygii* subsp. *celebesensis* subsp. nov. and *R. solanacearum* phylotypes I and III strains as *Ralstonia pseudosolanacearum* sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 64:3087-3103.

SANTIAGO TR; LOPES CA; CAETANO-ANOLLE G; MIZUBUTI ESG. 2016. Phylotype and sequevar variability of *Ralstonia solanacearum* in Brazil, an ancient centre of diversity of the pathogen. *Plant Pathology*, 66: 383-392.

SHANER G; FINNEY RE. 1977. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. *Phytopathology* 67: 1051-1056.

SILVEIRA EB; GOMES AMA; FERRAZ E; MARANHÃO EAA; MARIANO RLR. 1999. Identificação de progênies de tomateiro resistentes à murcha bacteriana. *Horticultura Brasileira* 17: 6-10.

SOUZA LMS; MELO PCT; LUDERS RR; MELO AMT. 2012. Correlations between yield and fruit quality characteristics of fresh market tomatoes. *Horticultura Brasileira* 30: 627-631.

WANG JF; HANSON P; BANES JA. 1998 Worldwide evaluation of an international set of resistance sources to bacterial wilt in tomato. In: PRIOR P; ALLEN C; ELPHINSTONE J (Ed.). *Bacterial wilt disease: molecular and ecological aspects*. p. 269-275.

**Tabela 1.** Estimativas dos quadrados médios para os componentes de resistência para 30 genótipos de tomateiro (Estimates of the mean squares for the resistance components for 30 genotypes of tomato). Recife, UFRPE, 2017

Fonte de Variação	GL	QM <sup>(1)</sup>			
		INC (%)	IMB	PL 50	AACPD
Genótipos (G)	29	70,62**	2,15**	2,55**	17,24**
Isolados (I)	2	22,01 <sup>ns</sup>	1,95**	1,92**	16,78**
G x I	58	9,19 <sup>ns</sup>	0,20 <sup>ns</sup>	0,30**	1,63*
Resíduo	180	7,36	0,15	0,17	1,04
C.V. (%)		38,57	34,04	12,54	44,35

\* e \*\* significativo aos níveis de 5% e 1%, respectivamente, de probabilidade pelo teste F e “ns” não significativo pelo teste F (\* and \*\* significant at the levels of 5% and 1%, respectively, of probability by the test F and “ns” not significant by the test F).

<sup>(1)</sup> INC: incidência; IMB: Índice de murcha bacteriana; PL 50: período de latência; AACPD: Área abaixo da curva de progresso da doença. <sup>(1)</sup> INC: incidence; IMB: bacterial wilt index; PL 50: latency period; AACPD: area below the curve of disease progression)

**Tabela 2.** Reação dos genótipos de tomateiro em relação à incidência e ao índice de murcha bacteriana para três isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum* (Reaction of tomato genotypes in relation to incidence and bacterial wilt index for three isolates of *Ralstonia pseudosolanacearum*). Recife, UFRPE, 2017

Genótipos	INC (%) <sup>(1)</sup>	IMB <sup>(2)</sup>
IPA-6	100,00 c	3,86 f
SANTA CLARA	100,00 c	3,36 e
L116	97,22 c	3,03 e
C VERMELHO	100,00 c	3,01 e
L32	91,66 c	2,53 d
L91	91,66 c	2,36 d
L69	88,88 c	2,45 d
L66	83,33 c	2,19 d
L129	88,88 c	1,81 c
L01	88,88 c	1,83 c
L24	77,77 c	1,61 c
L14	75,00 c	1,72 c
L27	72,90 c	1,50 c
L57	69,44 c	1,39 c
L38	55,56 b	1,42 c
L79	50,00 b	1,31 c
L12	69,44 c	1,25 c
L45	63,88 c	1,33 c
L120	55,56 b	1,00 b
L04	44,44 b	0,97 b
L125	41,66 b	0,78 b
L82	47,22 b	0,78 b
L128	38,88 b	0,75 b
L49	47,22 b	0,67 b
TROPITHAI	19,44 a	0,61 b
L42	36,11 b	0,67 b
L53	47,22 b	0,64 b
YOSHIMATSU	2,77 a	0,17 a
WOODSTOCK	5,55 a	0,06 a
HAWAII 7996	2,77 a	0,03 a

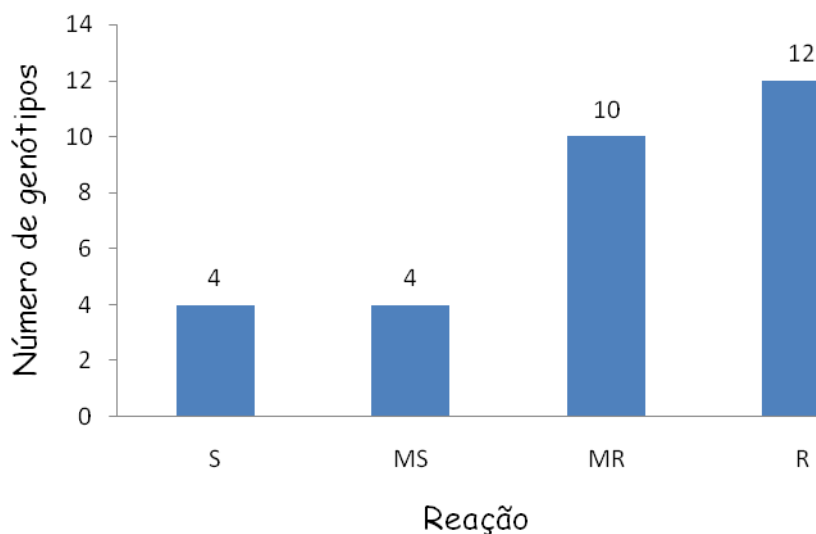
<sup>(1)</sup>INC: incidência; <sup>(2)</sup>IMB: índice de murcha bacteriana (INC: incidence; IMB: bacterial wilt index)

**Tabela 3.** Reação dos genótipos de tomateiro em relação ao período de latência e a área abaixo da curva de progresso da doença para três isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum* (Reaction of tomato genotypes in relation to the latency period and area under the disease progression curve for three isolates of *Ralstonia pseudosolanacearum*). Recife, UFRPE, 2017.

Genótipo/isolado	PL 50 <sup>(1)</sup>			AACPD <sup>(2)</sup>		
	CRM 74	CRM 76	CRM 77	CRM 74	CRM 76	CRM 77
IPA-6	3,33 a	4,00 a	3,33 a	39,00 d	28,62 c	37,50 c
SANTA CLARA	6,66 a	7,00 b	4,33 a	20,75 c	15,38 b	28,00 c
C. VERMELHO	5,66 a	4,33 a	4,66 a	11,62 b	16,75 b	28,25 c
L116	5,00 a	9,33 b	5,33 a	25,25 c	11,99 b	31,37 c
L32	7,66 a	11,33 c	5,66 a	17,00 c	6,12 a	22,25 b
L69	6,00 a	12,00 c	5,66 a	19,12 c	6,50 a	17,37 b
L66	11,33 b	11,33 c	6,00 a	10,12 b	7,25 a	16,50 b
L91	8,66 a	10,33 c	7,00 a	14,87 c	7,50 a	15,75 b
L129	9,00 a	11,33 c	7,66 a	10,00 b	4,00 a	10,87 a
L01	11,66 b	11,66 c	9,00 a	5,00 a	4,13 a	13,12 a
L79	7,00 a	14,33 c	10,00 b	10,75 b	2,50 a	6,62 a
L24	13,33 c	9,33 b	10,33 b	2,62 a	10,25 a	5,37 a
L12	10,33 b	14,66 c	10,33 b	8,58 b	0,37 a	4,63 a
L57	12,00 b	12,66 c	10,66 b	9,87 b	2,50 a	10,12 a
L45	11,66 b	13,33 c	11,33 b	6,12 b	2,62 a	9,25 a
L27	9,33 a	12,66 c	12,00 b	10,50 b	3,88 a	6,88 a
L128	14,66 c	14,33 c	12,33 b	0,75 a	1,25 a	3,87 a
L04	12,00 b	12,66 c	12,33 b	2,62 a	2,37 a	4,12 a
L42	14,33 c	15,00 c	12,66 b	2,37 a	0,75 a	4,38 a
L53	15,00 c	15,00 c	12,66 b	2,00 a	0,50 a	2,88 a
L120	9,66 a	14,33 c	12,66 b	10,37 b	0,87 a	2,87 a
L14	7,66 a	12,00 c	13,33 b	16,12 c	8,25 a	4,50 a
L82	14,33 c	12,33 c	13,66 c	2,66 a	3,87 a	2,50 a
L125	10,33 b	14,33 c	14,33 c	6,87 b	1,25 a	1,87 a
L49	14,33 c	13,00 c	14,33 c	2,25 a	2,12 a	1,12 a
TROPITHAI	12,00 b	14,66 c	15,33 c	4,12 a	1,75 a	1,62 a
L38	6,00 a	7,66 b	15,66 c	16,50 c	9,50 a	0,75 a
YOSHIMATSU	14,66 c	16,00 c	16,00 c	1,25 a	0,00 a	0,00 a
WOODSTOCK	16,00 c	15,66 c	16,00 c	0,00 a	0,12 a	0,12 a
HAWAII 7996	16,00 c	16,00 c	16,00 c	0,13 a	0,00 a	0,00 a

