

DJAYRAN SOBRAL COSTA

**HERANÇA DA RESISTÊNCIA À MURCHA BACTERIANA DO TOMATEIRO DOS
GENÓTIPOS YOSHIMATSU E HAWAII 7996**

RECIFE - PE

2019

DJAYRAN SOBRAL COSTA

**HERANÇA DA RESISTÊNCIA À MURCHA BACTERIANA DO TOMATEIRO DOS
GENÓTIPOS YOSHIMATSU E HAWAII 7996**

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 título de Doutor em Agronomia – Melhoramento Genético de Plantas.

COMITÊ DE ORIENTAÇÃO:

Dr. José Luiz Sandes de Carvalho Filho – Orientador – UFRPE

Dra. Rejane Rodrigues da Costa e Carvalho – Coorientadora – UFRPE

Dra. Jacqueline Wanessa de Lima Pereira – Coorientadora – PNP/DF/UFPA

RECIFE – PE

2019

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

C837h Costa, Djayran Sobral.
Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos
genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996 / Djayran Sobral Costa. –
Recife, Recife, 2019.
86 f.: il.

Orientador(a): José Luiz Sandes de Carvalho Filho.
Coorientador(a): Rejane Rodrigues da Costa e Carvalho,
Jacqueline Wanessa de Lima Pereira.

Tese (Doutorado) – Universidade Federal Rural de
Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Agronomia -
Melhoramento Genético de Plantas, Recife, BR-PE, 2019.

Inclui referências.

1. *Solanum Lycopersicum* 2. *Ralstonia solanacearum*
3. *Ralstonia pseudosolanacearum* 4. Controle genético I. Carvalho
Filho, José Luiz Sandes de, orient. II. Carvalho, Rejane Rodrigues da
Costa e, coorient. III. Pereira, Jacqueline Wanessa de Lima, coorient.
IV. Título

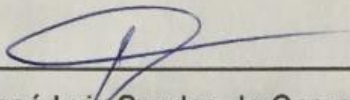
CDD 574

HERANÇA DA RESISTÊNCIA À MURCHA BACTERIANA DO TOMATEIRO DOS
GENÓTIPOS YOSHIMATSU E HAWAII 7996

DJAYRAN SOBRAL COSTA

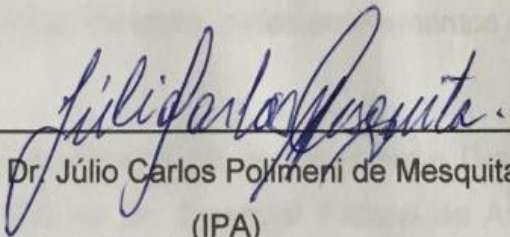
Tese defendida e aprovada pela banca examinadora em: 01/08/2019

ORIENTADOR:

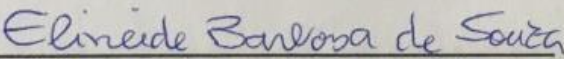


Prof. Dr. José Luiz Sandes de Carvalho Filho
(DEPA/UFRPE)

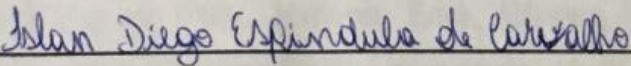
EXAMINADORES:



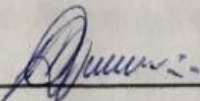
Prof. Dr. Júlio Carlos Polimeni de Mesquita
(IPA)



Prof. Dra. Elineide Barbosa de Souza
(DB/UFRPE)



Prof. Dr. Islan Diego Espindula de Carvalho
(DEPA/UFRPE)



Prof. Dr. Antonio Francisco de Mendonça Júnior
(DEPA/UFRPE)

RECIFE – PE

2019

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus por permanecer ao nosso lado em todos os momentos da vida, nos dando força para não esmorecer e superar os obstáculos.

Aos meus pais Djacy de Melo Costa e Rosilda Sobral Costa pelo amor, estímulo e apoio em todas as etapas da minha vida. Ao meu irmão, primos, amigos e todos familiares pelo apoio e momentos de descontração.

Ao professor Dr. José Luiz Sandes de Carvalho Filho pela orientação durante esse doutorado, sou grato por todos os ensinamentos que me foi dado. Agradeço por todo incentivo, paciência e amizade.

As minhas coorientadoras Dra. Rejane Rodrigues da Costa e Carvalho e Dra. Jacqueline Wanessa de Lima Pereira pelos conselhos e amizade.

Ao professor Dr. Dimas Menezes, pelos ensinamentos durante os cultivos de tomate.

Ao laboratório de Fitobacteriologia, em especial a Dra. Elineide Barbosa de Souza, Dr. Adriano Freire e ao Dr. Emanuel Feitosa de Assunção pelo apoio e amizade.

A meus amigos e parceiros mais próximo, em especial a Gérsia Gonçalves que sempre me ajudou na conclusão dessa tese, a Sergio Rogerio e ao Dr Islan Diego que sempre me aconselhou.

A equipe composta por Elidy, Jordana, Erick, Wesley, Gustavo, Rayhonay, Gabriel, Ana, Suzani, Cristina e Kleiton Danilo, pelo apoio, ajuda e amizade.

Aos técnicos da horta didática da UFRPE, Fabian Santana e Fernando Rocha pelo apoio total durante a condução de meus experimentos. A todos funcionários da horta didática da UFRPE, que não mediram esforços para me ajudar.

A todos os amigos da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), professores, técnicos, alunos do programa, da turma e do NemPE.

OBRIGADO!

OFERECIMENTO

À minha amada mãe.

DEDICATÓRIA

BIOGRAFIA DO AUTOR

Djayran Sobral Costa, filho de Rosilda Sobral Costa e Djaci de Melo Costa, é natural de Garanhuns-PE. Em agosto de 2008, ingressou no Curso de Engenharia Agrônômica da Universidade Federal Rural de Pernambuco, graduando-se em agosto 2013.

No ano de 2011 e 2012 foi bolsista de iniciação científica, sob orientação do professor Dr. Jeandson Silva Viana. Obteve título de Engenheiro Agrônomo em agosto 2013, com a monografia intitulada “Produtividade de Amendoim Sob Formas de Aplicação de Nutrientes e Fitoestimulante”.

No mesmo ano foi selecionado para curso de mestrado em produção agrícola (PGPA) na UFRPE/UAG, sob orientação do prof. Dr. Jeandson Silva Viana, defendendo a dissertação intitulada “Produtividade de genótipos de gergelim sob a influência de fitoestimulante”.

Em julho de 2015. Sendo selecionado para curso de doutorado em Melhoramento Genético de Plantas da Universidade Federal Rural de Pernambuco.

Em 2015.2, iniciou o curso de Doutorado em Melhoramento Genético de Plantas na Universidade Federal Rural de Pernambuco sob orientação do professor Dr. José Luiz Sandes de Carvalho Filho. Em agosto de 2019 defendeu sua tese intitulada “Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996”

LISTA DE SÍMBOLOS E ABREVIATURAS

- IAC** - Instituto Agronômico de Campinas
IPA - Instituto Agronômico de Pernambuco
UFRPE - Universidade Federal Rural de Pernambuco
EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
UFV - Universidade Federal de Viçosa
INPA - Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia
PT - Ponto de Truncagem
rin, nor e alcobaça - Alelos Mutantes
sp - Self Pruning
 V_E - Variância Ambiental
 V_G - Variância Genética
 V_A - Variância Aditiva
 V_D - Variância de Dominância
 h^2_a - Herdabilidade no Sentido Amplo
 h^2_r - Herdabilidade no Sentido Restrito
[a] - Efeitos Gênicos Aditivos
[d] - Efeitos Gênicos Não Aditivos
GMD - Grau Médio de Dominância
 χ^2 - Teste Qui Quadrado

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO II

Tabela 1. Características do isolado utilizado no experimento de herança. Recife/PE, 2019.	43
Tabela 2. Média dos genitores Yoshimatsu (P1), Hawaii 7996 (P2) e das gerações F ₁ , F ₂ , RC ₁₁ , RC ₂₁ ; componentes de média; Grau médio de dominância; χ^2 para teste do modelo aditivo dominante e número de genes em relação a resistência a murcha bacteriana causada por <i>Ralstonia pseudosolanacearum</i> na avaliação de 20 dias após a inoculação. Recife-PE, 2019.	50
Tabela 3. Variâncias dos genitores Yoshimatsu (P1) e Hawaii 7996 (P2) e das gerações F ₁ , F ₂ , RC ₁₁ , RC ₂₁ ; componentes de variância e herdabilidades no sentido amplo e restrito em relação a resistência a murcha bacteriana causada por <i>Ralstonia pseudosolanacearum</i> na avaliação de 20 dias após a inoculação. Recife-PE, 2019.	51
Tabela 4. Resumo das análises de variância, parâmetros genéticos e fenotípicos de 60 famílias F _{2:3} de tomateiro e seus respectivos parentais em relação as notas para murcha bacteriana causada por <i>Ralstonia pseudosolanacearum</i> aos 20 dias após a inoculação. Recife-PE, 2019.....	54
Tabela 5. Agrupamento de médias em relação a notas para murcha bacteriana causada por <i>Ralstonia pseudosolanacearum</i> aos 20 dias após a inoculação em 60 famílias F _{2:3} de tomateiro e seus respectivos parentais. Recife-PE, 2019.....	55
Tabela 6. Testes qui quadrado (χ^2) a 5% de probabilidade para hipóteses do controle genético da resistência a <i>Ralstonia pseudosolanacearum</i> nas cultivares de tomateiro Yoshimatsu e Hawaii 7996 aos 20 dias após a inoculação em 60 progênies F _{2:3} . Recife-PE, 2019.....	58

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO II

Figura 1. Distribuições de frequências para o caráter nota de murcha bacteriana causada por *Ralstonia pseudosolanacearum* em plantas dos genitores Yoshimatsu, Hawaii 7996, as gerações F₁, F₂, RC₁₁, RC₁₂ e a testemunha IPA-7. Recife-PE, 2019.....49

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO III

Tabela 1. Características do isolado utilizado no experimento de herança. Recife/PE, 2019.69

Tabela 2. Média dos genitores Yoshimatsu (P1), Hawaii 7996 (P2) e das gerações F₁, F₂, RC₁₁, RC₂₁; componentes de média; Grau médio de dominância; χ^2 para teste do modelo aditivo dominante e número de genes em relação a resistência a murcha bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* na avaliação de 20 dias após a inoculação. Recife-PE, 2019.76

Tabela 3. Variâncias dos genitores Yoshimatsu (P1) e Hawaii 7996 (P2) e das gerações F₁, F₂, RC₁₁, RC₂₁; componentes de variância e herdabilidades no sentido amplo e restrito em relação a resistência a murcha bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* na avaliação de 20 dias após a inoculação. Recife-PE, 2019.78

Tabela 4. Resumo das análises de variância, parâmetros genéticos e fenotípicos de 60 famílias F_{2:3} de tomateiro e seus respectivos parentais em relação as notas para murcha bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* aos 20 dias após a inoculação. Recife-PE, 2019..... 79

Tabela 5. Agrupamento de médias em relação a notas para murcha bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* aos 20 dias após a inoculação em 60 famílias F_{2:3} de tomateiro e seus respectivos parentais. Recife-PE, 2019.....80

Tabela 6. Testes qui quadrado (χ^2) a 5% de probabilidade para hipóteses do controle genético da resistência a *Ralstonia solanacearum* nas cultivares de tomateiro Yoshimatsu e Hawaii 7996 aos 20 dias após a inoculação em 60 progênies F_{2:3}. Recife-PE, 2019.....83

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO III

Figura 1. Distribuições de frequências para o caráter nota de murcha bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* em plantas dos genitores Yoshimatsu, Hawaii 7996, as gerações F₁, F₂, RC₁₁, RC₁₂ e a testemunha IPA-7. Recife-PE, 2019.....75

SUMÁRIO

RESUMO.....12

ABSTRACT13

CAPÍTULO I14

1.INTRODUÇÃO GERAL.....15

2.REFERENCIAL TEORICO17

2.1. Aspectos gerais sobre a cultura do tomateiro.....17

2.2 Importância socioeconômica da cultura.....20

2.3. Melhoramento genético da cultura do tomateiro no Brasil.....21

2.4. A murcha bacteriana no tomateiro.....23

2.5. Melhoramento de plantas visando a resistência a murcha bacteriana.....26

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS28

CAPÍTULO II36

RESUMO37

ABSTRACT.....38

1.INTRODUÇÃO.....39

2.MATERIAL E MÉTODOS.....	41
3.RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	47
4.CONCLUSÕES.....	59
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	60
CAPÍTULO III.....	63
RESUMO.....	64
ABSTRACT.....	65
1.INTRODUÇÃO.....	66
2.MATERIAL E MÉTODOS.....	67
3.RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	73
4.CONCLUSÕES.....	84
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	85

RESUMO

O tomateiro é uma das oleráceas de maior importância econômica no mercado mundial, tanto em valor como em volume comercializado, no entanto, esta cultura ainda sofre danos significativos devido a incidência da murcha bacteriana, que é uma doença agressiva e de difícil controle. A principal medida de controle dentro de um manejo integrado tem sido a resistência genética. A partir do conhecimento do controle genético da resistência de genótipos é que se torna possível melhorar a eficiência dos programas de melhoramento. Portanto, o objetivo desta pesquisa foi estudar a herança da resistência à murcha bacteriana nos genótipos de tomateiro Yoshimatsu e Hawaii 7996. Para a realização dos cruzamentos e retrocruzamentos foram utilizados como genitores os genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996, ambos resistentes à murcha bacteriana. Os experimentos foram conduzidos na Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), em condições de casa de vegetação para obtenção das gerações (F₁, F₂, F_{2;3}, RC₁₁ e RC₁₂) e no laboratório de bacteriologia para o preparo da suspensão dos inóculos de *Ralstonia solanacearum* e *Ralstonia pseudosolanacearum*. Foram utilizados dois delineamentos estatísticos, um delineamento em blocos casualizados com seis tratamentos (Yoshimatsu, Hawaii 7996, F₁, F₂, RC₁₁ e RC₁₂) em três repetições e outro delineamento utilizando 62 tratamentos (Yoshimatsu, Hawaii 7996 e F_{2;3}). Nos resultados foi possível perceber que a resistência a murcha bacteriana causada pelas duas espécies possui controle genético diferente para as cultivares Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Palavras-chave: *Solanum Lycopersicum*, *Ralstonia solanacearum*, *Ralstonia pseudosolanacearum*, Controle Genético.

ABSTRACT

The tomato is one of the most economically important oleracea in the world market, both in value and in volume, however, this crop still suffers significant damage due to the incidence of bacterial wilt, which is an aggressive and difficult to control disease. The main control measure within integrated management has been genetic resistance. From the knowledge of genetic control of genotype resistance, it is possible to improve the efficiency of breeding programs. Therefore, the objective of this research was to study the inheritance of resistance to bacterial wilt in tomato genotypes Yoshimatsu and Hawaii 7996. For crosses and backcrosses, the genotypes Yoshimatsu and Hawaii 7996, both resistant to bacterial wilt, were used as parents. The experiments were conducted at the Federal Rural University of Pernambuco (UFRPE), under greenhouse conditions to obtain the generations (F₁, F₂, F_{2;3}, RC₁₁ and RC₁₂) and at the bacteriology laboratory for the preparation of the inoculum suspension *Ralstonia solanacearum* and *Ralstonia pseudosolanacearum*. Two statistical designs were used, one randomized block design with six treatments (Yoshimatsu, Hawaii 7996, F₁, F₂, RC₁₁ and RC₁₂) in three replications and another one using 62 treatments (Yoshimatsu, Hawaii 7996 and F_{2;3}). The results showed that the resistance to bacterial wilt caused by the two species has different genetic control for Yoshimatsu and Hawaii 7996 cultivars.