<sup>(1)</sup>PL 50: período de latência; <sup>(2)</sup>AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença (<sup>(1)</sup>PL 50: latency period; <sup>(2)</sup>AACPD: area below the curve of disease progression)





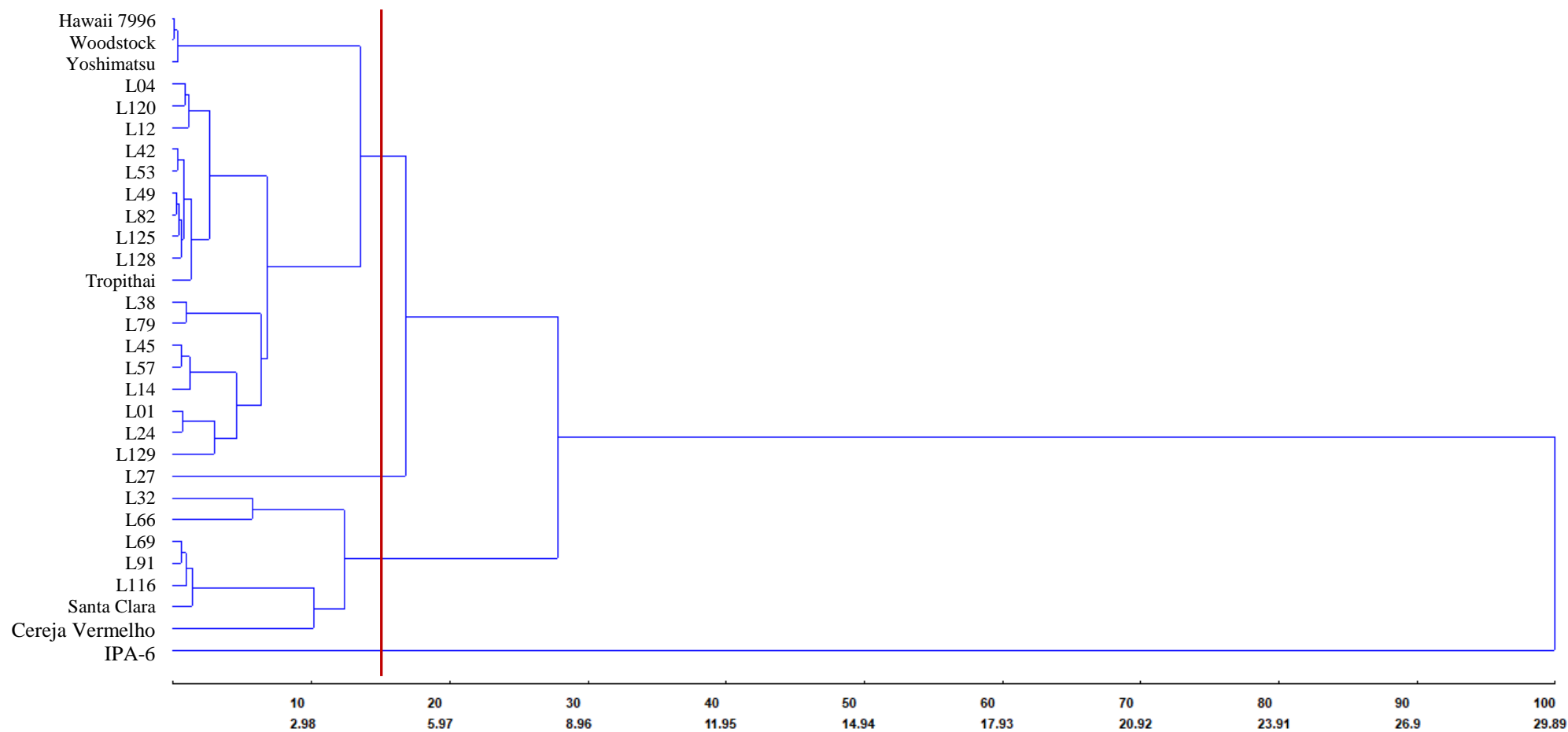
**Figura 1.** Frequência de reações de genótipos de tomateiro à murcha bacteriana (S: suscetível; MS: moderadamente suscetível; MR: moderadamente resistente; R: resistente), em casa de vegetação (Frequency of reactions of tomato genotypes to bacterial wilt (S: susceptible; MS: moderately susceptible, MR: moderately resistant; R: resistant) in greenhouse. Recife, UFRPE, 2017.

**Tabela 4.** Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (F), genotípica (G) e ambiental (A), entre quatro componentes de resistência à murcha bacteriana em 30 genótipos de tomateiro (Estimates of correlation coefficients phenotypic (F), genotypic (G) and environmental (A) among four components of bacterial wilt resistance in 30 tomato genotypes). Recife, UFRPE, 2017.

Caracteres	r	INC	PL 50	AACPD
IMB	F	0,98*	-1,00**	0,99**
	G	0,99**	-1,00**	0,99**
	A	0,67 <sup>ns</sup>	-0,99**	0,97*
INC	F		-0,98*	0,96*
	G		-0,99**	0,98*
	A		-0,66 <sup>ns</sup>	0,52 <sup>ns</sup>
PL 50	F			-0,99**
	G			-0,99**
	A			-0,98*

\* e \*\* significativo aos níveis de 5% e 1%, respectivamente, de probabilidade pelo teste F e “ns” não significativo pelo teste F (\* and \*\* significant at the levels of 5% and 1%, respectively, of probability by the test F and "ns" not significant by the test F).

INC: incidência; IMB: índice de murcha bacteriana; PL 50: período de latência; AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença (INC: incidence; IMB: bacterial wilt index; PL 50: latency period; AACPD: area below the curve of disease progression).



**Figura 2.** Dendrograma obtido pelo método do UPGMA, a partir de medidas de dissimilaridade entre 30 genótipos de tomateiro, baseado na distância de Mahalanobis (Dendrogram obtained by the UPGMA method, from measures of dissimilarity among 30 tomato genotypes, based on Mahalanobis distance). Recife, UFRPE, 2017.

### **CAPÍTULO III**

---

#### **IDENTIFICAÇÃO E SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE TOMATEIRO VISANDO RESISTÊNCIA À MURCHA BACTERIANA**

Artigo a ser enviado para publicação na  
revista da Associação Brasileira de  
Horticultura “Horticultura Brasileira”  
ISSN: 0102 – 0536

- Versão preliminar do artigo -

## **Identificação e seleção de híbridos de tomateiro visando resistência à murcha bacteriana**

Adônis Queiroz Mendes<sup>1</sup>; Dimas Menezes<sup>2</sup>; Islan Diego Espindula de Carvalho<sup>1</sup>; Adriano Márcio Freire Silva<sup>3</sup>; Aldenir de Oliveira Alves<sup>3</sup>; Ezildo Francisco Felinto Filho<sup>4</sup>; Lilian Bonfim de Lima<sup>4</sup>.

Universidade Federal Rural de Pernambuco, Av. Dom Manoel de Medeiros, s/n, 52171-900 Recife-PE; <sup>1</sup>Doutorando UFRPE: adonis@agronomo.eng.br; iislandiego@hotmail.com; <sup>2</sup>Dep<sup>to</sup>. Agronomia: dimas.menezes@ufrpe.br; <sup>3</sup>Pós-doutorando UFRPE: adriano@hotmail.com; aldeoli@hotmail.com; <sup>4</sup>Graduação: ezydo@hotmail.com; lilianbonfim53@gmail.com

### **Resumo**

Este estudo teve como objetivo estimar as capacidades gerais (CGC) e específicas (CEC) de combinação entre dois grupos de genótipos de tomateiro para produção de híbridos resistentes à murcha bacteriana. Um grupo parental foi composto pelas cultivares Yoshimatsu e Hawaii 7996, enquanto o segundo grupo foi composto por 10 linhagens e as cultivares IPA-6 e Santa Clara. A análise dialélica foi de acordo com o método de Geraldi e Miranda Filho, tipo G2, estimando-se a CGC e CEC, além da estimativa de parâmetros genéticos. Os cruzamentos que apresentaram maior desempenho para resistência foram os híbridos Yoshimatsu com a linhagem L04 e Hawaii 7996 com a linhagem L125, pois obtiveram CEC positiva para o período de latência e negativa para os demais caracteres. Foi observado que a expressão gênica do fenótipo resistente em tomateiro é resultante da ação de efeitos gênicos aditivos e não aditivos, em que os efeitos gênicos não aditivos estão envolvidos nos quatro componentes de resistência e que os efeitos aditivos estão envolvidos no índice de murcha bacteriana, incidência e área abaixo da curva de progresso da doença. Para os parâmetros genéticos os caracteres índice de murcha bacteriana e período de latência com o isolado CRM 74 e área abaixo da curva de progresso da doença para os isolados CRM 74 e CRM 77 tiveram os coeficientes de variação genotípica acima do coeficiente de variação ambiental, com  $CV_g/CV_e$  acima de 1,0 e alta variância genética. Os valores de herdabilidade variaram de 68,32% a 88,24% para o isolado CRM 74 e de 61,53% a 75,90% para o isolado CRM 77. A herdabilidade que mais se destacou foi a variável área abaixo da curva de progresso da doença para ambos os isolados com 88,24% e 75,90% respectivamente.