Key words: *Solanum Lycopersicum*, *Ralstonia solanacearum*, *Ralstonia pseudosolanacearum*, Genetic Control.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

CAPÍTULO I

INTRODUÇÃO GERAL E REFERENCIAL TEÓRICO

1. INTRODUÇÃO GERAL

O tomateiro (*Solanum lycopersicon* L.) pertence à família das Solanáceas e 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). Somando a produção mundial, o tomateiro alcançou a marca de 164 milhões de toneladas, em área de 4,7 milhões de hectares, com aproximadamente 80% da produção destinados ao consumo in natura (Faostat 2015).

China é o maior produtor desta hortaliça, com um pouco mais que 50 milhões de toneladas. Em seguida estão os Estados Unidos da América, Índia, Turquia, Egito, Iran e Itália. O Brasil ocupa a oitava posição com aproximadamente quatro milhões de toneladas produzidas, em área de 60 mil hectares, gerando 4,2 bilhões de reais, com 76,2% da produção destinados ao consumo in natura (Faostat 2015). Os maiores produtores no país são São Paulo, Goiás, Minas Gerais e Bahia (IBGE 2016).

No Nordeste do Estado de Pernambuco ocupa a 2ª posição e a nível nacional a 11ª, com produção de aproximadamente 94 mil toneladas (IBGE 2016). Apesar da importância desta cultura, diversos fatores como pragas e doenças causam danos durante o seu ciclo produtivo acarretando em redução da rentabilidade. Neste contexto os patógenos habitantes do solo ganham destaque devido a dificuldade em seu controle enfatizando as bactérias *Ralstonia pseudosolanacearum* e *Ralstonia solanacearum*, causadoras da murcha bacteriana do tomateiro (Santiago et al. 2016).

No Estado de Pernambuco a doença ocorre no Agreste, principalmente nos municípios de Bezerros, Camocim de São Félix, Caruaru, Chã Grande, Garanhuns e Sairé; na Zona da Mata em Vitória de Santo Antão e no Sertão principalmente em Cedro, Mirandiba, São José do Belmonte, Floresta, Belém do São Francisco e Petrolina (Garcia et al. 2013, Silva 2014). As bactérias entram na planta a partir de ferimentos na raiz e sua colonização provoca escurecimento do xilema e murcha das folhas que permanecem verdes (Vasse et al. 1995).

O patógeno entra na planta através de feridas ou microferimentos, tais como os pontos nos quais emergem as raízes secundárias e células parcialmente esfoliadas

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

da camada externa do parênquima, vindo do solo ou transportado pela água, ocorrendo em reboleiras nas partes mais baixas e úmidas do terreno. Seguindo-se a colonização dos vasos lenhosos e, conseqüente obstrução em grande extensão, o que dificulta o fluxo de água e a nutrição da planta (Kurozawa e Pavan, 1997; Liu et. al., 2005).

Entre os tipos de controle existentes o genético é o mais eficiente, porém as cultivares disponíveis não conseguem aliar resistência e qualidades agrônômicas como exemplo do tamanho, firmeza e formato de fruto. Dentro desse contexto, trabalhos que visam melhorar a eficiência de programas de melhoramento devem ser estabelecidos, dentre eles estudar o controle genético da resistência bem como entender os parâmetros genéticos para cada uma das espécies que causam esta doença.

Visando entender a diversidade do complexo *R. solanacearum*, é preciso identificar as fontes de resistência já existentes. No meio acadêmico existem trabalhos que identificam fontes de resistência em germoplasma de tomate. Entre estas existem alguns acessos de *Solanum pimpinelifolium* e até da espécie cultivada *Solanum lycopersicum* (Scott et al. 2005). Na literatura há relatos principalmente das seguintes cultivares resistentes Saturn, Vênus, Caraiba, Hawaii 7996, Hawaii 7997, Hawaii 7998, Yoshimatsu, Drica e CRA-66.

A partir dos estudos sobre o controle genético para a resistência envolvendo as cultivares Yoshimatsu e Hawaii 7996, será possível a partir desse estudo se ter o conhecimento sobre a possível interação alélica entre os genes que controlam essa característica, determinar se são os mesmos genes ou genes diferentes e até mesmo alelos diferentes que controlam essa resistência.

Com isso, o objetivo do presente trabalho foi estudar a herança da resistência a *Ralstonia pseudosolanacearum* e *Ralstonia solanacearum* em tomateiro a partir do cruzamento entre os genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Aspectos gerais sobre a cultura do tomateiro

O tomateiro é do gênero *Solanum* pertencente à família das Solanáceas. A primeira denominação científica do tomateiro 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). Com base em evidências obtidas a partir de estudos filogenéticos utilizando sequência de DNA (Spooner et al. 2005) 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).

Esta última classificação tem sido aceita por maior número de cientistas, propondo juntamente com o tomateiro comercial outras doze espécies silvestres que compõe a seção *Lycopersicon*. É importante ressaltar a importância destas no avanço do melhoramento da espécie cultivada, como doadoras de genes de resistência a estresses bióticos e abióticos (Nick e Silva 2016). Também é amplamente aceito hoje que o ancestral imediato do tomate cultivado tenha sido *S. lycopersicum* var. cerasiforme L, pois apresenta maior similaridade genética com o tomate cultivado do que o outro candidato provável, *S. pimpinellifolium* (Peralta et al. 2006). No gênero *Solanum* todas as treze espécies são diploides, apresentando $2n = 2x = 24$ cromossomos (Carneiro e Vieira 2002).

Após estudos a nível morfológico e molecular o tomateiro foi reconduzido ao gênero *Solanum*, portanto sua taxonomia é a seguinte: divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, ordem Solanales, família Solanaceae, espécie *Solanum lycopersicon* (Nick e Silva 2016).

Por volta do século XVI, na Espanha, o tomateiro foi utilizado por muito tempo de forma ornamental, pois associava-se o fruto do tomateiro ao da mandrágora, que é altamente tóxica devido a presença de alcaloides (Alvarenga 2013). O fruto só passou a ser aceito para consumo em meados do século XVI no sul da Europa e no

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Norte da Europa e Ocidente no final do século XVIII (Harvey et al. 2002). A substância tóxica presente no tomate é a tomatina, que apesar de estar em alta concentração em folhas e frutos verdes, são convertidos em compostos inertes nos frutos maduros (Filgueira 2012).

Segundo Rick e 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 só ocorreu a partir de 1830 passando a ser popular, 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 se descobrir que o fruto de tomate não era venenoso os europeus enviaram o tomate para a China e países do sul e sudeste asiático no século XVII, e para o Japão e os EUA no século XVIII. Até o final do século XIX o tomateiro já era uma planta cultivada e consumida em todo o mundo, em que seus produtos derivados na forma de sopas, molhos, bebidas e ketchup já eram utilizados regularmente. No Brasil, a introdução desta cultura no final do século XIX deve-se a imigrantes europeus (Italianos, Espanhóis e Portugueses) (Harvey et al. 2002).

A planta do tomate possui sistema radicular dividido em raiz principal, secundárias e adventícias. A principal ou pivotante alcança uma profundidade de 1,50 m. As secundárias são estimuladas quando a raiz principal e adventícias sofrem estresses no transplante sendo que, de maneira geral, 70% do sistema radicular se encontram nos primeiros 20 cm da superfície do solo (Puiatti et al. 2010, Alvarenga 2013).

Quanto à sua biologia de reprodução, o tomateiro é classificado como autógama, com flores amarelas hermafroditas ou perfeitas, pendentes e pequenas em forma de cacho, com um tubo de anteras. 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

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

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 estão diretamente ligados com a temperatura ótima. Tanto temperaturas baixas quanto como altas ocasionam abortamento de flores (Filgueira 2012).

Sobre a morfologia da planta, o tomateiro é uma cultura dicotiledônea, herbácea, com caule flexível piloso e macio quando jovem, se tornando fibroso e anguloso com o passar do tempo. As folhas são alternadas e pecioladas, de forma oval a oblonga, compostas de 11 a 32cm de comprimento e por número ímpar de folíolos (Filgueira 2012). A estrutura do tomateiro apresenta porte arbustivo, podendo se desenvolver de forma rasteira, semiereta ou ereta. É uma planta perene, porém devido a sua forma de cultivo é explorada como anual (Puiatti et al. 2010).

O hábito de crescimento do tomateiro segundo pesquisador Rick (1978) citado por Piotto e Peres (2012), é originalmente de hábito de crescimento indeterminado, em que seus ramos vegetativos e reprodutivos se alternam formando unidades simpodiais. Nas cultivares de crescimento indeterminado, cada unidade apresenta três folhas entre duas inflorescências, com o aparecimento do primeiro cacho floral após oito a doze folhas. Nas de crescimento determinado a partir do aparecimento da primeira inflorescência, a quantidade de folhas por unidade vai sendo reduzido, até a formação de duas inflorescências consecutivas, quando todo meristema vegetativo apical se transforma em floral (Pnueli et al. 1998).

O tomateiro apresenta uma flor hermafrodita que possui cleistogamia, possui corola e estames amarelos de pequeno tamanho com diâmetro variando de 1,5 a 2 cm. É uma planta autógama, onde a percentagem de cruzamento natural é, em geral, inferior a 5% (Nick e Silva 2016). Durante a reprodução da cultura do tomate, o período floral, ou o número de dias que precede a 1° inflorescência é controlada por um simples gene, que sofre bastante influência das condições ambientais, principalmente da luz, temperatura e sua interação (Dieleman e Heuvelink 1992).

Segundo Rick (1978) citado por Piotto e Peres (2012) o recurso de crescimento determinado deve-se à presença da mutação recessiva self-pruning (*sp*), cujo alelo

em homozigose recessiva provoca a “auto-poda” (self-pruning), ou seja, a perda da capacidade de continuar formando ramos vegetativos após o florescimento. As cultivares de crescimento indeterminado são condicionadas pelo alelo dominante Self-Pruning (*SP*). Em qualquer tipo de cultivares o florescimento ocorre após a emissão de oito a doze folhas, mas os entrenós das plantas determinadas (*sp*) são 10 a 15% menores que os das plantas indeterminadas (*SP*). O alelo (*sp*), portanto, não altera completamente o padrão de florescimento, mas interrompe a regularidade com a qual as fases reprodutiva e vegetativa se alternam (Pnueli et al. 1998).

Apesar de se adaptar bem a várias situações de cultivo, o ideal para cultura é um clima ameno, com a temperatura entre 20°C a 25°C pelo dia e de 11°C a 18°C pela noite, ressaltando que a temperatura noturna deve ser pelo menos seis graus menor que a diurna. Temperaturas acima de 35° prejudicam o desenvolvimento da planta e a frutificação por proporcionar aborto de flores e queda de frutos novos (Puiatti et al. 2010).

2.2 Importância socioeconômica da cultura

No cenário agrícola, o tomateiro destaca-se entre as hortaliças cultivadas mais apreciadas no mundo, visto que a produção mundial no ano de 2016 gerou US\$ 87.970,55 (FAOSTAT, 2016). O tomateiro pode ser encontrado em todas as regiões tropicais e subtropicais do mundo, na qual os maiores produtores são China com 50,5 milhões de toneladas (ton) (31%), Índia com 18,2 milhões de ton (11%), EUA com 12,5 milhões de ton (8%), Turquia com 11,8 milhões de ton (7%), Egito com 8,5 milhões de ton (5%), Irã com 6,1 milhões de ton (4%), Itália com 4,9 milhões de ton (3%) e Brasil com 4,1 milhões de ton (3%) (FAOSTAT, 2018).

No Brasil, o tomateiro é a segunda hortaliça em importância econômica devido à multiplicidade de seu aproveitamento na alimentação humana, sendo superada apenas pela batata (Silva; Giordano, 2000). Segundo o IBGE (2018) o estado que deteve a maior área cultivada e produção foi Goiás com 14.076 ha plantados e produção de 1.262.701 ton, seguido dos estados de São Paulo com 12.500 ha e 938.800 ton, Minas Gerais com 9.323 ha e 667.420 ton, Bahia com 7.200 ha e 305.000 ton, Paraná com 4.312 ha e 260.643 ton, Santa Catarina com 2.796 ha e 194.694 ton,

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Ceará com 2.575 ha e 120.397 ton, Rio de Janeiro com 2.536 ha e 180.980 ton, Espírito Santo com 2.532 ha e 164.487 t, Rio Grande do Sul com 2.283 ha e 119.034 ton e o estado de Pernambuco com 2.234 ha e 71.754 ton.

2.3 Melhoramento genético da cultura do tomateiro no Brasil

O tomateiro além de ser a segunda solanácea mais difundida no mundo é uma cultura muito estudada e com significativos avanços no melhoramento genético. Tais conquistas se deve grande parte a importância da cultura, a estrutura floral que favorece a hibridação manual, a propagação fácil, dentre várias outras características. Os principais programas de melhoramento da cultura têm buscado, principalmente, maior tempo de pós-colheita dos frutos, maiores ganhos genéticos em caracteres relacionados a produtividade, qualidade de fruto e também resistência à doenças (Nick e Silva 2016).

Acredita-se que foi no período do século XX que se iniciaram os trabalhos de melhoramento genético do tomateiro no Brasil, por meio da imigração europeia, principalmente a Portuguesa e a Italiana, em que houve a introdução e o predomínio das cultivares Rei Humberto, Pera e Perungo. As principais características destes materiais são: frutos carnosos, vermelhos e de tamanho pequeno (Alvarenga 2004).

Na década de 1940 eram presentes no país as seguintes cultivares de tomate: Rei Humberto, Redondo, Moça vermelha, Ponderosa, Margoble, Rio grande, Paulista e Americana (Nick e Silva 2016). Neste período foi lançada também a cultivar Santa Cruz, que foi e é de grande importância para o desenvolvimento do melhoramento e da tomaticultura de mesa no Brasil (Carmo e Caliman 2010).

A partir de 1960 houve o surgimento de algumas empresas públicas como o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e o Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA) que trabalharam na adaptação das cultivares de tomate às exigências do mercadoprodutividade e resistência a estresses bióticos e abióticos. Ao longo do tempo várias empresas privadas também começaram a se engajar no melhoramento do tomate disponibilizando mais tarde várias cultivares importantes (Carmo e Caliman 2010).

Na década de 1990 os produtores começaram a usar cultivares híbridas com maior tempo pós colheita, chamados de tomate longa vida, que proporcionou um aumento na produção em 41% (Melo 2014). Existem dois tipos destes tomates: longa vida estrutural e o longa vida genética. As cultivares longa vida estrutural foram obtidas de forma tradicional com seleção para firmeza do pericarpo. A primeira cultivar longa vida estrutural foi desenvolvida pela Agroflore, sendo denominada de Débora (Nick e Silva 2016). As cultivares longa vida genética são obtidas pela introdução de alelos mutantes (*rin*, *nor* e *alcobaça*). Estes proporcionaram redução na degradação das paredes celulares, na síntese de etileno e carotenoides e na respiração do fruto (Della Vecchia e Koch 2000). Os híbridos longa vida estrutural e genética representam cerca de 55% da comercialização de sementes (Alvarenga et al. 2013).

Dos anos 90 até os dias atuais são inúmeros os desafios para os programas de melhoramento do tomateiro no Brasil. Além das cultivares obtidas, também existem as que têm sido desenvolvidas em outros locais, para serem testadas de maneira eficiente no país. Os melhoristas dos Estados Unidos, Europa e América Latina têm desenvolvido cultivares modernas mais adaptadas a estresses abióticos, resistentes a pragas e doenças e precoces utilizando recursos genéticos de forma eficiente (Maluf 2000).