Palavras chave: *Solanum lycopersicum* L., *Ralstonia pseudosolanacearum*, Top cross, capacidade de combinação.

## Abstract

### Identification and selection of tomato hybrids for resistance to bacterial wilt

The objective of this study was estimating the general (CGC) and specific (CEC) combining abilities between two groups of tomato genotypes for the production of resistant hybrids to bacterial wilt. A parental group was composed by the cultivars Yoshimatsu and Hawaii 7996, while the second group consisted of 10 lines and the cultivars IPA-6 and Santa Clara. The diallel analysis was according to the method of Geraldi and Miranda Filho, type G2, estimating the general (CGC) and specific (CEC) combination capacity, besides the genetic parameters estimative. The crosses that showed the highest performance for resistance were the hybrids Yoshimatsu with the line L04 and Hawaii 7996 with the line L125, because they obtained a positive CEC for the period of latency and negative for the other characters. It was observed that the gene expression of the resistant phenotype in tomatoes results from the action of additive and non-additive effects, where non-additive effects are involved in the four resistance components and that the additive effects are involved for IMB, INC and AACPD. For the genetic parameters, the bacterial wilt index and latency period with the isolate CRM 74, and area under the disease progress curve for isolates CRM 74 and CRM 77 had the coefficients of genotype variation above the coefficient of environmental variation, with  $CV_g / CV_e$  above 1.0 and high genetic variance. The heritability values ranged from 68.32% to 88.24% for the isolate CRM 74 and from 61.53% to 75.90% for the isolate CRM 77. The highest heritabilities were for the AACPD character for both isolates with 88.24% and 75.90% respectively.

Key words: *Solanum lycopersicum* L., *Ralstonia pseudosolanacearum*, Top cross, Combining ability.

## Introdução

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) é cultivado em todas as regiões brasileiras, sendo a segunda solanácea mais produzida no mundo, perdendo apenas para a batata. No Brasil, em 2016, foram produzidas 3,7 milhões de toneladas de tomate, com produtividade média de 63,8 t ha<sup>-1</sup>, englobando o tomate destinado à indústria de processamento e o para o consumo fresco (IBGE, 2017).

Nas regiões Norte e Nordeste do Brasil a murcha bacteriana é a principal doença do tomateiro, limitando o seu plantio em diversas áreas. Especificamente no Nordeste a doença é mais severa em plantios conduzidos durante verões chuvosos e em cultivos protegidos. Segundo Mariano *et al.* (1989), em Pernambuco já foi detectada a doença em tomateiro em

todas as mesorregiões, tornando inviável o seu cultivo na mesorregião da Mata pernambucana, causando assim prejuízos significativos no Agreste e Sertão. É extremamente importante que as cultivares melhoradas geneticamente de tomateiro para o cultivo no trópico úmido brasileiro expressem o caráter de resistência à doença (Pena *et al.*, 2010).

Segundo Souza *et al.* (2013), não há no mercado cultivares de tomate com nível adequado de resistência e com as características agrônômicas que o mercado exige, isso ocorre em função da resistência ser fortemente influenciada pelas condições ambientais e ligada a outras características indesejáveis como suscetibilidade à nematóides e begomovírus, além de frutos pequenos e com rachaduras concêntricas.

As empresas de sementes disponibilizam para os produtores materiais com resistência à murcha bacteriana, mas sem características comerciais desejáveis, indicando o seu uso como porta-enxerto. Apesar da existência destes materiais, Lopes (2009), afirma que a utilização de porta-enxertos com resistência não dispensa os demais cuidados, já que os mesmos não possuem resistência completa.

No Brasil, nos últimos anos a produção de tomate tem sofrido grandes transformações tecnológicas, merecendo destaque o avanço do cultivo em ambiente protegido e a utilização de cultivares híbridas pelos produtores. Tais fatos foram importantes para incremento de caracteres quantitativos desejáveis, tais como produtividade, tamanho de frutos e resistência a algumas doenças, como é o caso da murcha bacteriana (Seleguini, 2005; Figueiredo 2013).

Para o desenvolvimento de combinações híbridas com alto potencial, é necessária a identificação de linhagens genitoras com boa capacidade combinatória, baseada na obtenção de estimativas da capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação (Mendes, 2009).

A capacidade geral de combinação (CGC) está relacionada a efeitos aditivos dos alelos (Cruz & Vencovsky, 1989), representando o comportamento médio dos pais em combinações híbridas, enquanto a capacidade específica de combinação (CEC) está relacionada aos efeitos gênicos não-aditivos, caracterizando os desvios de combinações híbridas em relação ao comportamento médio dos pais (Ferreira *et al.*, 2002). A combinação híbrida mais favorável é aquela que apresenta maior CEC, na qual pelo menos um dos genitores tenha maior CGC e seja divergente em relação ao genitor com o qual está sendo cruzado. Menezes (1998) verificou em tomate que a resistência a *R. pseudosolanacearum* é governada por mais de um gene ou bloco gênico com dominância, além de efeitos aditivos no aumento do caráter.

Esse estudo teve como objetivo estimar as capacidades gerais (CGC) e específicas (CEC) de combinação entre dois grupos de genótipos de tomateiro para produção de híbridos resistentes à murcha bacteriana, além da estimativa de parâmetros genéticos.

## Material e Métodos

Os experimentos foram conduzidos no Laboratório de Fitobacteriologia e em casa de vegetação do Departamento de Agronomia e da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), em Recife-PE, com temperatura média de  $26 \pm 5^\circ\text{C}$  e umidade relativa do ar de  $80,4 \pm 5,5\%$

Foram utilizadas como testadores as cultivares resistentes à murcha bacteriana Hawaii 7996 e Yoshimatsu. Como genitores femininos foram utilizadas 10 linhagens que apresentaram os melhores resultados quanto à resistência à murcha bacteriana em pesquisas preliminares (L04, L12, L42, L49, L53, L79, L82, L120, L125 e L128) e duas cultivares suscetíveis IPA-6 e Santa Clara, resultando em 24 híbridos F<sub>1</sub>.

Foram utilizados os isolados CRM74 e CRM 77 ambas pertencentes ao filotipo I e sequevar 18 de *Ralstonia pseudosolanacearum*, obtidos da coleção de culturas Rosa Mariano do Laboratório de Fitobacteriologia da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE).

As mudas foram produzidas em bandejas de poliestireno expandido com 128 células, contendo substrato comercial à base de casca de pinus, turfa, carvão, vermiculita e enriquecida com NPK e micronutrientes. Para dispor de quantidade de pólen suficiente para execução dos cruzamentos a proporção de plantas polinizadoras para plantas femininas foi de 1:4. Os testadores foram semeados duas semanas antes do feminino para garantir disponibilidade de pólen desde o início da operação de cruzamento.

Após 21 dias, as mudas foram transplantadas para vasos com capacidade para cinco litros contendo como substrato pó de coco. As necessidades nutricionais foram supridas com solução nutritiva, de acordo com a fase de desenvolvimento das plantas, diariamente por meio de sistema de gotejo pressurizado. As plantas foram conduzidas com tutoramento e com apenas uma haste principal para os genitores femininos e sem desbrota para os genitores masculinos, favorecendo um maior número de flores.

Na fase reprodutiva a hibridação foi realizada de forma manual, envolvendo emasculação e coleta de pólen, tocando o estigma da flor emasculada nos grãos de pólen que foram coletados, o mesmo procedimento foi repetido no dia seguinte a fim de aumentar o índice de pegamento das hibridações. Durante a emasculação as flores tiveram as sépalas cortadas e após a polinização foram marcadas para a devida identificação das flores polinizadas e do genitor masculino correspondente.

As flores não utilizadas foram eliminadas da planta. Os frutos provenientes dos cruzamentos foram colhidos maduros e separadamente e as sementes extraídas manualmente.

Depois de extraídas e secas, as sementes dos híbridos e dos genitores foram semeadas utilizando-se a mesma metodologia descrita anteriormente e com 21 dias foram transplantadas para vasos plásticos contendo volume de 500 ml com o substrato comercial e solo, contendo húmus de minhoca e pó de coco, na proporção de 1:1.