A universidade do Hawaii - EUA realizou pesquisas objetivando a obtenção de genótipos resistentes a murcha bacteriana, obtendo as cultivares resistentes Hawaii 7996, Hawaii 7997 e Hawaii 7998, todas tem como genitor em comum o acesso PI 127805A pertencente à espécie *Solanum pimpinellifolium*. Destaque para a Hawaii 7996, uma vez que é considerada como padrão internacional de resistência (Lopes et al. 2015). Essa linhagem é uma referência internacional de resistência em virtude de ter se destacado em testes de resistência realizados em diferentes países (Wang et al. 1998). As plantas são de porte indeterminado, com frutos de médio a grandes, vermelhos apresentam boa compatibilidade com cultivares plantadas no Brasil em termos de qualidade de frutos (Cardoso et al., 2006).

O Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia – INPA iniciou na década de 1970 seu programa de melhoramento de tomateiro, cuja abordagem considerou a presença do complexo *R. solanacearum*, com a introdução de genes de resistência

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

ao patógeno provenientes de genótipos não comerciais do estado do Hawaii (EUA) e da Guiana Francesa. Esse programa resultou no lançamento da cultivar denominada Yoshimatsu, originada do cruzamento de IH-40 com UH-7976, apresentando resistência poligênica ao patógeno. Atualmente as pesquisas do INPA vêm sendo conduzidas com o objetivo de melhorar as características agronômicas relacionadas à qualidade do fruto (Menezes 1998, Noda 2007). Essa cultivar desenvolvida pelo Instituto de Pesquisa da Amazônia (INPA) a partir do cruzamento entre IH-40 (IRAT-Guiana Francesa) com UH-7976 (Universidade de Hawaii). As plantas são de porte indeterminado, com frutos médios, pluriloculados e vermelhos (Menezes 1988), não sendo atrativos ao mercado. Apresenta resistência a murcha bacteriana (Albuquerque 2017).

A espécie cultivada de tomateiro apresenta estreita base genética, o que torna a espécie mais suscetível a estresses bióticos. Com isso as cultivares advindas dessa espécie devem apresentar resistência ao maior número de pragas e doenças possíveis, principalmente as de difícil controle, tais como: murcha de fusário, mancha de estenfílio, pinta bacteriana, mancha bacteriana, murcha de verticílio, tospovírus, geminivírus, nematoides e a murcha bacteriana (Embrapa 2006).

A murcha bacteriana é uma das doenças mais importantes do tomateiro. No mercado não existem cultivares com resistência satisfatória e que apresentem boas características agronômicas.

2.4. A murcha bacteriana no tomateiro

A murcha bacteriana, apresenta ampla e crescente gama de hospedeiros, a murcha bacteriana apresenta distribuição mundial, ocorrendo em mais de 54 famílias botânicas, compreendendo mais de 200 espécies de plantas, entre monocotiledôneas e dicotiledôneas (Elphinstone, 2005, Wicker et al. 2012). No Brasil a murcha bacteriana ocorre bastante no Norte, Nordeste, no centro Sul e no extremo Sul, sendo mais frequente em condições elevadas de umidade (do solo e relativa do ar) e temperaturas. As bactérias que causam esta doença em algumas localidades fazem parte da microflora nativa, como em Manaus, São Luiz e Belém (Filgueira 2003).

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

No Brasil, a ocorrência da murcha bacteriana foi nas Regiões Norte, Nordeste e em algumas áreas de cultivo em terras baixas na região Sudeste, principalmente devido à temperatura e umidade muito altas (Lopes 2009). Em 1987 houve relatos da doença no estado de Pernambuco, mas com certeza a presença da doença antecede esta data, restringindo o cultivo de tomateiro, pimentão e berinjela, inclusive na mesorregião da Mata do estado (Mariano et al. 1989).

Atualmente, a doença tem causado grandes prejuízos econômicos nos municípios produtores das mesorregiões do Agreste (Bezerros, Camocim de São Félix, Caruaru, Chã Grande, Garanhuns e Sairé), Zona da Mata (Vitória de Santo Antão) (Garcia et al. 2013; Silva, 2014), Sertão (Cedro, Mirandiba e São José do Belmonte) e Submédio do Vale do São Francisco (Floresta, Belém do São Francisco e Petrolina) (Albuquerque et al. 2017).

A murcha bacteriana é considerada a doença que causa maiores danos no tomateiro, no Brasil é causada por *Ralstonia pseudosolanacearum* e *Ralstonia solanacearum* (Santiago et al. 2016). Para chegar nesta classificação, os agentes causais passaram por várias denominações ao longo do tempo. A primeira classificação foi como *Bacillus solanacearum* por Smith (1896). Em sequência cronológica foram classificadas como: *Bacterium solanacearum* (Chester 1898); *Pseudomonas solanacearum* [(Smith 1896) Smith 1914]; *Phytomonas solanacearum* [(Smith 1896) Bergey et al. 1923]; *Burkholderia solanacearum* [(Smith 1896) Yabuuchi et al. 1992]; até se aceitar definitivamente o gênero *Ralstonia* [(Smith 1896) comb. nov. Yabuuchi et al. 1995, Yabuuchi et al. 1996].

Apesar de ter adotado o gênero que é o utilizado atualmente, as modificações ainda não pararam. *Ralstonia solanacearum* foi definida por um complexo de espécies (Fegan e Prior 2005), quatro filotipos (relacionados à origem geográfica dos isolados), sequevares (59) (Silva 2014), clados (8) (Wicker et al. 2012) e clones (Fegan e Prior 2005).

Com a aplicação de técnicas de sequenciamento de genoma, a partir da análise filogenética da sequência parcial do gene da endoglucanase e região ITS, e de hibridização DNA-DNA, obtiveram a classificação atual que considera as bactérias

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

como espécies independentes a partir do trabalho de Safni et al. (2014). Assim, *Ralstonia pseudosolanacearum* sp. passou a pertencer aos isolados dos filotipos I e III, de origem da Ásia, África e ilhas vizinhas. *Ralstonia solanacearum* passou a compreender às biovars 1, 2, 3, 4 e 5; com subespécies (não determinadas), pelos isolados do filotipo II, de origem do continente americano. E por último *Ralstonia syzigii* subsp. *indonesiensis* que passou a abranger o filotipo IV, com origem na Indonésia e Japão. Vale ressaltar que esta última espécie também causa murcha, mais não está presente no Brasil (Santiago et al. 2016). A classificação atual é apoiada pela comunidade científica internacional, o que pode ser evidenciado pelos trabalhos de Prior et al. (2016) e Zhang e Qiu (2016).

O patógeno causador da murcha bacteriana é um habitante do solo, que penetra na planta através de ferimentos no sistema radicular, multiplicando-se rapidamente em direção ao xilema, e por meio deste vaso ele se espalha por toda a planta. O resultado da colonização é a obstrução dos vasos pelo acúmulo de exopolissacarídeos, bloqueando a translocação de água e nutrientes. Os sintomas principais são o escurecimento do xilema e a murcha repentina sem alteração da coloração verde (Filgueira 2003, Liu et al. 2005, Hikichi et al. 2007, Amorim et al. 2011).

A murcha bacteriana é de difícil controle em relação a outras bacterioses. Assim, diante disso, é necessário realizar um manejo integrado de medidas como: evitar água de irrigação contaminada, manejo da água do solo evitando o encharcamento, evitar ferimentos causados por nematoides, evitar o transporte de partículas do solo contaminada, realizar rotação de culturas, enxertia em porta-enxerto resistente, pulverizações e o uso de cultivares resistentes (Filgueira 2003, Lopes e Quezado Soares 2000, Lopes e Mendonça 2014).

Segundo Lopes (2005) a depender da área de cultivo, em que os solos apresentam um nível elevado de infestação do patógeno, da resistência da cultivar, da umidade do solo e da temperatura, a doença pode aparecer em qualquer fase de desenvolvimento do tomateiro. Em áreas de produção, mesmo na ausência da cultura, os patógenos conseguem sobreviver na rizosfera de plantas daninhas (Lin et al. 2009).

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Os estudos mais atuais relatam que as espécies *Ralstonia solanacearum* e *Ralstonia pseudosolanacearum* foram encontradas nos solos do Brasil e no Estado de Pernambuco (Silva 2014, Santiago et al. 2016). Acredita-se que *Ralstonia solanacearum* possui o Brasil como seu centro de origem, e que a espécie *Ralstonia pseudosolanacearum* está presente no Brasil por introdução advinda da Ásia (Wicker et al. 2012). Dessa forma fica claro a importância do melhoramento de plantas visando resistência a estes patógenos.

2.5. Melhoramento de plantas visando resistência à murcha bacteriana

A ocorrência de doenças em plantas, ocasionadas por bacterioses apresentam um certo nível de dificuldade com relação ao seu controle. Dessa forma a melhor prevenção é evitar solos que tem indícios da presença das bactérias que causam a murcha bacteriana. O emprego de cultivares que apresentam resistência tem sido a forma de controle mais eficiente em virtude do baixo impacto ao meio ambiente, ser de fácil acesso aos produtores e baixo custo quando se compara a insumos químicos (Lopes e Boiteux 2012).

A diversidade genética do gênero *Ralstonia* spp. presente no Brasil é bem grande, em virtude disso, a cada ano que se passa essa bacteriose vem sendo estudada cada vez mais, objetivando buscar cultivares resistentes de forma mais eficiente é necessário levar em consideração que este gênero é composto por 10 sequevares de solanáceas (I-18, IIA-41, IIA-50, IIB-2, IIB-25, IIB-28, IIB-54, IIB-55, IIB-56 e IIB-57), sendo quatro de tomateiro: I-18, IIA-41, IIA-50 e IIB-54 (Rodrigues et al. 2012, Santiago et al. 2016).

Na região Nordeste, também foram detectadas as sequevares I-17 e I-18 (*R. pseudosolanacearum*) e IIA-58 e IIA-59 (*R. solanacearum*), nas mesorregiões Agreste e Zona da Mata do estado de Pernambuco (Silva, 2014). Foram feitos estudos realizados no município de Camocim de São Félix, estado de Pernambuco, avaliando os isolados dessa região, onde foi verificado a predominância da biovar 3 (78%) sobre a biovar 1 (22%) de *R. solanacearum* em tomateiro (Silveira et al. 1999). Ainda na região do semiárido Pernambucano foram encontradas as sequevares I-17 e I-18 de

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Ralstonia pseudosolanacearum, e as sequevares IIA-50, IIA-58 e IIA-59 de *Ralstonia solanacearum* (Albuquerque, 2017).

Baseado em diferentes estudos que foram realizados em várias partes do mundo, com espécies e isolados diferentes, inoculadas muitas vezes juntas, representando condição diferente de cultivo do estado de Pernambuco, concluiu-se que o controle genético da resistência a murcha bacteriana é complexo. Com isso, pressupõem que os isolados individuais destas espécies variam com respeito à epidemiologia e que os controles genéticos para as espécies isoladamente podem diferir (Remenant et al. 2012, Albuquerque 2017). Em virtude da diversidade genotípica e fenotípica dentro do gênero *Ralstonia spp.*, é preciso conduzir programas de melhoramento em razão da espécie predominante, utilizando isolados locais, para representar bem a situação nas fases de triagem a partir da inoculação do patógeno (Lebeau et al. 2011).

Muitos estudos são feitos na identificação de QTLs que controlam a resistência à murcha bacteriana. Hoje, a cultivar Hawaii 7996 é considerada padrão de resistência internacional tendo sido estudada na no mecanismo genético de resistência (Albuquerque 2017). Foram identificados QTLs que controlam a resistência nos cromossomos 6 e 4, que juntos representam 56% da resistência (Thoquet et al. 1996). Os últimos trabalhos identificaram QTLs nos cromossomos 12 (Bwr-12) e 6 (Bwr-6) (Wang et al. 2013).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALBUQUERQUE, G. M. R. Resistência à murcha bacteriana em tomateiro: diversidade de *Ralstonia* spp. em Pernambuco, seleção de acessos silvestres e caracterização genética da resistência. 2017. 121f. Tese (Doutorado em Fitopatologia) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2017.

ALVARENGA, M. A. R. Origem, botânica e descrição da planta. Em: Tomate: produção em campo, casa de vegetação e hidroponia. Lavras-MG, p.11-23, 2013.

ALVARENGA, M. A. R. Tomate: produção em campo, em casa-de-vegetação e em hidroponia. Lavras, MG: UFLA, 2004. 400p.

AMORIM, L.; REZENDE, M. A. J.; BERGAMIN FILHO, A. Manual de fitopatologia: princípios e conceitos. v.1, Agronômica Ceres, 2011. 704 p.

BERGEY DH (Ed.) (1923) Manual of systematic bacteriology: the Proteobacteria. 1 ed. New York: Springer-Verlag, v. 2, 442p.

BRICKELL CD, BAUM BR, HETTERSCHIED, WLA, LESLIE AC, MCNEILL J, TREHANE P, VRUGTMAN F AND WIERSEMA JH (2004) International code of nomenclature of cultivated plants. Acta Horticulturae,.647p.1-123.

CARMO, C. A. S.; CALIMAN, L. F. Clima, época de plantio e cultivar. Em Tomate. INCAPER-ES. p. 121-131. 2010.

CARNEIRO, M.S.; VIEIRA, M.L.C. Mapas genéticos em plantas. Bragantia, v.61, n.2, p. 89-100, 2002.

CARDOSO, S. C.; SOARES, A. C. F.; BRITO, A. S.; CARVALHO, L. A.; PEIXOTO, C. C.; PEREIRA, M. E. C.; GOES, E. Qualidade de frutos de tomateiro com e sem enxertia. Bragantia, Campinas, v. 65, p. 269- 274, 2006.

DELLA VECCHIA, P. T.; KOCH, P. S. Tomates longa vida: o que são, como foram desenvolvidos. Horticultura Brasileira, v.18, p.3-4, 2000.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

DIELEMAN, J. A.; HEUVELINK, E. Factors affecting the number of leaves preceding the first inflorescence in tomato. *Journal of Horticultural Science*, v.67, n.1, p.1-10, 1992.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Embrapa Hortaliças. Sistema de produção: produção de tomate rasteiro ou industrial. Brasília, 2006.

ELPHINSTONE JG (2005) The current bacterial wilt situation: a global overview. in: *Bacterial Wilt Disease and the R. solanacearum Species Complex*. C. Allen, P. Prior, and A. C. Hayward, eds. American Phytopathological Society Press, St. Paul, MN. p.9-28.

FAOSTAT. 2015. Database Results. Disponível em: <<http://apps.fao.org>>. Acesso em: 17 de março de 2017.

FAOSTAT. 2016. Database Results. Disponível em: <<http://apps.fao.org>>. Acesso em: 21 de outubro de 2017.

FAOSTAT. 2018. Database Results. Disponível em: <<http://apps.fao.org>>. Acesso em: 28 de novembro de 2018.

FEGAN M AND PRIOR P (2005) How complex is the *Ralstonia solanacearum* species complex? In: Allen C, Prior C, Hayward AC. (Eds.). *Bacterial wilt disease and the Ralstonia solanacearum species complex*. 2 ed. Saint Paul: APS Press, p. 449-461.

FILGUEIRA, F. A. R. Novo Manual de Olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. 3. ed. rev. e ampl. Viçosa: UFV, 418 p., 2012.

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

FILGUEIRA, F. A. R. Solanáceas: agrotecnologia moderna na produção de tomate, batata, pimentão, pimenta, berinjela e jiló. Lavras – MG, Ed. UFLA, 333p. 2003.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

GARCIA, A. L.; LIMA, W. G.; SOUZA, E. B.; MICHEREFF, S. J.; MARIANO, R. L. R. Characterization of *Ralstonia solanacearum* causing bacterial wilt bell pepper in the state of Pernambuco, Brazil. *Journal of Plant Pathology, Bari*, v. 95, n. 2, p. 237-245, 2013.

HARVEY M, QUILLEY S AND BEYNON H (2002) Exploring the tomato: transformations of nature, society and economy. Cheltenham, UK: Edward Elgar, 324p.