Para o preparo das suspensões bacterianas, os isolados foram resgatados da preservação em água e cultivados em meio TZC (tetracloreto de trifetil tetrazólio) (Kelman, 1954), por 48 h a  $30 \pm 2^\circ\text{C}$ , sendo transferidos para meio ágar nutritivo-dextrose-extrato de levedura (NYDA). Em seguida o crescimento bacteriano foi suspenso em água destilada esterilizada (ADE), ajustando-se a concentração da suspensão para  $5 \times 10^8$  UFC  $\text{ml}^{-1}$  em fotocolorímetro (Analyser 500 M, Brasil). Vale salientar que todos os isolados utilizados foram testados previamente quanto à patogenicidade em mudas da cultivar IPA-6.

Após uma semana, quando as raízes se desenvolveram e se espalharam pelo vaso, foi realizado um corte em meia lua a cerca de dois centímetros em torno do colo da planta com o auxílio de um estilete a fim de causar danos no sistema radicular para servir de porta de entrada da bactéria e, logo em seguida, adicionado 15 ml da suspensão. O experimento foi realizado em delineamento inteiramente casualizado com as 10 linhagens, duas cultivares padrão de suscetibilidade (IPA-6 e Santa Clara), duas cultivares padrão de resistência (Hawaii 7996 e Yoshimatsu) e os 24 híbridos experimentais, todos inoculados com os dois isolados bacterianos CRM 74 e CRM 77 no esquema fatorial  $38 \times 2$ , com três repetições. Cada parcela foi constituída por quatro vasos com uma planta cada.

As avaliações foram realizadas diariamente, durante 15 dias quanto à incidência e severidade da doença (SEV) com auxílio de escala descritiva de notas variando de 0 a 4 (Nielson & Haynes, 1960), onde:

- 0 = ausência de sintomas,
- 1 = plantas com 1/3 das folhas murchas,
- 2 = plantas com 2/3 das folhas murchas,
- 3 = plantas totalmente murchas
- 4 = plantas mortas.

Com os dados obtidos foram determinados os seguintes componentes de resistência da doença:

a) índice de murcha bacteriana (IMB) aos 15 dias (Empig *et al.*, 1962), calculado pela fórmula:  $\text{IMB} = \sum[(C \times P)/N]$ , em que C = nota atribuída em cada classe de sintoma; P = número de plantas em cada classe de sintoma e N = número total de plantas inoculadas;



b) incidência (INC) da doença, determinada pela porcentagem de plantas infectadas em relação ao total de plantas inoculadas;

c) período de latência (PL 50), número de dias requeridos para o aparecimento de murcha em 50% das plantas inoculadas (Silveira *et al.*, 1999);

d) área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), calculada pela expressão:  $AACPD = [\sum (y_i + y_{i+1}) / 2 \cdot d_{ii}] / n$ , onde  $y_i$  e  $y_{i+1}$  são os valores da severidade observados nas avaliações consecutivas e  $d_{ii}$  é o intervalo entre as avaliações (Shaner & Finney, 1977).

Os dados coletados foram submetidos à análise da variância de acordo com o delineamento experimental utilizado, considerando o modelo fixo. Os híbridos experimentais foram analisados segundo o esquema dialélico de acordo com o método de Geraldi e Miranda Filho (1988), tipo G2 análise de *Top cross* com linhas e testadores, estimando-se as capacidades geral (CGC) e específica (CEC) de combinação. As significâncias da análise de variância para CGC e CEC foram testadas pelo teste F. Também foram estimados os parâmetros genéticos como variância fenotípica, genotípica e ambiental, coeficientes de variação genética e ambiental, razão entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação ambiental e a herdabilidade no sentido amplo. As análises genético-estatísticas foram efetuadas através do programa Genes (Cruz, 2013)

## Resultados e Discussão

As estimativas dos quadrados médios referente ao contraste entre o grupo de testadores com o grupo dos genitores femininos mostraram diferença significativa a 1% de probabilidade pelo teste F para todos os componentes de resistência para cada um dos isolados (Tabela 1).

Com relação às estimativas dos quadrados médios da CEC de combinação foram significativas pelo teste de F a 1% ou 5% de probabilidade, para todas as características avaliadas com os dois isolados (Tabela 1).

Já as estimativas dos quadrados médios da CGC para o grupo de testadores com o isolado CRM 74 foram significativas para todas as variáveis, com exceção para INC. Para os genitores femininos somente a variável PL 50 não apresentou significância. Utilizando o isolado CRM 77 os quadrados médios referentes à CGC dos testadores foram significativos apenas para AACPD e para a CGC dos genitores femininos foram significativos para INC e AACPD (Tabela 1).

A significância para a CGC e a CEC indica a existência de variabilidade entre os efeitos da CGC ( $\hat{g}_i$ ), associados a efeitos gênicos aditivos, e entre os efeitos da CEC ( $\hat{S}_{ii}$  e

Ŝij), associados aos não-aditivos (Lorencetti *et al.*, 2006). Essa significância implica também que o desempenho dos híbridos dependeu tanto da CGC quanto da CEC dos genitores.

Para o isolado CRM 74 os quadrados médios para os caracteres IMB e AACPD foram significativos tanto para CGC dos testadores e genitores femininos, quanto para CEC, revelando a existência de variabilidade resultante da ação gênica aditiva e não aditiva no controle da expressão. Porém as ações gênicas favoreceram mais a manifestação de efeitos gênicos não-aditivos dos caracteres estudados, já que os quadrados médios da CEC foram superiores em relação aos da CGC dos testadores e dos genitores femininos para IMB, INC e PL 50, além da CEC superior a CGC dos genitores femininos para AACPD. Para CRM 77, as variáveis IMB e PL 50 tiveram seus quadrados médios significativos apenas para CEC, predominando os efeitos gênicos não aditivos, ou seja, dominância.

Os coeficientes de variação apresentaram valores de 25,51 % a 36,28% para o isolado CRM 74 e de 26,55% a 50,81% para o isolado CRM 77 (Tabela 1). Porém as diferenças entre tratamentos foram altamente significativas para todas as variáveis, demonstrando que as diferenças entre tratamentos superaram o erro experimental. Isso ocorre pelo fato de que o caráter de resistência à murcha bacteriana é controlado por vários genes, sendo altamente influenciado pelo ambiente, contribuindo para elevar o coeficiente de variação.

Outros autores também observaram coeficientes muito altos, dentre eles, Silveira *et al.* (1999), identificando progênies de tomateiro resistentes à murcha bacteriana, encontraram valores de coeficiente de variação para PL 50 de 34,55%. Souza *et al.* (2004), estudando produtividade e resistência de genótipos de tomateiro à murcha bacteriana, encontraram coeficiente de variação de 41,72% para INC. Pena *et al.* (2010), estudando adaptabilidade e estabilidade de tomateiro em solo infestado com *R. solanacearum*, verificaram coeficientes de variação de 18,76% a 29,00% para INC. Alves (2012), estudando controle alternativo da murcha bacteriana do pimentão, obteve coeficientes de variação de 30,60% para IMB e 43,90% para AACPD.

O melhoramento do tomateiro objetivando a obtenção de híbridos resistentes à murcha bacteriana geralmente avalia a capacidade da planta de suportar a doença através dos componentes de resistência (Lima, 2016). Quando o interesse for o aumento do caráter, os genitores com os valores de CGC elevados e positivos indicam maior frequência de alelos favoráveis. Quando o desejável é o inverso, ou seja, a redução do caráter, os valores elevados e negativos é que indicam maior frequência de alelos favoráveis (Costa, 2015). Os híbridos devem ser produzidos a partir de genitores com estimativas de CGC positivas e de alta magnitude para a variável PL 50, ao contrário do requerido para IMB, INC e AACPD.

As estimativas médias de CGC, dos quatro componentes de resistência, para os 12 genótipos inoculados com dois isolados bacterianos são apresentadas na tabela 2. Várias linhagens apresentaram índices negativos de CGC para IMB, INC e AACPD, demonstrando capacidade de contribuir para o aumento da resistência à murcha bacteriana.

De acordo com Souza Neto *et al.* (2015), quando a CGC é negativa e de alta magnitude, demonstra o potencial de contribuir na redução dos caracteres quando utilizados em cruzamentos. Sendo assim, as linhagens L04 e L12 apresentaram os maiores efeitos negativos de CGC para os caracteres IMB, INC e AACPD em ambos os isolados bacterianos, sendo que a linhagem L04 destacou-se com a maior contribuição no sentido de diminuir INC (-18,75) para o isolado CRM 74 e diminuir os caracteres IMB (-0,42), INC (-20,83) e AACPD (-2,69) para o isolado CRM 77 (Tabela 2).

Já para PL 50 as linhagens com os maiores e positivos valores foram L79 (0,69) e L125 (1,30) para o isolado CRM 74 e as linhagens L125 (1,09) e L128 (0,92) para o isolado CRM 77, com maior capacidade de transmitir os alelos favoráveis para a expressão do caráter.