HIKICHI, Y.; YOSHIMUCHI, T.; TSUJIMOTO, S.; SHINOHARA, R.; NAKAHO K.; KANDA, A.; KIBA, A.; OHNISHI, K. Global regulation of pathogenicity mechanism of *Ralstonia solanacearum*. *Plant Biotechnology, Sheffield*, v. 24, n. 1, p. 149-154, 2007.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2016) Levantamento sistemático da produção agrícola (LSPA). Pesquisa mensal de previsão e acompanhamento das safras agrícolas no ano civil. Rio de Janeiro, v. 29, n. 2, p.1-79.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Levantamento Sistemático da Produção Agrícola: tomate. 2018. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1618>>. Acesso em: 28 de novembro de 2018.

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.

LEBEAU A, DAUNAY MC, FRARY A, PALLOIX A, WANG JF.(2011) Bacterial wilt resistance in tomato, pepper, and eggplant: genetic resources respond to diverse strains in the *Ralstonia solanacearum* species complex. *Phytopathology* 101: 154–165.

LIN CH, HSU ST, TZENG KC, WANG JF (2009) Detection of race 1 strains of *Ralstonia solanacearum* in field samples in Taiwan using a BIO-PCR method. *Eur J Plant Pathol* 124:75–85

LIU, H. L.; ZHANG, S. P.; SCHELL, M. A.; DENNY, T. P. Pyramiding, unmarked deletions in *Ralstonia solanacearum* shows that secreted proteins in addition to plant

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

cell-wall degrading enzymes contribute to virulence. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, St. Paul, v. 18, n. 12, p. 1296-1305, 2005.

LOPES, C. A.; BOITEUX, L. S. Melhoramento para resistência a doenças bacterianas. Em: Melhoramento de plantas para condições de estresses bióticos. Editores: FRITSE-NETO, R.; BORÉM, A. Suprema. Viçosa-MG, Editora UFV, P.61-88, 2012.

LOPES CA AND QUEZADO-SOARES AM (2000) Doenças causadas por bactérias em tomate. In: Zambolim L, Vale FXR, Costa H. (ed). Controle de doenças de plantas: hortaliças. Viçosa: UFV, p. 754-784.

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

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

LOPES CA, BOITEUX LS AND ESCHEMBAK V (2015) Eficácia relativa de porta enxertos comerciais de tomateiro no controle da murcha bacteriana. *Horticultura Brasileira* 33: p.125-130.

LOPES CA AND MENDONÇA JL (2014) Enxertia em tomateiro para o controle da murcha-bacteriana. Circular técnica - Embrapa.

MALUF, W. R. Apostila de melhoramento genético do tomate. UFLA, Lavras-MG, 2000.

MARIANO, R. L. R.; MELO, R. A. G.; HOLANDA, V. T.; CABRAL, G. B.; SILVA, M. S. S. G. Levantamento das fitobacterioses do estado de Pernambuco no biênio 1987-1988. *Fitopatologia Brasileira*, Brasília, v. 14, n. 2, p. 158, 1989.

MELO, P. C. T. Anuário HF 2014. *Rev. Campo e negócios*. V. 116, 2014.

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

- Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.
- NAIKA, S.; JEUDE, J. V. L.; GOFFAU, M.; HILMI, M.; VAN DAM, B. A cultura do tomate: produção, processamento e comercialização. Editor: Van Dam, B. Fundação Agromisa e CTA, Wageningen. Tradução: Rob Barnhoorn, 104p., 2006.
- NICK, C.; SILVA, D. J. H. Melhoria de tomate. Em melhoria de hortaliças. Editores: NICK, C.; BORÉM, A. Viçosa – MG. Ed. UFV. p. 396-431. 2016.
- NODA H (2007) Melhoria de hortaliças em climas desfavoráveis: o desafio do desenvolvimento de cultivares adaptadas à Amazônia. In: 47º Congresso Brasileiro de Olericultura, *Anais...* Porto Seguro: ABH, 18p.
- PERALTA IE, KNAPP S AND SPOONER DM (2006) Nomenclature for wild and cultivated tomatoes. Report on Tomato Genetics Cooperative 56: 6-12.
- PIOTTO, PERREZ. Base genética do hábito de crescimento e florescimento em tomateiro e sua importância na agricultura, *Ciência Rural*, Santa Maria, v.42, n.11, p.1941-1946, nov, 2012.
- PNUELI, L. et al. The SELF-PRUNING gene of tomato regulates vegetative to reproductive switching of sympodial meristems and is the ortholog of CEN and TFL1. *Development*, v.125, p.1979-1989, 1998. Disponível em: Acesso em: 28 nov. 2018.
- RICK, C.M. The tomato. *Scientific American*, v.239, p.76- 87, 1978.
- PRIOR, P. BART S., LECLERCQ S., DARRASSE. A, ANAIS G. Resistance to bacterial wilt in tomato as discerned by spread of *Pseudomonas (Burholderia) solanacearum* in the stem tissues. *Plant Pathology*, Oxford, v. 45, n. 4, p. 720-726, 2016.
- PUIATTI, M.; BALBINO, J. M. S.; FONSECA, M. J. O.; RONCHI, C. P. Fisiologia do desenvolvimento do tomateiro. Em *Tomate*. INCAPER-ES. p. 85-119. 2010.
- REMENANT, S.; BABUJEE, L.; LAJUS, A.; MÉDIGUE, C.; PRIOR, P.; ALLEN, C. Sequencing of K60, Type Strain of the Major Plant Pathogen *Ralstonia solanacearum*. *Journal Bacteriology*, Washington, v.194, n. 10, p. 2742-2743, 2012.
- RICK CM AND HOLLE, M. (1990) Andean *Lycopersicon esculentum* var. *cerasiforme*: genetic variation and its evolutionary significance. *Econ. Bot.* 44: 69-78.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

RODRIGUES, L. M. R.; DESTEFANO, S.A. L.; SILVA, M. J.; COSTA, G. G. L.; MARINGONI, A. C. Characterization of *Ralstonia solanacearum* from Brazil using molecular methods and pathogenicity tests. *Journal of Plant Pathology*, Bari, v. 94, n. 3, p. 505-516, 2012.

SCOTT JW, WANG JF AND HANSON P (2005) Breeding tomatoes for resistance to bacterial wilt, a global view. *Acta Horticulture*, 695, p.161-168.

SAFNI, I.; CLEENWERCK, I.; DE VOS, P.; FEGAN, M.; SLY, L.; KAPPLER, U. 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*, Reading, v. 64, n. 9, p. 3087-103, 2014.

SANTIAGO, T. R.; LOPES, C. A.; CAETANO-ANOLLES, G.; MIZUBUTI, E. S. G. Phylotype and sequevar variability of *Ralstonia solanacearum* in Brazil, an ancient centre of diversity of the pathogen. *Plant Pathology*, 2016. Online: <http://dx.doi.org/10.1111/ppa.12586>. Acesso em: 16 maio 2018.

SCHMIT, J. 1978. Microscopic study of early stages of infection by *Pseudomonas solanacearum* E.F.S. on s: vitro grown tomato seedlings. In: *Proceedings of the 4 International Conference on Plant Pathogenic Bacteria*, Angers, 841-856.

SMITH, E. F. A bacterial disease of tomato, pepper, eggplant and Irish potato (*Bacillus solanacearum* nov. sp.). United States Department of Agriculture: Division of Vegetable Physiology and Pathology, *Bulletin*, v. 12, n. 1, p. 1-28, 1896.

SMITH, E. F. (Ed.). *Bacteria in relation to plant disease*. Washington: Carnegie Institution, v. 1, 309p, 1914.

- Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.
- SILVA, J. R. Diversidade de isolados de *Ralstonia solanacearum* das regiões Norte e Nordeste do Brasil. 2014. 48f. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2014.
- SILVA, J.B.C.; GIORDANO, L.B. Produção mundial e nacional. In: Silva, J.B.C. Giordano, L.B. Tomate para processamento Industrial. Brasília: Comunicação para transferência de tecnologia/Embrapa Hortaliças, p. 8-11, 2000.
- SILVEIRA EB, GOMES AMA, FERRAZ E, MARANHÃO EAA AND MARIANO RLR (1999) Identificação de progênies de tomateiro resistentes à murcha-bacteriana. Horticultura Brasileira, Brasília, v. 17, n. 1, p.06-10.
- VASSE, J., FREY, P. & TRIGALET, A. (1995). Microscopic studies of intercellular infection and protoxylem invasion of tomato roots by *Pseudomonas solanacearum*. Mol Plant Microbe Interact 8, 241–251.
- WANG, J. F.; HO, F.I.; TRUONG, H. T. H. Identification og major QTLs associated with stable resistance of tomato cultivar Hawaii 7996 to *Ralstonia solanacearum*. Euphytica, v. 190, p. 241-252, 2013.
- WANG, J.-F., HANSON, P., BARNES, J. A. 1998. Worldwide evaluation of an international set of resistance sources to bacterial wilt in tomato. Pages 269-275 in: Bacterial Wilt Disease. Molecular and Ecological Aspects. P. Prior, C. Allen, and J. Elphinstone, eds. Springer-Verlag, Berlin, Germany.
- WICKER, E.; LEFEUVRE, P.; DE CAMBIAIRE, J. C.; POUSSIER, S.; PRIOR, P. Contrasting recombination patterns and demographic histories of the plant pathogen *Ralstonia solanacearum* inferred from MLSA. International Society for Microbial Ecology Journal, England, v. 6, n. 5, p. 961-974, 2012.
- YABUUCHI, E.; KOSARO, Y.; OYIZU, H.; YANO, I.; HOTTA, H.; HASHIMOTO, Y.; EZAKI, T.; ARAKAWA, M. Proposal of *Burkholderia* gen. nov. and transfer of seven species of the genus *Pseudomonas* homology group II to the new genus, with the type species *Burkholderia cepacia* (Palleroni and Holmes, 1981) comb. nov. Microbiology and Immunology, Tokyo, v. 36, n. 12, p. 1251-1275, 1992.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

YULIAR NION YA, TOYOTA K. Recent trends in control methods for bacterial wilt diseases caused by *Ralstonia solanacearum*. *Microbes Environ.* 30: 1-11, 2015

ZHANG, Y.; QIU, S. Phylogenomic analysis of the genus *Ralstonia* based on 686 single-copy genes. *Antonie van Leeuwenhoek, Switzerland*, v. 109, n. 1, 71-82, 2016.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

CAPÍTULO II

CONTROLE TRIGÊNICO DA RESISTÊNCIA À MURCHA BACTERIANA EM TOMATE

CONTROLE TRIGÊNICO DA RESISTÊNCIA À MURCHA BACTERIANA EM TOMATE

Djayran Sobral Costa¹, Gérsia Gonçalves de Melo¹, Islan Diego de Espindula de Carvalho², Emanuel Feitosa de Assunção¹, Damião Raniere Queiroz¹, Rejane Rodrigues da Costa e Carvalho², José Luiz Sandes de Carvalho Filho²

RESUMO

O tomate é a segunda solanácea mais produzida no mundo sendo consumida in natura ou seco, na forma de molhos ou conservas. Por ser amplamente cultivado, o tomateiro é muito estudado e tem sido foco em diversos programas de melhoramento genético a fim de aumentar a produtividade, qualidade dos frutos e resistência a doenças. Entre as diversas doenças desta cultura, a murcha bacteriana se destaca pelos danos acarretados e impossibilidade de controle químico. Entre as estratégias de controle se destaca a utilização de cultivares resistentes, entretanto, poucos trabalhos na literatura abordam o controle genético destas fontes de resistência. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi estudar a herança genética da resistência a *Ralstonia pseudosolanacearum* nas cultivares de tomate Yoshimatsu e Hawaii 7996 e determinar se os loci de resistência que governam a característica nestes materiais são os mesmos. Os cruzamentos e autofecundações para a obtenção das gerações F₁, F₂, F_{2:3}, RC₁₁ e RC₁₂ foram realizados em casa de vegetação enquanto o preparo da suspensão do inóculo de *Ralstonia pseudosolanacearum* no laboratório de bacteriologia, ambos localizados na Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE). Foram realizados dois experimentos com inoculação de *R. Pseudosolanacearum* utilizando o isolado CRMRS 116, em que no primeiro foram considerados 6 tratamentos (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁₁ e RC₁₂) e no segundo foram consideradas as 60 famílias F_{2:3}, juntamente com os genitores Yoshimatsu (Resistente) e Hawaii 7996 (Resistente). O delineamento experimental foi em blocos casualizados com três repetições e os sintomas e severidade da doença foram mensuradas utilizando uma escala de notas descritiva de 1 a 5. O controle genético da resistência à murcha bacteriana causada por *Ralstonia pseudosolanacearum* é governado por diferentes loci nas duas cultivares, sendo governado por dois genes de efeito maior em homozigose recessiva em Yoshimatsu e um gene com ação de dominância parcial em Hawaii 7996.

Palavras-chave: Controle genético, murcha bacteriana, *Solanum Lycopersicum*

TRIGENIC CONTROL OF BACTERIAL MURCH RESISTANCE IN TOMATO

Djayran Sobral Costa¹, Gérsia Gonçalves de Melo¹, Islan Diego de Espindula de Carvalho², Emanuel Feitosa de Assunção¹, Damião Raniere Queiroz¹, Rejane Rodrigues da Costa e Carvalho², José Luiz Sandes de Carvalho Filho²

ABSTRACT

Tomato is the second most produced solanácea in the world and is consumed fresh or dried, in the form of sauces or preserves. Because tomato is widely cultivated, it has been extensively studied and has been the focus of several breeding programs to increase yield, fruit quality and disease resistance. Among the various diseases of this culture, bacterial wilt stands out for its damage and the impossibility of chemical control. Among the control strategies is the use of resistant cultivars, however, few studies in the literature address the genetic control of these resistance sources. In this sense, the objective of this work was to study the genetic inheritance of resistance to *Ralstonia pseudosolanacearum* in tomato cultivars Yoshimatsu and Hawaii 7996 and to determine if the resistance loci that govern the trait in these materials are the same. Crosses and self-pollinations to obtain the F₁, F₂, F_{2:3}, RC₁₁ and RC₁₂ generations were performed in a greenhouse while the preparation of the suspension of the inoculum of *Ralstonia pseudosolanacearum* in the bacteriology laboratory, both located at the Federal Rural University of Pernambuco (UFRPE). Two experiments were performed with *R. Pseudosolanacearum* inoculation using the CRMrs 116 isolate, in which the first one considered 6 treatments (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁₁ and RC₁₂) and in the second the 60 families F_{2:3} were considered, together with parents Yoshimatsu (Hardy) and Hawaii 7996 (Hardy). The experimental design was in randomized blocks with three replications and the symptoms and severity of the disease were measured using a descriptive scale from 1 to 5. Genetic control of bacterial wilt resistance caused by *Ralstonia psedosolanacearum* is governed by different loci in the two cultivars, being governed by two genes of major effect on recessive homozygosis in Yoshimatsu and one gene with partial dominance in Hawaii 7996.

Key words: Genetic control, bacterial wilt, *Solanum Lycopersicum*

1. INTRODUÇÃO

O tomate *Solanum lycopersicon* L. é uma das plantas hortícolas mais cultivadas em todo mundo sendo amplamente utilizado na culinária de diversos países. Pertencente à família Solanaceae, é uma planta herbácea que cresce de 1 a 3 metros de altura, podendo apresentar hábito de crescimento do tipo determinado ou indeterminado (Kumar, 2018). Considerada uma das mais lucrativas espécies para produção, por atender a diferentes mercados (Maciel et al. 2016).

No Brasil, o cultivo do tomateiro ocupa uma área de 62,675 há, com produção de 4 277 590 toneladas segundo o IBGE (2018). Sendo o estado de São Paulo responsável pela produção de 1.097.937 toneladas com uma área de cultivo de 14,9 mil hectares e o estado de Goiás pela produção 912.976 toneladas em uma área de cultivo de 10,2 mil hectares no ano de 2015. Segundo a Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação, os brasileiros consomem 20,2 kg de tomate/pessoa/ano, comparado a outros países como Grécia, Espanha e Estados Unidos que consomem 105,3; 58,9 e 44,3 kg/pessoa/ano, respectivamente, o consumo per capita no Brasil é relativamente baixo, apesar da expressiva produção (FAOSTAT, 2018).

Esta hortaliça é uma das culturas mais exploradas geneticamente em programas de melhoramento, através de métodos de hibridação e seleção, com fins de obter cultivares com melhores características agronômicas e resistências a fatores bióticos e abióticos (Costa 2017, Mendes 2017). A obtenção de genótipos melhorados para as condições climáticas do Brasil a partir de cultivares nacionais tem sido uma estratégia eficiente, substituindo, em alguns casos, trabalhos relacionados à adaptação de cultivares estrangeiras as condições brasileiras, principalmente entre as tradicionais empresas de sementes (Melo e Vilela 2005; Peixoto et al. 2017).

Um fator biótico que reduz a produção desta hortaliça de grande valor é a murcha bacteriana causada pelo gênero *Ralstonia* spp., em que o patógeno penetra na planta por ferimentos biológicos ou mecânicos e acarreta o escurecimento dos vasos condutores devido o acúmulo de exopolissacarídeos, promovendo murcha das folhas e dos ramos terminais, murcha dos folíolos e epinastia foliar (Nick e Silva 2016). No período chuvoso, esta doença pode proporcionar prejuízos na lavoura de

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

até 100% (Lopes e Duval 2007), estando relacionada principalmente a regiões tropicais devido ao clima quente e úmido (Elphinstone 2005, Denny 2006). No Brasil, as regiões Norte e Nordeste são bastante afetadas, porém, devido ao incremento de áreas sob cultivo protegido, o sul e sudeste vem apresentando este problema (Lopes et al. 2015, Costa 2017).

Os métodos de controle à *Ralstonia* spp. consistem em evitar áreas infestadas e de microflora nativa; evitar transporte de partículas do solo contaminadas, assim como água de irrigação contaminada, incineração de plantas hospedeiras, rotação de culturas, aplicação de esterco, enxertia, pulverizações e o controle genético (Hong Hai et al. 2008).

A utilização de cultivares resistentes é o método mais indicado, porém não existe no mercado materiais que combinem boa resistência e qualidade agrônômica. Para programas de melhoramento o conhecimento da herança da resistência a murcha bacteriana é essencial para o desenvolvimento de cultivares superiores. Na maioria dos trabalhos esta é considerada complexa, apresentando bastante influência do ambiente, da virulência dos isolados locais, do genitor resistente utilizado, e por fim da interação entre todos estes fatores (Akiba et al. 1971, Noda et al. 1986).

Entre as cultivares de tomate caracterizadas como fontes de resistência se destacam a cultivar Yoshimatsu, desenvolvida pelo INPA, que apresenta alta resistência a murcha bacteriana (Nick e Silva 2016) e a cultivar Hawaii 7996 indicada como referência internacional de resistência (Cardoso et al. 2006). No entanto, poucos trabalhos na literatura abordam o controle genético envolvido na resistência apresentada por estes materiais, evidenciando a necessidade de estudos que explorem a relação genética entre estas cultivares para esta característica, visto que diante de resultados que apresentem divergência entre a herança genética destas linhagens, abrem-se uma gama de possibilidades para os programas de melhoramento, como por exemplo o desenvolvimento de novas fontes de resistência.

Diante do exposto, o objetivo do presente trabalho foi estudar a herança genética da resistência a *Ralstonia pseudosolanacearum* nas cultivares de tomate

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Yoshimatsu e Hawaii 7996 e determinar se os loci de resistência que governam a característica nestes materiais são os mesmos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Local e período de implantação dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação situada com latitude de 8°01'02"S e longitude de 34°56'41"O, localizada no departamento de agronomia da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE). O primeiro experimento foi realizado de 27/09/2017 a 16/11/2017, com temperatura média de 26,39°C e umidade relativa média de 70,31%. O segundo experimento foi realizado de 16/07/2018 a 06/09/2018, com temperatura média 27,85°C e umidade relativa média de 73,55%.

2.2. Obtenção das gerações segregantes

De posse das sementes dos genitores (Yoshimatsu e Hawaii 7996), iniciou-se os cruzamentos para a obtenção das gerações (F_1 , F_2 , $F_{2:3}$, RC_{11} e RC_{12}) em casa de vegetação da UFRPE.

Para a obtenção das sementes F_1 foram semeadas 100 plantas de cada genitor em bandejas de poliestireno, e aos 20 dias as mudas foram transplantadas para vasos de 5 litros contendo substrato a base de pó de coco. Na época do florescimento, o cruzamento dos parentais foi realizado da seguinte maneira: Coleta do pólen: O pólen do genitor masculino (Hawaii 7996) foi extraído no dia anterior ao cruzamento, no período da tarde, sendo conservado em câmara fria; Emasculação: No genitor feminino (Yoshimatsu) cada flor foi emasculada em estágio de botões florais (um dia antes da antese), com uma pinça, retirando-se a corola com o cone de anteras, e o cálice também teve suas sépalas removidas (para servir de marcador); Polinização: As flores emasculadas foram polinizadas com auxílio de um pincel, aplicando-se o pólen anteriormente coletado sobre o estigma da flor. Em sequência, foram utilizadas fitas para identificação das flores manualmente polinizadas.

De posse das sementes F_1 , foram semeadas 200 sementes, novamente em bandejas de poliestireno, que ao completar 20 dias foram transplantadas para vasos

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

de 5 litros contendo substrato a base de pó de coco, e por autofecundação natural da geração F_1 foram obtidas as sementes F_2 . Já para a obtenção dos retrocruzamentos (RC_{11} e RC_{12}) foi feito o semeio de 50 sementes F_1 para o cruzamento com o parental 1 (Yoshimatsu) e mais 50 sementes F_1 para o cruzamento com o parental 2 (Hawaii 7996), seguindo a mesma metodologia descrita para obtenção da F_1 .

Por fim, a partir da autofecundação natural da geração F_2 foram obtidas as famílias $F_{2:3}$. Nesta etapa, foram semeadas 300 sementes F_2 e as mudas transplantadas aos 20 dias para vasos de 5 L colhendo-se ao fim do ciclo 300 famílias $F_{2:3}$, das quais foram selecionadas 60 que apresentavam número suficiente de sementes para as próximas etapas da pesquisa.

A condução das gerações foi realizada em casa de vegetação na UFRPE, sendo os cultivos realizados em sistema hidropônico, utilizando irrigação por gotejamento, com a aplicação de fertirrigação de solução nutritiva composta por nutrientes devidamente calculados para atender as necessidades nutricionais do tomate.

Para a obtenção das sementes, todos os frutos provenientes dos cruzamentos e das autofecundações foram colhidos maduros, as sementes foram extraídas manualmente e depositadas em recipientes com água para que a mucilagem que fica envolta das sementes se desprendesse por um processo natural de fermentação. Após três dias de fermentação as sementes foram lavadas em água corrente, secas à sombra e alocadas em tubos Falcon de 15ml e posteriormente armazenadas em geladeira.

2.3. Preparo do isolado bacteriano e inoculação

A semeadura dos progenitores e gerações foi realizada em bandejas de poliestireno expandido de 128 células, contendo substrato comercial Basaplant[®]. Utilizou-se na semeadura três sementes por célula e após a emergência das plântulas foi realizado um desbaste, com o objetivo de estabelecer apenas uma planta por célula. Foram realizadas irrigações e fertirrigações de acordo com a necessidade para a formação de mudas de qualidade.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Aos 21 dias após a semeadura as mudas foram transplantadas para vasos plásticos de 500 ml contendo substrato esterelizado a base de uma mistura de solo e húmus na proporção de 3:1, respectivamente. As plantas com 30 dias após a semeadura foram inoculadas pelo método do corte de raízes, fazendo-se com auxílio de um bisturi um corte semicircular no substrato perto do caule da planta, no qual foram depositados 15 ml da suspensão bacteriana (5×10^8 UFC ml⁻¹) (Felix et al. 2012).

Após a inoculação, as irrigações foram realizadas em recipientes plásticos localizados sob os vasos de 500ml, afim de não drenar o inoculo, e de sempre manter o substrato úmido. As regas foram realizadas 2 a 3 vezes por dia a depender da necessidade.

Para o preparo da suspensão de inoculo, primeiramente o isolado bacteriano utilizado (Tabela 1) foi cultivado em meio TZC modificado (tetracloreto de trifetil tetrazólio) (Kelman 1954), por 48h na temperatura de $30^\circ\text{C} \pm 2^\circ\text{C}$, sendo transferido para meio ágar nutritivo-dextrose-extrato de levedura (NYDA) (10g dextrose, 3g extrato de carne, 5g extrato de levedura, 3g peptona e 18g ágar l⁻¹), e suspenso em água destilada esterilizada (ADE). A suspensão foi ajustada para a concentração de 5×10^8 UFC ml⁻¹ utilizando-se um fotocolorímetro (Analyser 500 M, Brasil).

Tabela 1. Características do isolado utilizado no experimento de herança genética. Recife/PE, 2019.

Isolado	Espécie	Hospedeiro	Região	Biovar	Filotipo/ Sequevar
CRMRS 116	<i>Ralstonia pseudosolanacearum</i>	Tomate	Gravatá/ PE	3	I/18

2.4. Avaliação da murcha bacteriana e variáveis mensuradas

As avaliações foram realizadas no período de 20 dias. A presença de sintomas e severidade da doença foram mensuradas utilizando uma escala de notas descritiva de 1 a 5, adaptada de Nielsen e Haynes (1960), em que:

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

1= ausência de sintomas, 2= plantas com até 1/3 das folhas murchas, 3= plantas com até 2/3 das folhas murchas, 4= plantas totalmente murchas e 5= plantas mortas.

2.5. Delineamento experimental

As gerações P₁, P₂, F₁, F₂, F_{2:3}, RC₁₁ e RC₁₂ foram avaliadas para verificação da resistência a espécie *Ralstonia Pseudosolanacearum* utilizando o isolado CRMRS 116 (tabela 1). Este isolado é representativo dos filotipos/sequevares que ocorrem no estado de Pernambuco e que pertencem a coleção de cultura Rosa Mariano (CCRM), do laboratório de fitobacteriologia da UFRPE.

Foram realizados dois experimentos, em que no primeiro foram considerados 6 tratamentos (P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁₁ e RC₁₂), sendo avaliadas no total 99 plantas de cada genitor e da geração F₁, 180 plantas de cada retrocruzamento e 402 plantas da geração F₂. Além destes tratamentos, foram adicionadas 99 plantas da cultivar IPA-7, apenas como testemunha para patogenicidade do isolado. Os experimentos foram montados utilizando-se o delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições, resultando em 18 parcelas experimentais. Cada unidade experimental foi composta por 33 plantas para cada genitor, para geração F₁ e para a testemunha IPA-7, 60 plantas para cada um dos retrocruzamentos e 134 plantas para a geração F₂.

No segundo experimento, foram consideradas as 60 famílias F_{2:3}, juntamente com os genitores Yoshimatsu (Resistente) e Hawaii 7996 (Resistente), resultando em 62 tratamentos. Neste experimento o delineamento experimental utilizado também foi o de blocos casualizados com três repetições, resultando em 186 parcelas experimentais. Cada unidade experimental foi composta por 5 plantas, totalizando 15 plantas por família em todo experimento.

2.6. Análises genéticas e estatísticas

As análises foram realizadas separadamente para cada experimento. De posse dos dados do primeiro experimento foram gerados gráficos de distribuição de

frequências de notas de murcha bacteriana para cada genitor e geração avaliada. Com as médias e variâncias das seis gerações foram obtidas as estimativas de variância ambiental (V_E), variância genética (V_G), variância aditiva (V_A), variância de dominância (V_D), herdabilidade no sentido amplo (h^2_a), e herdabilidade no sentido restrito (h^2_r) (Ramalho et al 1993). Os efeitos aditivos [a] e não aditivos [d] médios do (s) gene (s) que controla (m) o caráter nota para murcha foram estimados a partir das médias das gerações pelo método dos quadrados mínimos ponderados (Mather e Jinks 1984). Em seguida foi obtido o GMD ($[d] / [a]$) a partir desta última metodologia.

No segundo experimento, foram realizadas as análises de variância com informação dentro de parcelas, para estimar os parâmetros genéticos e fenotípicos e posteriormente foi aplicado o teste de agrupamento de Skoot Knoot a 5% de probabilidade segundo as recomendações de Ferreira (2000).. As análises foram realizadas utilizando o aplicativo Genes (Cruz 2013).

Em ambos experimentos, foi estabelecido como ponto de truncagem (PT) a nota 2, considerando a nota acima da qual se encontrava o maior número de plantas suscetíveis e abaixo do qual se encontrava o maior número de plantas resistentes.

Para a realização da hipótese, foram atendidos os seguintes pressupostos básicos, conforme COSTA (2017):

- a) Distribuição normal dos dados de cada uma das gerações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_{11} e RC_{12});
- b) Para cada um dos genitores (P_1 , P_2) a média e a variância verdadeira foram consideradas igual à respectiva média e variância esperada;
- c) Baseando-se numa distribuição normal, foram estimadas as frequências de plantas dos parentais (P_1 e P_2) iguais ou menores que o ponto de truncagem (PT);
- d) A média da geração F_1 foi admitida como sendo:

$F_1 = (P_1 + P_2)/2 + GMD (P_2 - P_1)/2$; em que P_1 e P_2 são as médias dos respectivos parentais, e GMD os graus médios de dominância presumidos;

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

e) A variância verdadeira para a população F_1 foi admitida como sendo igual à respectiva variância estimada;

f) As frequências esperadas das gerações F_2 , RC_{11} e RC_{12} baseado no modelo de herança monogênica, foram estimadas em função das frequências de P_1 , P_2 e F_1 a seguir:

$$F_2 = (P_1 + 2F_1 + P_2)/4$$

$$RC_{11} = (P_1 + F_1)/2$$

$$RC_{12} = (P_2 + F_1)/2$$

g) As frequências de plantas das seis gerações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_{11} e RC_{12}) \leq PT foram calculadas pela multiplicação das frequências esperadas pelo número total de plantas testadas por cada geração;

h) As frequências esperadas de plantas com média \leq PT foram comparados com seus respectivos valores observados em cada geração. A significância dos desvios foi testada pelo teste qui quadrado (χ^2) a 5% de probabilidade e com cinco graus de liberdade;

i) A significância do valor de qui quadrado (χ^2) obtido leva à rejeição da hipótese de herança monogênica sob o grau de dominância considerado. Por outro lado, a não significância do valor de qui quadrado (χ^2) obtido leva a não rejeição dessa hipótese, admitindo-se a possibilidade de tratar-se de herança monogênica sob o *GMD* considerado.

As hipóteses de controle genético foram elaboradas com base na distribuição fenotípica apresentada pelas progênies $F_{2:3}$, as quais foram testadas pelo teste não paramétrico qui quadrado (χ^2) a 5% de probabilidade, validando o tipo de herança e o número de genes envolvidos na resistência.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na figura 1 observa-se as distribuições de frequências aos 20 dias após a inoculação para notas de murcha bacteriana causada por *Ralstonia pseudosolanacearum* nos genitores, nas gerações F₁, F₂ e na testemunha.