A linhagem L125 com o isolado CRM 74, além da estimativa alta e positiva dos efeitos da CGC para PL 50 (1,30), teve suas estimativas para IMB (-0,25), INC (-4,87) e AACPD (-2,10) negativas. Tal fato mostra que há boa concentração de alelos favoráveis ao aumento de dias para que 50% das plantas apresentem sintomas de murcha e que não há concentração de alelos favoráveis para o aumento dos demais caracteres. O mesmo ocorre com as linhagens L125 e L128 inoculadas com o isolado CRM 77, podendo ser indicadas em cruzamentos, já que esses são caracteres de extrema importância na resistência à murcha bacteriana no tomate.

Ainda em relação ao isolado CRM 74 as linhagens L49, L42 e L128 apresentaram estimativas negativas dos efeitos da CGC para PL 50 e estimativas positivas para IMB, INC e AACPD. Tais valores favorecem a frequência alélica indesejável para quem está buscando materiais que favoreçam a resistência. Da mesma forma ocorrem com as linhagens L49, L42 e L82 quando inoculadas com o isolado CRM 77.

Baixos valores absolutos de CEC significam que os híbridos F<sub>1</sub> obtidos entre os genitores em questão comportaram-se como esperado com base na CGC dos genitores, enquanto altos valores absolutos de CEC demonstram que o comportamento de um cruzamento particular é relativamente melhor ou pior do que o esperado com base na CGC dos genitores (Gomide *et al.*, 2008).

Sendo assim, Cruz & Vencovsky (1989) afirmam que os híbridos de maior destaque são aqueles que apresentam elevados efeitos, positivos ou negativos, a depender da

característica em questão, da CEC, e que sejam originados do cruzamento no qual um dos genitores apresente elevada CGC. É importante ressaltar que nem sempre dois genitores de alta capacidade geral, quando cruzados, originam o melhor híbrido.

Para as CEC's dos cruzamentos das linhagens com os testadores observaram-se valores positivos e negativos para todos com os componentes de resistência à murcha bacteriana, demonstrando que há existência de genes que aumentam a expressão do caráter como por outros que a reduzem (Tabela 3).

Observou-se que o híbrido YOS x L12 apresentou os valores negativos de maior magnitude de CEC para três dos quatro componentes de resistência: IMB, INC e AACPD em ambos os isolados. Tal fato é esperado quando se observam os valores de CGC da linhagem L12 para tais caracteres, com os maiores efeitos negativos para IMB, INC e AACPD, com o isolado CRM 74 e segundo maior efeito da CGC negativa dos mesmos três caracteres com o isolado CRM 77.

Com relação apenas à variável IMB, os maiores efeitos negativos da CEC foram observados, além da combinação YOS x L12, nos cruzamentos HAW x L04 (-0,67) e HAW x L125 (-0,53) para isolado CRM 74 e nos cruzamentos HAW x L04 (-0,76) e YOS x L125 (-0,27) para isolado CRM 77. Quando observado a CGC para IMB as linhagens L04, L12 e L125 aparecem entre os maiores efeitos negativos, indicando que os efeitos gênicos aditivos também contribuíram para o bom desempenho dessas combinações para os dois isolados.

Para avaliação através da INC, os maiores efeitos negativos da CEC foram observados, mais uma vez, no híbrido YOS x L12 com valor de -35,22 para o isolado CRM 74 e valor de -34,84 para o isolado CRM 77, além da combinação híbrida HAW x L04 com os segundos maiores efeitos negativos de -29,14 e -29,98 para CEC com os isolados CRM 74 e CRM 77 respectivamente. Além de apresentar os maiores efeitos negativos de CEC, as duas linhagens L04 e L12 apresentaram valores elevados e negativos de CGC para ambos os isolados (L04 = -18,75 e -20,83; L12 = -17,37 e -18,06 para CRM 74 e CRM 77 respectivamente).

Para a variável PL 50, os híbridos YOS x L04 e HAW x L12 com os isolados CRM 74 (9,40 e 8,33) e CRM 77 (9,09 e 6,40), apresentaram os maiores valores positivos de CEC. Para essa variável foram observados que não houve diferença significativa na estimativa dos quadrados médios com relação a CGC dos genitores femininos, além dos efeitos de CGC negativos para PL 50, mas nota-se que as linhagens L04 e L12 participaram da combinação híbrida com os maiores valores de CEC, comportando-se de maneira diferente da esperada, já

que apresentaram estimativas de CGC negativas, podendo esses terem contribuição dos efeitos gênicos não aditivos na formação de híbridos superiores para essa variável.

Daronch (2011), trabalhando com soja observou híbridos que apresentam CEC elevadas e os genitores com baixa ou negativa estimativa de CGC e concluiu que os efeitos gênicos não aditivos foram de maior importância na determinação da característica em relação aos efeitos aditivos. Isso pode ser explicado, segundo Costa (2015), pelo fato da CEC não depender apenas dos locos em heterozigose, mas também do número de locos fixados com alelos favoráveis.

Em relação à variável AACPD, tanto os efeitos gênicos aditivos quanto os não-aditivos estiveram presentes, sendo que os efeitos gênicos não aditivos com uma maior magnitude em relação a CGC do grupo de genitores femininos. Todavia a combinação híbrida YOS x L12 apresentou o maior efeito negativo de CEC (-6,24 e -6,29) com os dois isolados. Além disso, a linhagem L12 destacou-se com uma maior contribuição no sentido de diminuir a AACPD com valores de -3,04 e -2,60 para os isolados CRM 74 e CRM 77 respectivamente.

O cruzamento que apresentou maior potencial para resistência foram os YOS x L04 com os dois isolados e HAW x L125 com o isolado CRM 74, pois foram os únicos com CEC positiva para PL 50 e negativa para os demais caracteres, apresentando valores de intermediário a superior, pois além de alto valor para CEC, pelo menos um dos genitores apresentou alto valor de CGC, o que é desejável.

Na literatura se encontram poucos resultados sobre a capacidade combinatória de genótipos de tomate quanto à resistência a doenças, sobretudo com relação à murcha bacteriana. Todavia, observou-se neste estudo que a expressão gênica do fenótipo resistência em tomateiro é resultante da ação de efeitos gênicos aditivos e não aditivos, em que os efeitos gênicos não aditivos estão envolvidos nos quatro componentes de resistência e que os efeitos aditivos estão envolvidos para IMB, INC e AACPD.

Os componentes de variância fenotípica, genotípica e ambiental, assim como a herdabilidade no sentido amplo, os coeficientes de variação genética, ambiental e a razão entre esses dois últimos componentes encontram-se na tabela 4. Os valores estimados da variância genotípica foram superiores aos da variância ambiental para todos os componentes de resistência estudados e para ambos os isolados bacterianos. Segundo Oliveira (2013), isso indica que há condições favoráveis para realizar seleção de genótipos e também de melhoramento para o caráter estudado, havendo uma maior influência dos componentes genéticos do que a influência dos componentes ambientais.

O coeficiente de variação ambiental indica, além da magnitude da precisão experimental, a variação dentro dos blocos. Os valores obtidos para o coeficiente de variação ambiental para os quatro caracteres avaliados foram superiores a 20%, variando de 25,51% para INC com o isolado CRM 74 a 50,60% para AACPD com o isolado CRM 77, mostrando que a resistência à murcha bacteriana é influenciada pelas condições ambientais.

O coeficiente de variação genética é utilizado para se fazerem inferências e comparar a variabilidade genética existente em diferentes genótipos, ambientes e caracteres (Oliveira, 2013). O coeficiente de variação genética variou de 21,63% a 57,38% para o isolado CRM 74 e de 20,61% a 52,12% para o isolado CRM 77. Segundo Correa *et al.* (2015), valores acima de 25% indicam que os genótipos têm alto potencial para a seleção do caráter estudado e ganhos significativos de seleção.

Foram observados ainda valores superiores a 1,0 para a relação  $CV_g/CV_e$  para quase todos os caracteres estudados com o isolado CRM 74, com exceção do componente de resistência INC. Já com relação ao isolado CRM 77 apenas a variável AACPD foi superior a 1,0, porém os valores foram a partir de 0,73 para os dois isolados, indicando que a seleção para esses caracteres apresenta condições mais favoráveis em termos de ganhos genéticos imediatos. O valor mais elevado para a relação  $CV_g/CV_e$  foi 1,58, encontrado para AACPD com o isolado CRM 74, sendo também a variável que obteve relação maior que 1,0 para o isolado CRM 77, indicando que a seleção para esse caráter apresenta condições mais favoráveis em termos de ganhos genéticos imediatos. A relação  $CV_g/CV_e$  reflete a predominância de efeitos genéticos expressos para os caracteres avaliados, existindo uma situação muito favorável para a obtenção de ganhos na seleção quando a relação  $CV_g/CV_e$  é superior a unidade e, dessa forma, proporciona uma situação favorável para o melhorista realizar sua seleção (Vencovsky, 1987; Lannes, 2005).

Os resultados de  $CV_g/CV_e$  indicam que AACPD para os dois isolados apresentaram os melhores índices, com maior contribuição genética na manifestação fenotípica. Para a variável PL 50 com o isolado CRM 77 houve a maior contribuição dos fatores ambientais, o que exige maior rigor na seleção.