Aos 20 dias após a inoculação, os genitores Yoshimatsu e Hawaii 7996 apresentaram uma frequência de 100% de plantas resistentes a murcha bacteriana, com nota 1, caracterizada pela ausência de sintomas (Figura 1). Esses resultados corroboram com Costa et al (2018) que constataram a mesma porcentagem de plantas da cultivar Yoshimatsu resistentes a murcha, assim como Mendes et al (2018) que trabalhando com Yoshimatsu e Hawaii 7996 observaram a incidência de apenas 2,77% das plantas de ambas cultivares a doença, atendendo ao esperado visto que os genótipos são considerados como padrões de resistência.

A partir dos dados de murcha bacteriana nos genitores, foi estabelecido a nota 2 como um ponto de truncagem, ou seja, o ponto que separa as plantas resistentes das susceptíveis de acordo com a maior frequência de plantas abaixo e acima deste. Plantas resistentes são aquelas que tem nota 1 com ausência de sintomas ou a nota 2 com sintomas que podem ir até 1/3 da planta murcha.

A geração F₁ oriunda do cruzamento entre os dois parentais, apresentou 66% de plantas resistentes com nota 1 e 31% com nota 2. Já na geração F₂, obtida pela autofecundação da geração F₁, observou-se plantas com notas em todos os intervalos, apresentando plantas resistentes com nota 1 e 2 (34%), mas em maior frequência nas notas 3 e 4 (64%). As notas fora do limite superior dos progenitores na população segregante demonstram a ocorrência de segregação transgressiva em direção a suscetibilidade, indicando que a expressão da resistência é governada por mais de um gene, sendo assim de natureza oligogênica ou poligênica e sugerem concomitantemente a atuação de diferentes loci no controle genético da característica em cada progenitor. Resultado semelhante foi encontrado por Lobo, Giordano e Lopes (2005), que observaram segregação transgressiva em populações F₂ obtidas a partir de materiais de tomateiro com diferentes níveis de resistência a mancha bacteriana, que também é uma doença que afeta significativamente a cultura.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Em relação a geração RC₁₁ (F₁ x Yoshimatsu), a mesma apresentou padrão de murcha nas plantas tendendo a resistência, podendo perceber que do total de plantas encontrou-se 94% de plantas resistentes e apenas 3% de plantas mortas. Para o outro retrocruzamento RC₁₂ (F₁ x Hawaii 7996), também houve um padrão de murcha tendendo a resistência, pois foi encontrado um total de 92% de plantas resistentes para apenas 5% de plantas mortas. Nos retrocruzamentos, a cada geração a proporção de lóci em heterozigose reduz 50% em relação a anterior, nesse sentido o reestabelecimento da resistência observado indica forte influência dos locos em homozigose. Esse comportamento também foi observado por Costa et al (2018) em plantas obtidas do retrocruzamento utilizando o genitor Yoshimatsu.

A testemunha IPA-7 confirmou a severidade do isolado CRMRS 116 visto que apresentou um alto padrão de susceptibilidade, em que 100% das plantas apresentaram sintomas de murcha bacteriana. Esta cultivar mostrou 78 plantas com nota 5 ou seja plantas mortas, e 21 plantas com nota 4, apresentando plantas totalmente murchas. Resultados semelhantes foram observados também por Costa et al (2018), em relação ao padrão de suscetibilidade do IPA-7.

De maneira geral, com os resultados obtidos nas gerações, observa-se a aproximação de uma distribuição contínua, principalmente ns F₂, em que as plantas estão distribuídas em todas as notas estabelecidas para escala, indicando que possivelmente a herança da resistência a *R. pseudosolanacearum* na cultivar Yoshimatsu é diferente da herança da resistência governada por Hawaii 7996 e reforçando a ideia de herança oligogênica ou poligênica.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

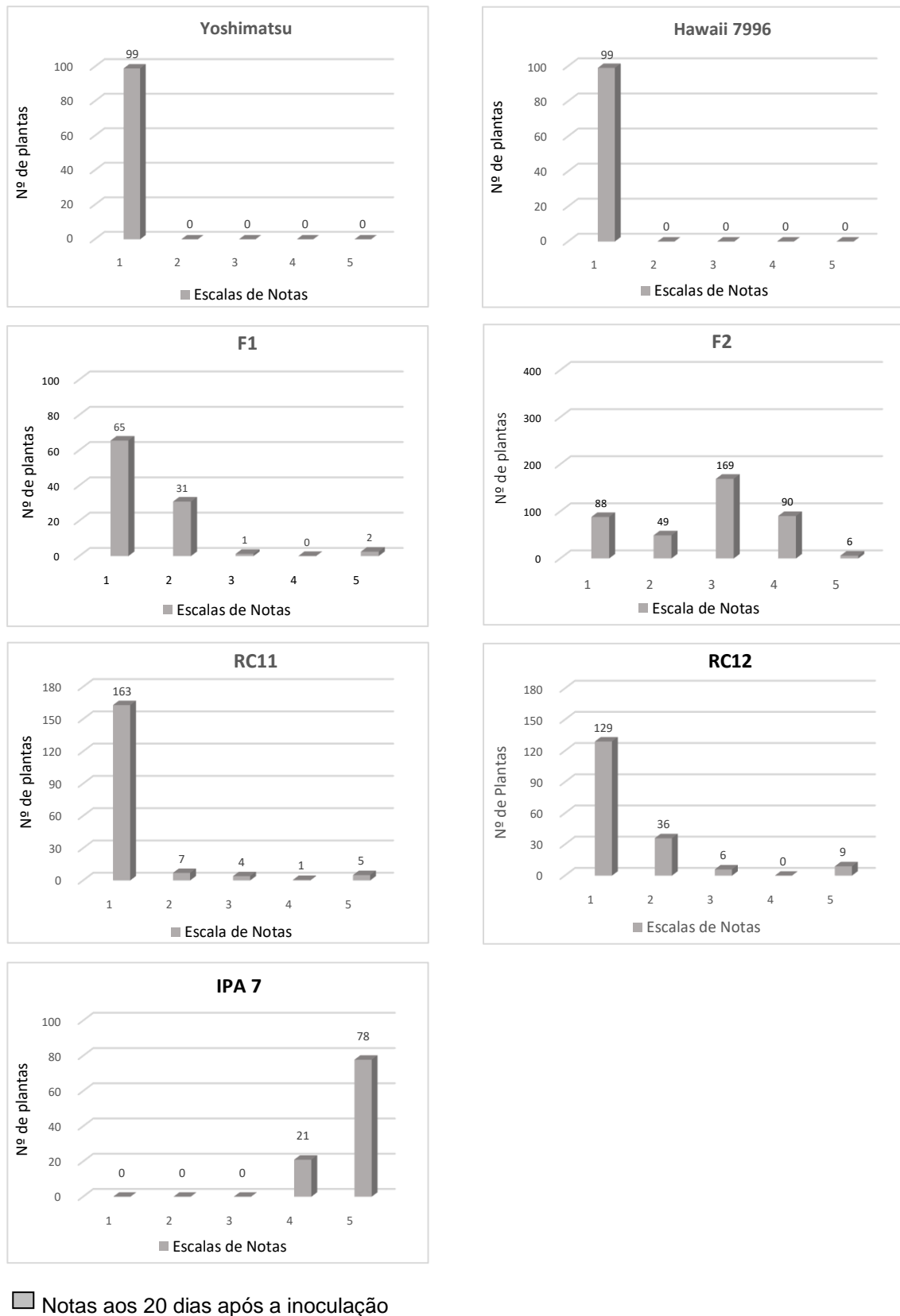


Figura 1. Distribuições de frequências para o caráter nota de murcha bacteriana causada por *Ralstonia pseudosolanacearum* em plantas dos genitores Yoshimatsu, Hawaii 7996, as gerações F₁, F₂, RC₁₁, RC₁₂ e a testemunha IPA-7. Recife-PE, 2019.

Na tabela 2, observa-se os componentes de média aos 20 dias após a inoculação, e é possível perceber que os valores de média dos genitores foram iguais (1,00), a média da geração F₁, (1,1111) se aproxima da média dos genitores resistentes, indicando que o padrão de resistência é bastante influenciado por alelos dominantes em virtude de que na geração F₁ os alelos dominantes se sobrepõem aos recessivos.

A média do efeito gênico não aditivo [*d*] foi superior à média do efeito gênico aditivo [*a*], apontando que o desvio da media se deve principalmente aos loci em heterozigose (Tabela 2). O grau médio de dominância (GMD) encontrado foi superior a 1, o que é característico de interação alélica de sobredominância no sentido da resistência, reforçando a forte atuação dos efeitos não aditivos sobre o desvio da média (Tabela 2).

Tabela 2. Média dos genitores Yoshimatsu (P₁), Hawaii 7996 (P₂) e das gerações F₁, F₂, RC₁₁, RC₂₁; componentes de média; Grau médio de dominância; χ^2 para teste do modelo aditivo dominante em relação a resistência a murcha bacteriana causada por *Ralstonia pseudosolanacearum*. Recife-PE, 2019.

Componentes	Médias
P₁	1,00
P₂	1,00
F₁	1,111
F₂	2,659
RC₁₁	1,038
RC₂₁	1,099
M	1,1919
[a]	-0,0122
[d]	0,3030
GMD	-24,8213
χ^2	0,0028ns

m= média estimada dos genitores; [*a*]= efeito gênico aditivo; [*d*]= efeito gênico não aditivo; χ^2 = qui quadrado para teste do modelo aditivo dominante; GMD= grau médio de dominância; e ns= não significativo.

Na tabela 3, pode-se observar que tanto o parental Yoshimatsu, como o Hawaii 7996 apresentaram variâncias com valor nulo, devido a reação de resistência plena, onde nenhuma planta apresentou sintomas. Nas gerações segregantes observa-se

valores de variância maior do que a dos parentais, mesmo que o cruzamento tenha sido entre indivíduos semelhantes para o caráter resistência, podendo ser justificado pela recombinação de genes característico das gerações e pela distribuição de plantas em todas as notas da escala de avaliação.

A variância ambiental (0,1888) foi baixa, indicando que a variação se deve em maior parte a fatores genéticos, sendo que pode-se inferir ainda que os efeitos aditivos (0,8817) são os principais responsáveis pela variação genotípica (0,9987), uma vez que a variância devido efeitos não aditivos (0,1169) apresentou valor pouco significativo (Tabela 3). Nesse sentido, é possível perceber que os loci em homozigose acarretam maior contribuição na variabilidade genética observada na população.

Tabela 3. Variâncias dos genitores Yoshimatsu (P_1) e Hawaii 7996 (P_2) e das gerações F_1 , F_2 , RC_{11} , RC_{21} ; componentes de variância e herdabilidades no sentido amplo e restrito em relação a resistência a murcha bacteriana causada por *Ralstonia pseudosolanacearum* na avaliação de 20 dias após a inoculação. Recife-PE, 2019.

Componentes	Notas aos 20 dias
V_{P1}	0,00
V_{P2}	0,00
V_{F1}	0,5464
V_{F2}	1,1875
V_{RC11}	0,5777
V_{RC21}	0,9156
V_E	0,1888
V_G	0,9987
V_A	0,8817
V_D	0,1169
h^2_a	84,10
h^2_r	74,25

V_E = variância ambiental; V_G = variância genética; V_A = variância devida aos efeitos aditivos; V_D = variância devida aos efeitos não aditivos; h^2_a = herdabilidade no sentido amplo (%) e h^2_r = herdabilidade no sentido restrito (%).

Tanto a herdabilidade no sentido amplo (84,10%) como a herdabilidade no sentido restrito (74,25%) foram consideradas altas. A herdabilidade é um valor obtido a partir da seleção de plantas em qualquer época de avaliação, e que informa a

confiabilidade da ligação do valor fenotípico com o genotípico (Vencovsky 1987). Características com alta herdabilidade são muito favoráveis para a eficiência da seleção de indivíduos superiores em programas de melhoramento, visto que possuem baixa influência ambiental, reduzindo assim as chances de que bons genótipos sejam mascarados ou genótipos ruins equivocadamente escolhidos, e proporcionam maior segurança da manutenção da característica ao longo das gerações.

Vale salientar que a alta herdabilidade no sentido restrito confirma a maior contribuição da aditividade sobre a característica de resistência e corrobora com Costa et al (2018) que observaram maior incremento dos efeitos gênicos aditivos ao estudar a herança da resistência a murcha bacteriana nas cultivares Yoshimatsu e IPA-7.

Na tabela 4, estão expostos os valores do resumo da análise de variância, parâmetros genéticos e fenotípicos das 60 famílias $F_{2:3}$ de tomateiro em função das notas de murcha bacteriana causada por *Ralstonia pseudosolanacearum*. Por meio do teste F a 1% de probabilidade, foi possível identificar diferenças significativas entre as famílias $F_{2:3}$. A significância indica a existência de variabilidade genética entre as famílias, fator muito favorável para o desenvolvimento de programas de melhoramento.

Partindo do princípio que a variância fenotípica é resultante do somatório dos fatores genéticos com os fatores ambientais e interação destes, através da análise de variância pode-se observar que a variabilidade existente na população $F_{2:3}$ é inerente principalmente aos fatores genéticos. A variância fenotípica total foi de 2,3726 e a variância genética entre as famílias foi 1,9628, indicando alta variabilidade genética e evidenciando que cerca de 83% da variância observada é devido aos fatores genéticos, fato que é ainda reforçado pelo pequeno valor da variância ambiental de 0,0310 (Tabela 4).

A variância fenotípica dentro das famílias foi de 0,3744 e assim como entre famílias pode-se evidenciar maior contribuição genética sobre a expressão fenotípica, quando se observa a variância genética dentro de famílias de 0,3271, ou seja, cerca de 89% da variância fenotípica é inerente fatores genéticos (Tabela 4).

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de média de famílias (98,23%) e em nível de plantas dentro de blocos e dentro de experimento (96,52%) superam aquelas dentro de família (87,37%). Dessa forma, fica evidente que a seleção baseada em famílias e a nível de plantas dentro de blocos e dentro de experimento é mais eficiente do que em plantas dentro de família, porém não descartando este último tipo de seleção (Tabela 4). Segundo Vencovsky (1987) a estimativa do coeficiente de herdabilidade informa a confiabilidade com que o valor fenotípico representa o valor genotípico, ou seja, a acurácia. Não obstante, considerando as altas herdabilidades encontradas, fica notória a alta probabilidade de eficiência na realização de seleção de plantas resistentes a *Ralstonia pseudosolanacearum*, assim como a predição de altos ganhos genéticos.

O coeficiente de variação experimental (CV1) total e o coeficiente de variação experimental entre famílias (CV2) apresentaram valores de 9,83% e 5,32, respectivamente, consistindo em valores baixos e segundo o critério de Ferreira (2000), indicando uma boa precisão experimental (Tabela 4).

O índice CV3/CV2 representa a relação entre o coeficiente de variação genético entre famílias dividido pelo coeficiente de variação experimental entre famílias. O índice CV4/CV2 representa a relação entre o coeficiente de variação genético dentro de famílias dividido pelo coeficiente de variação experimental entre famílias. Ambos parâmetros segundo Vencovsky (1987) indicam viabilidade de se praticar seleção que permitam bons ganhos genéticos. O índice CV3/CV2 e CV4/CV2 apresentaram valores de 7,95 e 3,25, respectivamente, e estas razões bem superiores a 1,0 reforçam o discutido anteriormente, no que tange a contribuição genética significativamente superior a influência ambiental, além de apontar alta variabilidade genética principalmente entre famílias, evidenciando que existe variabilidade suficiente para permitir o melhoramento ea seleção entre e dentro de famílias em relação a murcha bacteriana causada por *Ralstonia pseudosolanacearum* permite bons ganhos.

Tabela 4. Resumo das análises de variância, parâmetros genéticos e fenotípicos de 60 famílias F_{2:3} de tomateiro e seus respectivos parentais em relação as notas para murcha bacteriana causada por *Ralstonia pseudosolanacearum*. Recife-PE, 2019.

Fonte de Variação	Graus de liberdade	Notas aos 20 dias
Blocos	2	1,8178
Famílias	59	29,9728**
Entre famílias	118	0,5296
Dentro de famílias	720	0,3744
Média		3,3088
V_Ftotal		2,3726
V_Fdentro de famílias		0,3744
V_Gentre famílias		1,9628
V_Gdentro de famílias		0,3271
V_Eambiental		0,0310
h² média da família (%)		98,23
h² dentro de família (%)		87,37
h² indivíduo bloco (%)		96,69
h² indivíduo experimento (%)		96,52
CV_e% experimental (CV1)		9,83
CV_{ee}% experimental entre (CV2)		5,32
CV_{ge}% genético entre (CV3)		42,34
CV_{gd}% genético dentro (CV4)		17,28
CV3/CV2		7,95
CV4/CV2		3,25

** : Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F. e entre famílias: CV_{ge} / CV_{ee} . e dentro de famílias: CV_{gd} / CV_{ee} .

Através do agrupamento de médias, pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, foi possível observar a classificação das progênies F_{2:3} e genitores em dois grupos, separando resistentes de suscetíveis (Tabela 5). O primeiro grupo foi formado pelas cultivares Yoshimatsu e Hawaii 7996 e 18 famílias que não diferiram significativamente das cultivares, sendo portanto consideradas resistentes a murcha bacteriana ocasionada por *Ralstonia pseudosolanacearum*, foram estas: 2, 5, 7, 8, 11, 12, 13, 17, 20, 21, 33, 40, 45, 47, 50, 55, 59 e 60. O segundo grupo, correspondeu a 42 famílias que diferiram estatisticamente das cultivares resistentes, sendo portanto classificadas como suscetíveis a *Ralstonia pseudosolanacearum*, foram estas: 1, 3, 4, 6, 9, 10, 14, 15, 16, 18, 19, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 41, 42, 43, 44, 46, 48, 49, 51, 52, 53, 54, 56, 57 e 58.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Tabela 5. Agrupamento de médias em relação a notas para murcha bacteriana causada por *Ralstonia pseudosolanacearum* em 60 famílias F_{2:3} de tomateiro e seus respectivos parentais. Recife-PE, 2019.

Tratamentos	<i>Ralstonia pseudosolanacearum</i>	
	Notas aos 20 dias	
Hawaii 7996 (Resistente)	1,00	a
Yoshimatsu (Resistente)	1,00	a
Família F _{2:3} # 1	4,33	b
Família F _{2:3} # 2	1,00	a
Família F _{2:3} # 3	4,26	b
Família F _{2:3} # 4	4,33	b
Família F _{2:3} # 5	1,00	a
Família F _{2:3} # 6	4,20	b
Família F _{2:3} # 7	1,00	a
Família F _{2:3} # 8	1,00	a
Família F _{2:3} # 9	4,53	b
Família F _{2:3} # 10	4,20	b
Família F _{2:3} # 11	1,00	a
Família F _{2:3} # 12	1,00	a
Família F _{2:3} # 13	1,00	a
Família F _{2:3} # 14	4,06	b
Família F _{2:3} # 15	4,40	b
Família F _{2:3} # 16	4,13	b
Família F _{2:3} # 17	1,00	a
Família F _{2:3} # 18	4,13	b
Família F _{2:3} # 19	4,06	b
Família F _{2:3} # 20	1,00	a
Família F _{2:3} # 21	1,00	a
Família F _{2:3} # 22	4,26	b
Família F _{2:3} # 23	4,00	b
Família F _{2:3} # 24	3,80	b
Família F _{2:3} # 25	4,26	b
Família F _{2:3} # 26	3,73	b
Família F _{2:3} # 27	4,26	b
Família F _{2:3} # 28	4,33	b
Família F _{2:3} # 29	4,33	b
Família F _{2:3} # 30	4,06	b
Família F _{2:3} # 31	4,20	b
Família F _{2:3} # 32	4,13	b
Família F _{2:3} # 33	1,00	a
Família F _{2:3} # 34	4,20	b
Família F _{2:3} # 35	4,06	b
Família F _{2:3} # 36	3,93	b
Família F _{2:3} # 37	4,26	b
Família F _{2:3} # 38	4,13	b

Família F_{2:3} # 39	3,93 b
Família F_{2:3} # 40	1,00 a
Família F_{2:3} # 41	4,53 b
Família F_{2:3} # 42	3,80 b
Família F_{2:3} # 43	4,26 b
Família F_{2:3} # 44	4,00 b
Família F_{2:3} # 45	1,00 a
Família F_{2:3} # 46	4,06 b
Família F_{2:3} # 47	1,00 a
Família F_{2:3} # 48	4,13 b
Família F_{2:3} # 49	4,26 b
Família F_{2:3} # 50	1,00 a
Família F_{2:3} # 51	4,20 b
Família F_{2:3} # 52	4,20 b
Família F_{2:3} # 53	4,13 b
Família F_{2:3} # 54	4,13 b
Família F_{2:3} # 55	1,00 a
Família F_{2:3} # 56	4,06 b
Família F_{2:3} # 57	3,66 b
Família F_{2:3} # 58	4,00 b
Família F_{2:3} # 59	1,00 a
Família F_{2:3} # 60	1,00 a

Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente entre si pelo teste de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

A partir da distribuição fenotípica das 60 progênies F_{2:3} e cogitando que os loci envolvidos na resistência são diferentes entre as cultivares, de acordo com os resultados discutidos, foram estabelecidas as hipóteses de controle genético da resistência. A primeira hipótese testada foi a de um gene, em que a resistência seria promovida em homozigose recessiva advindo da herança genética da cultivar Yoshimatsu, ou homozigose dominante devido contribuição da cultivar Hawaii 7996, em que seria esperada uma segregação fenotípica de 2:2. O teste para esta hipótese apresentou diferenças significativas, indicando que a resistência é governada por mais de um gene (Tabela 6).

A segunda hipótese testada foi para a existência de dois genes, em que semelhante a hipótese anterior, a resistência seria acarretada pela expressão do loco em homozigose recessiva advindo da herança genética da cultivar Yoshimatsu e/ou homozigose dominante devido contribuição da cultivar Hawaii 7996, em que a proporção fenotípica esperada seria 13:17. Neste caso, também foram obtidas diferenças significativas, apontando a atuação de mais de dois genes (Tabela 6).

Em sequência, foi testada a hipótese de três genes, considerando que a resistência seria governada pela expressão de dois genes em homozigose recessiva advindo da herança genética da cultivar Yoshimatsu e/ou homozigose dominante devido contribuição da cultivar Hawaii 7996, em que a segregação fenotípica esperada seria 9:21. Esta hipótese foi confirmada através do teste de qui quadrado (χ^2) com diferenças não significativas na tabela 06 para *R. pseudosolanacearum*.

Diante dos resultados do teste χ^2 , pode-se inferir que a resistência a *R. pseudosolanacearum* nas progênies avaliadas tem caráter oligogênico, sendo resultante da atuação de três genes, sendo dois da contribuição da cultivar Yoshimatsu e condicionados por alelos recessivos, e um caracterizando contribuição da cultivar Hawaii 7996, condicionado por alelos dominantes com efeito de dominância parcial. Esses resultados corroboram com o observado por Costa e colaboradores (2018) que avaliando a resistência da cultivar Yoshimatsu à *R. pseudosolanacearum* apontam a atuação de dois genes de efeito maior em homozigose recessiva como responsáveis pela característica. Não obstante, Grimault e colaboradores (1995) em estudos de herança com a cultivar Hawaii 7996 em relação a resistência a murcha bacteriana também indicam controle genético monogênico dominante, apesar de não observarem efeito parcial da dominância.

Vale salientar que a confirmação da hipótese da herança genética da resistência a *R. pseudosolanacearum* possuir atuação de diferentes loci nas cultivares Yoshimatsu e Hawaii 7996 fornece importantes contribuições aos programas de melhoramento, oferecendo informações que poderão ser exploradas para o desenvolvimento de novas fontes de resistência, que englobem os loci de ambas as cultivares, abrindo possibilidades para o desenvolvimento de cultivares resistentes com menores chances de quebra de resistência pelo patógeno.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Tabela 06. Testes qui quadrado (χ^2) a 5% de probabilidade para hipóteses do controle genético da resistência a *R. pseudosolanacearum* nas cultivares de tomateiro Yoshimatsu e Hawaii 7996 em 60 progênies F_{2:3}. Recife-PE, 2019.

Fenótipos	FO	FE	Genótipos
	1 Gene		
Resistentes	18	30*	AA, aa
Suscetíveis	42	30*	Aa
2 Genes			
Resistentes	18	26*	AABB, aabb, Aabb, AAbb, AABb
Suscetíveis	42	34*	AaBB, aaBb, aaBB, AaBb, AaBB
3 Genes			
Resistentes	18	17.8 ^{ns}	AABBDD, aabbdd, Aabbdd, Aabbdd, AAbbDd, AAbbDD, AABbdd, AABbDd, AABbDd, AABBDd, AABBDd
Suscetíveis	42	42.2 ^{ns}	AaBBDD, aabbDd, aabbDD, aaBbdd, aaBbDd, aaBbDD, aaBBdd, aaBBDD, aaBBDD, AabbDd, AabbDD, AaBbdd, AaBbDd, AaBbDD, AaBBdd, AaBBDD, AaBBDD

Frequência esperada e observada para 1, para 2 genes e para 3 genes com predominância de dominância parcial e/ou recessiva. *= Significativo a 5% de probabilidade. ns= Não significativo a 5% de probabilidade. χ^2 a 5% de probabilidade: 3,84.

4. CONCLUSÕES

A resistência a murcha bacteriana causada por *Ralstonia pseudosolanacearum* possui controle genético diferente nos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996;

A maior contribuição dos efeitos foi devido a variância aditiva, conferindo também maiores efeitos genéticos.

O teste de qui quadrado mostrou que a herança que governa o estudo é formada por três genes, dois recessivos e um dominante em homozigose.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKIBA, F.; SUDO, S.; RIBEIRO, R. L. P.; ROBBS, C. F.; KIMURA, O. O. Observações sobre o comportamento de linhagens de tomate introduzidas, em relação a murcha bacteriana causada por *Pseudomonas solanacearum*. Revista de olericultura, Piracicaba, v. 11, p. 80-81, 1971.

CARDOSO, S. C.; SOARES, A. C. F.; BRITO, A. S.; CARVALHO, L. A.; PEIXOTO, C. C.; PEREIRA, M. E. C.; GOES, E. Qualidade de frutos de tomateiro com e sem enxertia. Bragantia, Campinas, v. 65, p. 269- 274, 2006.

COSTA, K.D.S. 2017. Controle genético da resistência do tomate 'Yoshimatsu' à *Ralstonia pseudosolanacearum* e *Ralstonia solanacearum*. Tese de Doutorado, Universidade Federal Rural do Pernambuco, Recife, Pernambuco. 164p.

COSTA, K. D. S.; SANTOS, A. M. M.; SANTOS, P. R.; NASCIMENTO, M. R.; SILVA, A. M. F.; ALBUQUERQUE, G. M. R.; BATISTA, R. O.; PEREIRA, J. W. L.; FILHO, J. L. S. C. Inheritance of resistance to *Ralstonia pseudosolanacearum* in tomato. Euphytica, 214:137, 2018.

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

DENNY, T. 2006. Plant pathogenic *Ralstonia* species. Pages 573-644 in: Plant-Associated Bacteria. S. S. Gnanamanickam, ed. Springer, Dordrecht, The Netherlands.

ELPHINSTONE, J. G. 2005. The current bacterial wilt situation: a global overview. Pages 9-28 in: Bacterial Wilt Disease and the *Ralstonia solanacearum* Species Complex. C. Allen, P. Prior, and A. C. Hayward, eds. American Phytopathological Society Press, St. Paul, MN.

FAOSTAT. 2018. Database Results. Disponível em: <<http://apps.fao.org>>. Acesso em: 28 de novembro de 2018.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

FERREIRA, P. V. Estatística experimental aplicada a agronomia. 3.ed. rev. e ampl. Maceio: EDUFAL, 2000. 419 p.

FELIX, K. C. S., SOUZA, E. B., MICHEREFF, S. J., E MARIANO R. L. R. 2012. Survival of 458 *Ralstonia solanacearum* in infected tissues of *Capsicum annuum* and in soils of the 459 state of Pernambuco, Brazil. *Phytoparasitica* 40:53-62.

HONG HAI, T.T.; ESCH, E.; WANG, J.F. (2008). Resistance to Taiwanese race 1 strains of *R. solanacearum* in wild tomato germplasm. *Eur J Plant Pathol.* 122: p.471-479.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. Levantamento Sistemático da Produção Agrícola: tomate. 2018. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1618>>. Acesso em: 28 de novembro de 2018.

INMET. 2017. (<http://www.inmet.gov.br/portal/>). Acessado em 16/11/ 2017.

INMET. 2018. (<http://www.inmet.gov.br/portal/>). Acessado em 06/09/ 2018.

KUMAR, P.; RAM, C.N.; SRIOM, J.A.; SHUKLA, R.; BHARGAV, K.K. Genetic variability, heritability and genetic advance for yield and its contributing traits in tomato (*Solanum Lycopersicon* Mill.). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry.* v. 7, n. 2, p. 2097-2101, 2018.

LOPES, C. A.; BOITEUX. L. S. ESCHEMBACK, V. Eficácia relativa de porta enxertos comerciais de tomateiro no controle da murcha bacteriana. *Horticultura Brasileira* 33: 125-130. 2015.

LOPES, C. A; DUVAL, A. M. Q. Epidemiologia e controle das bacterioses das hortaliças. In: ZAMBOLIM, L.; LOPES, C. A; PICANÇO, M. C; COSTA, H. (Eds). *Manejo Integrado de Doenças e Pragas: Viçosa: UFV, 2007. v. 1, p. 115-162.*

MACIEL, G. M.; FERNANDES, M. A. R.; MELO, O. D.; OLIVEIRA, C. S. Potencial agrônômico de híbridos de minitomate com hábito de crescimento determinado e indeterminado. *Horticultura Brasileira.* v. 34, n. 1, p.144-148, 2016.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

MATHER K AND JINKS JL (1982) Biometrical genetics. 3ed. Cambridge: University Press, 396p.

MELO, P.C.T.; VILELA, N.J. 2005. Desafios e perspectivas para a cadeia brasileira do tomate para processamento industrial. Horticultura Brasileira, 23: 154-157.

MENDES, A.Q. 2017. Resistência à murcha bacteriana em linhagens e híbridos de tomateiro. Tese doutorado, Universidade Federal Rural do Pernambuco, Recife. 84p.

MENDES, A. Q.; MENEZES, D.; CARVALHO, I. D. E.; SILVA, A. M. F.; ALVES, A. O.; FILHO, E. F. F.; LIMA, L. B.; MELO, G. G. Identification of Lines of Tomato Resistant to Bacterial Wilt. Journal of Experimental Agriculture International. 24(6): 1-10, 2018.

NICK, C.; SILVA, D. J. H. Melhoramento de tomate. Em melhoramento de hortaliças. Editores: NICK, C.; BORÉM, A. Viçosa – MG. Ed. UFV. p. 396-431. 2016.

NIELSEN L.W, HAYNES F.L, 1960. Resistance in *Solanum tuberosum* to *Pseudomonas 522 solanacearum*. *American Potato Journal* 37, 260-267.

PEIXOTO, J.V.M.; MORAES, E.R.; PEIXOTO, J.L.M; NASCIMENTO AR; NEVES JG. 2017. Tomaticultura: Aspectos morfológicos e propriedades físico-químicas do fruto. Revista Científica Rural, 19: 108-131.

RAMALHO MAP, SANTOS JB AND ZIMMERMANN (1993) Genética quantitativa de plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 271p.