É importante ressaltar que a herdabilidade é um dos mais importantes parâmetros genéticos, uma vez que reflete quanto dos valores fenotípicos são devidos a causas genéticas, pois quantifica a fração da variação de natureza herdável passível de ser explorada, indicando possibilidade de sucesso com a seleção (Moraes *et al.*, 2015).

Os valores de herdabilidade no sentido amplo foram de magnitude moderada a alta, variando de 68,32% a 88,24% para o isolado CRM 74 e de 61,53% a 75,90% para o isolado

CRM 77. A herdabilidade que mais se destacou foi para a variável AACPD para ambos os isolados com 88,24% e 75,90% respectivamente. Foi observado que os valores de herdabilidade dos componentes de resistência foram maiores na utilização do isolado CRM 74 em relação ao isolado CRM 77.

A herdabilidade é de grande importância na seleção de materiais superiores, pois expressa a confiabilidade do valor fenotípico como estimador do valor genotípico, de tal forma que quanto maior a herdabilidade maior o ganho genético por seleção, além de indicar que a seleção de genótipos tem grande probabilidade de expressão na geração seguinte (Borém, 2013).

Contudo, os caracteres IMB e PL 50 com o isolado CRM 74 e AACPD para ambos os isolados podem ser selecionados por métodos simples, como seleção massal, visto que os coeficientes de variação genotípica foram acima do coeficiente de variação ambiental, com  $CV_g/CV_e$  acima de 1,0 e alta variância genética. Na seleção dos demais caracteres deve ser adotada metodologia mais precisa, visto que o coeficiente de variação genotípica foi considerado baixo.

Considerando os dois isolados bacterianos foi observado que a linhagem L125 apresentou as melhores CGC's para a maioria dos componentes de resistência, destacando-se em relação às outras linhagens, assim como a combinação híbrida YOS x L04 se destacou quanto a CEC, podendo ser utilizada em futuras pesquisas relacionadas à resistência à murcha bacteriana.

### **Agradecimentos**

Os autores agradecem ao laboratório de Fitobacteriologia da UFRPE, em nome da professora Dra. Rosa Mariano e do Dr. Adriano Márcio F. Silva, pelos isolados de *R. pseudosolanacearum* e estrutura do laboratório para multiplicação e preparo das suspensões bacterianas e ao CNPq pelo financiamento do projeto de Melhoramento Genético de Solanáceas em Diferentes Sistemas de Cultivo.

### **Referências**

ALVES AO. 2012. *Controle alternativo de murcha bacteriana do pimentão utilizando óleos essenciais vegetais e silicato de cálcio*. Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco. 94p (Tese doutorado).

BORÉM, A. 2013. *Melhoramento de espécies cultivadas*. Viçosa: UFV. 969p.

CORREA AM; BRAGA DC; CECCON G; OLIVEIRA LVA; LIMA ARS; TEODORO PE. 2015. Variabilidade genética e correlações entre caracteres de feijão-caupi. *Revista Agro@mbiente On-line* 9: 42-47.

COSTA IJN. 2015. *Capacidade de combinação e heterose em genótipos de meloeiro do grupo Mormodica*. Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco. 40p (Dissertação de Mestrado).

CRUZ CD. 2013. *Programa genes: versão 2016.6.0 Windows*. Viçosa: UFV. 648p.

CRUZ CD; VENCOVSKY R. 1989. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. *Revista Brasileira de Genética* 12: 425-438.

DARONCH DJ. 2011. *Capacidade combinatória de cultivares de soja, sob condições de cerrado tocantinense*. Tocantins: Universidade Federal de Tocantins. 54p. (Dissertação de Mestrado).

EMPIG LT; CALUB AG, KATIGBAK MM; DEANON JÚNIOR JR. 1962. Screening tomato, eggplant and pepper varieties and strains for bacterial wilt (*Pseudomonas solanacearum*) resistance. *Phillippine Agriculturist* 46: 303-314.

FERREIRA, MAJF; BRAZ LT; QUEIROZ, MA; CHURATAMASCA MGC; VENCOVSKY R. 2002. Capacidade de combinação em sete populações de melancia. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília 37: 968-970.

FIGUEIREDO AT. 2013. *Capacidade de combinação e divergência genética de linhagens de tomateiro com aptidão industrial*. Guarapuava: Universidade Estadual do Centro-Oeste. 98p (Dissertação de Mestrado).

GERALDI IO; MIRANDA FILHO JB. 1988. An adapted models for the analysis of partial diallel crosses. *Revista Brasileira de Genética*, 7: 677-388.

GOMIDE ML; MALUF WR; GOMES LAA. 2008. Heterose e capacidade de combinatória de linhagens de pimentão (*Capsicum annuum* L.). *Ciência e Agrotecnologia* 32: 740-748.



IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. 2017. *Levantamento sistemático da produção agrícola (LSPA)*, Rio de Janeiro, 83p.

KELMAN A. 1954. The relationship of pathogenicity of *Pseudomonas solanacearum* to colony appearance on a tetrazolium medium. *Phytopathology* 44: 693-695.

LANNES SD. 2005. Diversidade em *Capsicum chinense*: análise química, morfológica e molecular. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa. 81p (Tese de Doutorado).

LIMA MAGL. 2016. *Óleos essenciais e silício para o controle da murcha bacteriana do tomateiro*. Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco. 89p (Tese de Doutorado).

LOPES CA. 2009. *Comunicado Técnico: Murcha Bacteriana ou Murchadeira – Uma Inimiga do Tomateiro em Climas Quentes*. Brasília, DF: Embrapa Hortaliças, 7p.

LORENCETTI C; CARVALHO FIF; OLIVEIRA AC; VALÉRIO IP; BENIN G; ZIMMER PD; VIEIRA EA. 2006. Distância genética e sua associação com heterose e desempenho de híbridos em aveia. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 41: 591-598.

MARIANO RLR, MICHEREFF SJ, HOLANDA VT. 1989. Controle biológico de *Pseudomonas solanacearum* em tomateiro com *Pseudomonas spp.* fluorescentes. In: CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA, *Anais...* Jaguariúna: CPF. p. 218.

MENDES AQ. 2009. *Divergência genética e capacidade de combinação em linhagens de pimentão (Capsicum annuum L.)* Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco. 46p (Dissertação de Mestrado).

MENEZES D. 1998. *Análise genética de um cruzamento dialético em tomateiro (Lycopersicon esculentum MILL)*. Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco. 95p (Tese Doutorado).

MORAES CB; CARVALHO EV; ZIMBACK L; LUZ OSL; PIERONI GB; MORI ES; LEAL TCAB. 2015. Variabilidade genética em progênies de meios-irmãos de eucaliptos para tolerância ao frio. *Revista Árvore* 39: 1047-1054.

NIELSON LW; HAYNES FL. 1960. Resistance in *Solanum tuberosum* to *Pseudomonas solanacearum*. *American Potato Journal* 37:260-267.

PENA MA; NODA H; MACHADO FM; PAIVA MSS. 2010. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de tomateiro sob cultivo em solos de terra firme e várzea da Amazônia infestados por *Ralstonia solanacearum*. *Bragantia* 69: 27-37.

OLIVEIRA NS. 2013 Parâmetros genéticos de progênies de coentro tolerantes ao calor. Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco. 46p. (Dissertação de Mestrado).

SELEGUINI A. 2005. *Híbridos de tomate industrial cultivados em ambiente protegido e campo, visando produção de frutos para mesa*. Ilha Solteira: Universidade Estadual Paulista. 71p (Dissertação de Mestrado).

SHANER G; FINNEY RE. 1977. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. *Phytopathology* 67: 1051-1056.

SILVEIRA EB; GOMES AMA; FERRAZ E; MARANHÃO EAA; MARIANO RLR. 1999. Identificação de progênies de tomateiro resistentes à murcha bacteriana. *Horticultura Brasileira* 17: 6-10.

SOUZA FR; NOGUEIRA SR; ANDRÉ CMG; SILVEIRA MS; MOMENTÉ VG; SANTANA WR; TAVARES IB. 2004. Produtividade e resistência de genótipos de tomateiro ao agente causal da murcha bacteriana (*Ralstonia solanacearum*). *Horticultura Brasileira* 22: 365-366.

SOUZA NM; BLIND AD; SILVA FILHO DF; RODRIGUES HS; NODA H. 2013. Avaliação de linhagens e cultivares de tomate resistentes à murcha bacteriana (*Ralstonia solanacearum*) desenvolvidas na Amazônia. *Enciclopédia Biosfera* 9: 400-410.

SOUZA NETO IL; PINTO RJB; SCAPIM CCJ; FIGUEIREDO AST; BIGNOTTO LS. 2015. Análise dialélica e depressão endogâmica de híbridos forrageiros de milho para características agrônômicas e de qualidade bromatológica. *Bragantia* 74: 42-49.

VENCOVSKY, R. 1987. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. *Melhoramento e produção de milho*. Piracicaba: Fundação Cargill, p. 137-214.

**Tabela 1.** Estimativa dos quadrados médios da capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, média e coeficiente de variação (CV) para quatro componentes de resistência à murcha bacteriana para dois isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum* (Estimates of the mean squares of the general capacity (CGC) and specific (CEC), mean and coefficient of variation (CV) for four components of resistance to bacterial wilt for two isolates of *Ralstonia pseudosolanacearum*). Recife, UFRPE, 2017.

FV	GL	Quadrados Médios							
		Isolado CRM 74				Isolado CRM 77			
		IMB <sup>(1)</sup>	INC <sup>(2)</sup>	PL 50 <sup>(3)</sup>	AACPD <sup>(4)</sup>	IMB <sup>(1)</sup>	INC <sup>(2)</sup>	PL 50 <sup>(3)</sup>	AACPD <sup>(4)</sup>
Tratamentos	37	2,92**	4580,68**	94,90**	161,39**	2,98**	4864,27**	101,65**	133,22**
Grupos (T vs F)	1	24,80**	43924,22**	936,16**	1052,27**	27,21**	46783,63**	1067,30**	966,74**
CGC Grupo (T)	1	2,58*	527,34 <sup>ns</sup>	27,09*	201,75*	0,47 <sup>ns</sup>	104,17 <sup>ns</sup>	25,01 <sup>ns</sup>	200,54*
CGC Grupo (F)	11	1,03*	1549,81**	7,93 <sup>ns</sup>	74,13*	1,08 <sup>ns</sup>	1710,86**	8,06 <sup>ns</sup>	52,03*
CEC	24	2,89*	4499,40**	102,54**	161,95*	2,95**	4761,28**	107,50**	132,89**
Resíduo	74	0,47	396,75	6,69	35,30	0,7	425,32	8,16	49,97
Média		2,17	78,08	8,70	16,37	2,11	77,69	10,12	13,90
CV (%)		31,61	25,51	29,72	36,28	38,88	26,55	28,22	50,81

\* e \*\* significativo aos níveis de 5% e 1%, respectivamente, de probabilidade pelo teste F e “ns” não significativo pelo teste F (\* and \*\* significant at the levels of 5% and 1%, respectively, of probability by the test F and "ns" not significant by the test F).

T: testadores; F: genitores femininos ((T: testers; F: female parents)

<sup>(1)</sup> IMB: Índice de murcha bacteriana; <sup>(2)</sup> INC: incidência; <sup>(3)</sup> PL 50: período de latência; <sup>(4)</sup> AACPD: Área abaixo da curva de progresso da doença. (<sup>(1)</sup> IMB: bacterial wilt index;

<sup>(2)</sup>INC: incidence; <sup>(3)</sup> PL 50: latency period; <sup>(4)</sup> AACPD: Area below the curve of disease progression)

**Tabela 2.** Estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) para quatro componentes de resistência à murcha bacteriana em 14 genótipos de tomateiro para dois isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum* (Estimation of the effects of general combining ability (CGC) for four bacterial wilt resistance components in 14 tomato genotypes for two isolates of *Ralstonia pseudosolanacearum*). Recife, UFRPE, 2017.

Genótipos ( $\hat{g}_i$ )	Isolado CRM 74				Isolado CRM 77			
	IMB	INC	PL 50	AACPD	IMB	INC	PL 50	AACPD
Yoshimatsu	0,16	2,34	-0,53	1,50	0,07	1,04	-0,51	1,45
Hawaii 7996	-0,16	-2,34	0,53	-1,50	-0,07	-1,04	0,51	-1,45
L04	-0,36	-18,75	-0,53	-2,77	-0,42	-20,83	-0,75	-2,69
L12	-0,39	-17,37	-0,53	-3,04	-0,41	-18,06	-1,08	-2,60
L42	0,04	2,08	-0,42	0,50	0,28	6,94	-0,36	1,99
L49	0,26	9,75	-0,59	2,01	0,05	2,78	-0,02	0,12
L53	0,11	2,08	0,52	0,79	0,06	4,17	0,14	0,83
L79	-0,08	4,86	0,69	-0,89	0,31	6,94	0,31	1,45
L82	-0,09	6,97	0,19	-0,97	0,09	6,94	-0,69	0,95
L120	0,04	-0,70	0,41	0,01	0,13	6,94	0,31	1,35
L125	-0,25	-4,87	1,30	-2,10	-0,21	-4,17	1,09	-1,66
L128	0,32	7,63	-0,98	3,54	-0,09	-1,39	0,92	-1,28
IPA - 6	0,01	3,47	0,25	1,00	0,01	5,56	0,48	-0,38
Santa Clara	0,28	4,86	-0,31	1,94	0,21	4,17	-0,36	1,93

IMB: Índice de murcha bacteriana; INC: incidência; PL 50: período de latência; AACPD: Área abaixo da curva de progresso da doença (IMB: bacterial wilt index; INC: incidence; PL 50: latency period; AACPD: Area below the curve of disease progression)

**Tabela 3.** Estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação (CEC) para quatro componentes de resistência à murcha bacteriana em genótipos de tomateiro para dois isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum* (Estimation of the effects of specific combining capacity (CEC) for four bacterial wilt resistance components in tomato genotypes for two isolates of *Ralstonia pseudosolanacearum*. Recife, UFRPE, 2017.

Genótipos ( $\hat{S}_{ij}$ )	Isolado CRM 74				Isolado CRM 77			
	IMB	INC	PL 50	AACPD	IMB	INC	PL 50	AACPD
YOS x L04	-0,08	-17,16	9,40	-3,13	-0,23	-23,73	9,09	-3,20
YOS x L12	-0,97	-35,22	-6,27	-6,24	-0,91	-34,84	-6,24	-6,29
YOS x L42	0,68	28,67	-1,38	6,85	0,98	40,16	1,04	6,73
YOS x L49	0,88	37,67	1,45	6,71	0,38	19,33	1,70	2,23
YOS x L53	1,03	20,33	1,67	7,52	0,70	34,61	0,54	7,90
YOS x L79	0,22	17,56	4,51	0,62	1,12	31,83	2,37	6,02
YOS x L82	0,11	28,11	2,01	0,88	0,76	23,50	0,37	6,90
YOS x L120	0,35	14,78	4,78	-0,90	0,80	31,83	1,37	7,13
YOS x L125	0,22	27,28	2,90	-0,18	-0,27	9,61	4,92	-3,24
YOS x L128	0,32	14,78	1,17	3,68	0,19	-1,50	5,42	-0,25
YOS x IPA-6	0,79	18,95	2,28	6,85	-0,16	16,55	5,20	-3,14
YOS x SC	1,20	25,89	0,51	10,03	1,22	34,61	-0,96	10,55
HAW x L04	-0,67	-29,14	-7,33	-3,50	-0,76	-29,98	-7,60	-3,31
HAW x L12	0,11	-5,53	8,33	-1,48	-0,02	-7,75	6,40	0,14
HAW x L42	0,18	8,36	3,89	-0,40	0,87	17,25	2,01	5,50
HAW x L49	0,84	30,02	0,39	5,78	0,52	21,42	2,68	2,50
HAW x L53	0,11	16,69	4,61	0,07	0,26	11,69	4,51	-0,33
HAW x L79	0,13	30,58	2,44	0,25	0,84	25,58	3,35	4,04
HAW x L82	0,22	28,47	2,94	-0,31	0,31	33,91	1,35	1,17
HAW x L120	0,51	11,13	1,06	5,35	0,44	25,58	4,35	2,52
HAW x L125	-0,53	-18,03	6,50	-3,80	0,12	3,36	3,90	0,86
HAW x L128	1,65	44,47	-0,89	14,93	0,16	25,58	2,74	-0,61
HAW x IPA-6	0,29	23,63	2,89	1,60	0,90	35,50	1,18	5,87
HAW x SC	0,61	22,25	2,44	2,16	0,36	11,69	4,01	1,44

IMB: Índice de murcha bacteriana; INC: incidência; PL 50: período de latência; AACPD: Área abaixo da curva de progresso da doença (IMB: bacterial wilt index; INC: incidence; PL 50: latency period; AACPD: Area below the curve of disease progression).

YOS: Yoshimatsu; HAW: Hawaii 7996; SC: Santa Clara.

**Tabela 4.** Estimativas associadas às variâncias fenotípica ( $\sigma_F^2$ ), genotípica ( $\sigma_G^2$ ) e ambiental ( $\sigma_E^2$ ), coeficiente de variação genético ( $CV_G$ ), coeficiente de variação ambiental ( $CV_e$ ), coeficiente de variação da razão ( $CV_G/CV_e$ ) e herdabilidade média ( $h_m^2$ ) para quatro componentes de resistência à murcha bacteriana para dois isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum* (Estimates associated with the variances phenotypic ( $\sigma_F^2$ ), genotypic ( $\sigma_G^2$ ), environmental ( $\sigma_E^2$ ), coefficient of genetic variation ( $CV_G$ ), coefficient of environmental variation ( $CV_e$ ), coefficient of variation of the ratio ( $CV_G / CV_e$ ) and heritability ( $h_m^2$ ) for four components of resistance to two isolates of *Ralstonia pseudosolanacearum*). Recife, UFRPE, 2017.

	Caracteres <sup>(1)</sup>							
	CRM 74				CRM 77			
	IMB	INC	PL 50	AACPD	IMB	INC	PL 50	AACPD
$\sigma_F^2$	0,77	417,48	10,25	100,04	0,67	416,87	7,07	69,10
$\sigma_G^2$	0,61	285,23	8,02	88,27	0,45	275,10	4,35	52,45
$\sigma_E^2$	0,16	132,25	2,23	11,77	0,22	141,77	2,72	16,66
$CV_G$ (%)	36,11	21,63	32,55	57,38	31,68	21,35	20,61	52,12
$CV_e$ (%)	31,61	25,51	29,72	36,28	39,11	26,69	28,23	50,60
$CV_G/CV_e$	1,14	0,85	1,10	1,58	0,81	0,80	0,73	1,03
$h_a^2$ (%)	76,65	68,38	78,26	88,24	66,58	65,99	61,53	75,90

<sup>(1)</sup>IMB: Índice de murcha bacteriana; INC: incidência; PL 50: período de latência; AACPD: Área abaixo da curva de progresso da doença (<sup>1</sup>IMB: bacterial wilt index; INC: incidence; PL 50: latency period; AACPD: Area below the curve of disease progression).

## **CONCLUSÕES GERAIS**

---

## CONCLUSÕES GERAIS

- Não houve linhagem que se comportou semelhante às testemunhas de resistência considerando todos os quatro componentes de resistência para todos os três isolados bacterianos utilizados nesse estudo;
- Foi observado que houve variabilidade na agressividade entre os três isolados, onde o isolado CRM 74 apresentou maior agressividade do que os isolados CRM 76 e CRM 77;
- As variáveis: índice de murcha bacteriana, incidência, período de latência e área abaixo da curva de progresso da doença possuem alta correlação genotípica e fenotípica;
- Os grupos formados no dendrograma apresentaram-se em consonância com os resultados de índice de murcha bacteriana e com as diferenças estatísticas observadas no teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade;
- Mesmo não havendo linhagens semelhantes às testemunhas de resistência para todos os quatro componentes de resistência, as linhagens L04, L42, L49, L53, L82, L120, L125 e L128 se destacaram em relação às demais;
- As melhores estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação foram observadas nas linhagens L04 e L12 para IMB, INC e AACPD e nas linhagens L125 e L128 para todas as variáveis;
- As melhores combinações híbridas foram YOS x L04 com ambos os isolados e HAW x L125 com o isolado CRM 74, apresentando as melhores estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação e com um dos genitores com as melhores estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação;
- As variáveis IMB, INC, e AACPD apresentaram os efeitos gênicos aditivos e não aditivos, enquanto a variável PL 50 apresentou apenas os efeitos gênicos não aditivos na expressão do caráter;
- Houve maior influência dos componentes genéticos do que a influência dos componentes ambientais no caráter de resistência, indicando que há condições favoráveis para realizar seleção de genótipos e também de melhoramento para o caráter estudado.



**ANEXOS**

---

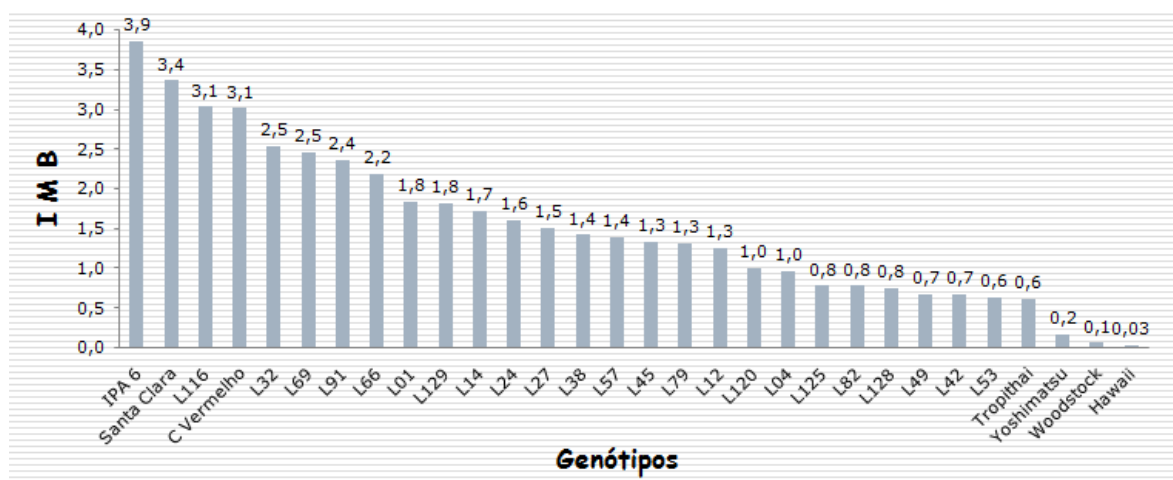
**Tabela 1.** Composição da solução nutritiva. Recife, UFRPE, 2017.

Idade das plantas:	Mudas até 30 dias	30 a 60 dias	Após 60 dias
Fertilizantes	CE 1,0 mS.cm <sup>-1</sup> (g / 1000L)	CE 2,0 mS.cm <sup>-1</sup> (g / 1000L)	CE 2,5 mS.cm <sup>-1</sup> (g / 1000L)
Nitrato de Cálcio	430	640	640
Nitrato de Potássio	250	580	580
MKP	100	190	190
Sulfato de Magnésio	280	420	420
Quelatec A/Z	20	40	40
Cloreto de Potássio	-	-	110
Sulfato de Potássio	-	-	110

**Tabela 2.** Agressividade de três isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum* avaliado pelos componentes de resistência a murcha bacteriana. Recife, UFRPE, 2017.

Isolado	IMB <sup>(1)</sup>	INC (%) <sup>(2)</sup>	PL 50 <sup>(3)</sup>	AACPD <sup>(4)</sup>
CRM 74	1,72 b	68,05 a	10,52 a	9,68 b
CRM 76	1,12 a	61,11 a	12,08 b	5,43 a
CRM 77	1,63 b	63,05 a	10,68 a	9,81 b

<sup>(1)</sup>IMB: índice de murcha bacteriana; <sup>(2)</sup>INC: incidência; <sup>(3)</sup>PL 50: período de latência; <sup>(4)</sup>AACPD: área abaixo da curva de progresso da doença



**Figura 1.** Valores de índice de murcha bacteriana para três isolados de *Ralstonia pseudosolanacearum*. Recife, UFRPE, 2017.

**Tabela 3.** Matriz de distância através da distância de Mahalanobis ( $D^2$ ) entre 30 genótipos de tomateiro inoculados com três os isolados de murcha bacteriana. Recife, UFRPE, 2017.

Genótipo	Genótipo	Distância	Distância (%)
Hawaii 7996	Woodstock	0,007	0,02
L49	L82	0,066	0,22
Yoshimatsu	Hawaii 7996	0,085	0,28
L42	L53	0,103	0,34
L49	L125	0,128	0,43
L45	L57	0,162	0,54
L69	L91	0,168	0,56
L49	L128	0,169	0,56
L01	L24	0,202	0,67
L42	L49	0,217	0,73
L04	L120	0,255	0,85
L32	L69	0,275	0,92
L38	L79	0,285	0,95
L04	L12	0,342	1,15
L14	L45	0,357	1,20
L42	Tropithai	0,373	1,25
L32	L66	0,416	1,39
L04	L42	0,790	2,64
L01	L129	0,884	2,96
L01	L14	1,368	4,58
L116	Santa Clara	1,724	5,77
L01	L38	1,887	6,31
L01	L04	2,039	6,82
L32	Cereja Vermelho	3,035	10,15
L32	L116	3,709	12,41
L01	Yoshimatsu	4,035	13,50
L01	L27	5,025	16,81
L01	L32	8,307	27,79
L01	Ipa-6	29,892	100,00

**Tabela 4.** Híbridos F<sub>1</sub> obtidos em um cruzamento do tipo *Top cross* (2 x 12). Recife, UFRPE, 2017.

	(1) Yoshimatsu	(2) Hawaii 7996
(3) L04	1 x 3	2 x 3
(4) L12	1 x 4	2 x 4
(5) L42	1 x 5	2 x 5
(6) L49	1 x 6	2 x 6
(7) L53	1 x 7	2 x 7
(8) L79	1 x 8	2 x 8
(9) L82	1 x 9	2 x 9
(10) L120	1 x 10	2 x 10
(11) L125	1 x 11	2 x 11
(12) L128	1 x 12	2 x 12
(13) IPA - 6	1 x 13	2 x 13
(14) SC	1 x 14	2 x 14

SC: Santa Clara.