SILVA, J. A. Estimadores de máxima verossimilhança em misturas de densidade normais: uma aplicação em genética. 2003. 60 f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG.

SILVA-LOBO, V. L.; GIORDANO, L. B.; LOPES, C.A. Herança da resistência à mancha-bacteriana em tomateiro. Fitopatologia Brasileira. 30:343-349. 2005.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coordenador). Melhoramento e produção de milho no Brasil. Piracicaba: Fundação Cargill, p. 1370-0214. 1987.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

CAPÍTULO III

CONTROLE GENÉTICO DIVERGENTE PARA A MURCHA BACTERIANA ENTRE AS CULTIVARES DE TOMATE YOSHIMATSU E HAWAII 7996.

CONTROLE GENÉTICO DIVERGENTE PARA A MURCHA BACTERIANA ENTRE AS CULTIVARES DE TOMATE YOSHIMATSU E HAWAII 7996.

Djayran Sobral Costa¹, Gérsia Gonçalves de Melo¹, Islan Diego de Espindula de Carvalho², Jacqueline Wanessa de Lima Pereira³, Elineide Barbosa de Souza², Rejane Rodrigues da Costa e Carvalho², José Luiz Sandes de Carvalho Filho²

RESUMO

O tomate é uma das culturas mais exploradas geneticamente em programas de melhoramento, através de métodos de hibridação e seleção, com fins de obter genótipos com melhores características agrônômicas e resistência a doenças como a murcha bacteriana que causa grandes perdas nos cultivos de tomate. Tentando combater o ataque desse patógeno o objetivo dessa tese foi entender a herança da resistência à *Ralstonia solanacearum* nas gerações obtidas do cruzamento e autofecundações dos genótipos de tomateiro Yoshimatsu e Hawaii 7996. Os cruzamentos e autofecundações para a obtenção das gerações F₁, F₂, F_{2;3}, RC₁₁ e RC₁₂ foram realizados em casa de vegetação enquanto o preparo da suspensão do inóculo de *Ralstonia solanacearum* no laboratório de bacteriologia, ambos localizados na Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE). O delineamento estatístico utilizado foi o de blocos casualizados com seis tratamentos (Yoshimatsu, Hawaii 7996, F₁, F₂, RC₁₁ e RC₁₂) em três repetições em um primeiro experimento e no segundo experimento com 62 tratamentos representados por 60 famílias F_{2;3}, e seus respectivos genitores (Yoshimatsu e Hawaii 7996), em três blocos. A resistência a murcha bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* possui controle genético distinto entre as cultivares, sendo controlado por dois genes de efeito maior em homozigose recessiva em Yoshimatsu e apenas um gene com ação de dominância parcial em Hawaii 7996.

Palavras-chave: Severidade, murcha bacteriana, *Solanum Lycopersicum*

DIVERGENT GENETIC CONTROL FOR BACTERIAL MURCHA BETWEEN TOMATO YOSHIMATSU AND HAWAII 7996 CROPS.

Djayran Sobral Costa¹, Gérsia Gonçalves de Melo¹, Islan Diego de Espindula de Carvalho², Jacqueline Wanessa de Lima Pereira³, Elineide Barbosa de Souza², Rejane Rodrigues da Costa e Carvalho², José Luiz Sandes de Carvalho Filho²

ABSTRACT

Tomato is one of the most genetically exploited crops in breeding programs, through hybridization and selection methods, in order to obtain genotypes with better agronomic characteristics and resistance to diseases such as bacterial wilt that causes large losses in tomato crops. Trying to combat the attack of this pathogen the purpose of this thesis was to understand the inheritance of resistance to *Ralstonia solanacearum* in the generations obtained from the crossing and self-closings of tomato genotypes Yoshimatsu and Hawaii 7996. The crosses and self-pollinations to obtain the F₁, F₂, F_{2:3}, RC₁₁ and RC₁₂ generations were performed in a greenhouse while the preparation of the suspension of the inoculum of *Ralstonia solanacearum* in the bacteriology laboratory, both located at the Federal Rural University of Pernambuco (UFRPE). The statistical design used was randomized blocks with six treatments (Yoshimatsu, Hawaii 7996, F₁, F₂, RC₁₁ and RC₁₂) in three replications in a first experiment and in the second experiment with 62 treatments represented by 60 F_{2:3} families, and their parents (Yoshimatsu and Hawaii 7996) in three blocks. The resistance to bacterial wilt caused by *Ralstonia solanacearum* has distinct genetic control among cultivars, being controlled by two genes of major effect in recessive homozygosis in Yoshimatsu and only one gene with partial dominance action in Hawaii 7996.

Key words: Severity, bacterial wilt, *Solanum Lycopersicum*

1. INTRODUÇÃO

O tomate é uma hortaliça de importância econômica e social para o Brasil. Durante seu ciclo esta planta sofre bastante por fatores bióticos, dentre eles as várias bacterioses, onde merecem destaque *Ralstonia pseudosolanacearum* e *Ralstonia solanacearum* causadoras da murcha bacteriana no Brasil (Santiago et al. 2016).

A murcha bacteriana tem causado sérios danos ao tomateiro no Brasil, principalmente nas regiões Norte e Nordeste. A bactéria entra na planta pelo sistema radicular, sua colonização causa escurecimento no xilema, que contribui para que ocorra uma murcha verde na parte aérea (Wicker et al. 2007). Estes patógenos estão amplamente distribuídos em regiões tropicais, subtropicais e temperadas do mundo (Elphinstone 2005, Denny 2006).

O controle destes patógenos dependem da adoção de medidas preventivas interligadas. Dentre os métodos, o genético é o mais adequado. Porém, não há cultivares de tomate com adequado grau de resistência e com qualidades agrônomicas em relação aos frutos. Dependendo da cultivar resistente os frutos podem rachar, serem pequenos ou de baixa consistência (Lopes e Boiteux 2012). Dessa forma é preciso realizar estudos em relação ao desenvolvimento de novas cultivares.

As cultivares Yoshimatsu e Hawaii 7996 são apontadas como fontes de resistência a murcha bacteriana, entretanto pouco está descrito na literatura sobre o controle genético atuante nestes materiais para esta característica, motivo pelo qual faz-se necessária uma abordagem mais direcionada para o estabelecimento de informações a este respeito, oferecendo assim subsídios para os programas de melhoramento que buscam o desenvolvimento de novas cultivares de tomate resistentes.

Não obstante, o objetivo desta pesquisa foi estudar a herança genética da resistência a *Ralstonia solanacearum* nas cultivares de tomate Yoshimatsu e Hawaii 7996 e determinar se apresentam mesmo controle genético para a característica.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Local e período de implantação dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos no departamento de agronomia da Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), situada com latitude de 8°01'02"S e longitude de 34°56'41"O, localizada. O primeiro experimento foi realizado de 01/11/2018 a 20/12/2018, com temperatura média de 29,55°C e umidade relativa média de 70,62%. O segundo experimento foi realizado de 21/01/2019 a 13/03/2019, com temperatura média 30,11°C e umidade relativa média de 75,28%.

2.2. Obtenção das Gerações Segregantes

De posse das sementes dos genitores (Yoshimatsu e Hawaii 7996), inciou-se os cruzamentos para a obtenção das gerações (F_1 , F_2 , $F_{2:3}$, RC_{11} e RC_{12}) em casa de vegetação da UFRPE.

Para a obtenção da geração F_1 foram semeadas 100 plantas de cada genitor em bandejas de poliestireno, que ao completar 20 dias foram transplantadas para vasos de 5 litros contendo substrato a base de pó de coco. A técnica de cruzamento utilizada para a obtenção dessa geração F_1 foi a seguinte, o pólen do genitor masculino (Hawaii 7996) foi extraído um dia antes no período da tarde, sendo conservado em câmara fria. No genitor feminino (Yoshimatsu) cada flor foi emasculada em estágio de botões florais (um dia antes da antese), com uma pinça, retirando-se a corola com o cone de anteras, onde o cálice em geral também teve suas sépalas removidas (para servir de marcador). Após estas etapas polinizou-se e identificou-se cada flor utilizada.

De posse das sementes da geração F_1 , foram semeadas 200 sementes, novamente em bandejas de poliestireno, que ao completar 20 dias foram transplantadas para vasos de 5 litros contendo substrato a base de pó de coco, que por autofecundação natural da geração F_1 obteve-se a geração F_2 . Já para a obtenção dos restrocruzamentos (RC_{11} e RC_{12}) foi feito o semeio de 50 sementes da geração F_1 para o cruzamento com o parental 1 (Yoshimatsu) e mais 50 sementes da geração F_1 para o cruzamento com o parental 2 (Hawaii 7996).

Por ultimo foi realizado a autofecundação da geração F_2 para a obtenção das famílias $F_{2:3}$, em que foram plantadas 300 plantas F_2 , colhendo-se 300 famílias $F_{2:3}$, destas, 60 famílias foram utilizadas no experimento por apresentarem um maior número de sementes.

Para a obtenção dessas gerações de cruzamento e autofecundação que foi na casa vegetação na UFRPE, os cultivos foram realizados em sistema hidropônico, com irrigação por gotejamento, com a aplicação de uma fertirrigação a partir de uma solução nutritiva com base em nutrientes devidamente calculados para atender as necessidades nutricionais do tomate.

Para a obtenção das sementes, todos os frutos provenientes dos cruzamentos e das autofecundações foram colhidos maduros, as sementes foram extraídas manualmente com auxílio de colheres, logo após a retirada das sementes as mesmas foram colocadas em recipientes com água para uma fermentação com intuito de se retirar a mucilagem que fica envolta da sementes, após uns três dias de fermentação as sementes lavadas em água corrente, secas à sombra e armazenadas em tubo Falcon de 15ml com posterior armazenamento em geladeira.

2.3. Implantação e condução dos experimentos

Para os experimentos que foram avaliados com a bactéria, foi feito a semeadura em bandejas de poliestireno expandido de 128 células, contendo substrato comercial Basaplant[®]. Cada célula possui o volume aproximado de 40 ml. Utilizou-se na semeadura três sementes por célula e após a emergência das plântulas foi realizado um desbaste, com o objetivo de estabelecer apenas uma planta por célula. Foram realizadas irrigações e fertirrigações de acordo com a necessidade para a formação de mudas de qualidade.

Aos 21 dias da semeadura as mudas foram transplantadas para vasos plásticos de 500 ml contendo substrato esterelizado a base de uma mistura de solo e húmus na proporção de 3:1, respectivamente. As plantas com 30 dias da semeadura foram inoculadas pelo método do corte de raízes, fazendo-se com auxílio de um bisturi um corte semicircular no substrato perto do caule da planta, no qual foram depositados 15 ml da suspensão bacteriana (5×10^8 UFC ml⁻¹) (Felix et al. 2012).

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Após a inoculação as irrigações foram realizadas em recipientes plásticos localizados sob os vasos de 500ml, afim de não drenar o inoculo, e de sempre manter o substrato úmido. Foram realizadas 2 a 3 vezes por dia a depender da necessidade.

Para o preparo da suspensão de inoculo, primeiramente os isolados bacterianos utilizados foram extraídos de um meio de conservação em água. Posteriormente foram cultivados em meio TZC modificado (tetracloro de trifetil tetrazólio) (Kelman 1954), por 48h na temperatura de $30^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$, sendo transferida para meio ágar nutritivo-dextrose-extrato de levedura (NYDA) (10g dextrose, 3g extrato de carne, 5g extrato de levedura, 3g peptona e 18g ágar l^{-1}), suspensa em água destilada esterilizada (ADE). A suspensão foi ajustada para a concentração de 5×10^8 UFC ml^{-1} utilizando-se um fotocolorímetro (Analyser 500 M, Brasil).

Tabela 1. Característica do isolado utilizado nos experimentos com as gerações segregantes e autofecundação. Recife/PE, 2019.

Isolado	Espécie	Hospedeiro	Região	Biovar	Filotipo/ Sequevar
CRMRs185	<i>Ralstonia solanacearum</i>	Tomate	Petrolina/ PE	1	IIA/50

2.4. Avaliação da murcha bacteriana e variáveis mensuradas

As avaliações foram realizadas no período de 20 dias, de dois em dois dias, sendo utilizado nos estudos apenas os dados do 20º dia após a inoculação. A presença de sintomas e severidade da doença foi mensurada com o auxílio de escala de notas descritiva de 1 a 5, adaptada de Nielsen e Haynes (1960), em que:

1= ausência de sintomas, 2= plantas com até 1/3 das folhas murchas, 3= plantas com até 2/3 das folhas murchas, 4= plantas totalmente murchas e 5= plantas mortas.

2.5. Delineamento experimental dos experimentos

Foram realizados dois experimentos, em que no primeiro as gerações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_{11} e RC_{12}) constituindo seis tratamentos, foram avaliadas para verificação da resistência a espécie *Ralstonia solanacearum*, utilizando o isolado CRMRs 185 (tabela 1). Este isolado é representativo dos filotipos/sequevares que ocorrem no estado de

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Pernambuco e que pertencem a coleção de cultura Rosa Mariano (CCRM), do laboratório de fitobacteriologia da UFRPE.

No primeiro experimento foram avaliadas no total 99 plantas de cada genitor, a geração F_1 e a testemunha IPA-7 (utilizada apenas como testemunha de patogenicidade), 180 plantas de cada retrocruzamento e 402 plantas da geração F_2 . Os experimentos foram montados utilizando-se o delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições, resultando em 18 parcelas experimentais. Cada unidade experimental foi composta por 33 plantas para cada genitor, a geração F_1 e a testemunha IPA-7, 60 plantas para cada um dos retrocruzamentos e 134 plantas para a geração F_2 .

No segundo experimento, foram utilizadas 60 famílias $F_{2:3}$, juntamente com os genitores Yoshimatsu (Resistente) e Hawaii 7996 (Resistente), totalizando 62 tratamentos. Estes também foram avaliados para verificação da resistência a espécie *Ralstonia solanacearum*. O experimento foi montado utilizando-se o delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições, resultando em 186 parcelas experimentais. Cada unidade experimental foi composta por 5 plantas, totalizando 15 plantas por família em todo experimento.

2.6. Análises genéticas e estatísticas

As análises foram realizadas separadamente para cada experimento. De posse dos dados foram gerados gráficos de distribuição de frequências de notas de murcha bacteriana para cada genitor e geração avaliada. Com as médias e variâncias das seis gerações foram obtidas as estimativas de variância ambiental (V_E), variância genética (V_G), variância aditiva (V_A), variância de dominância (V_D), herdabilidade no sentido amplo (h^2_a), e herdabilidade no sentido restrito (h^2_r) (Ramalho et al 1993). Os efeitos aditivos [a] e não aditivos [d] médios do (s) gene (s) que controla (m) o caráter nota para murcha foram estimados a partir das médias das gerações pelo método dos quadrados mínimos ponderados (Mather e Jinks 1984). Em seguida foi obtido o GMD ($[d] / [a]$) a partir desta última metodologia.

Foi estabelecido como ponto de truncagem (PT) a nota 2, considerando a nota acima da qual se encontrava o maior número de plantas suscetíveis e abaixo do qual se encontrava o maior número de plantas resistentes.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Para a realização da hipótese, foram atendidos os seguintes pressupostos básicos: conforme COSTA (2017):

a) Distribuição normal dos dados de cada uma das gerações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_{11} e RC_{12});

b) Para cada um dos genitores (P_1 , P_2) a média e a variância verdadeira foram consideradas igual à respectiva média e variância esperada;

c) Baseando-se numa distribuição normal, foram estimadas as frequências de plantas dos parentais (P_1 e P_2) iguais ou menores que o ponto de truncagem (PT);

d) A média da geração F_1 foi admitida como sendo:

$F_1 = (P_1 + P_2)/2 + GMD (P_2 - P_1)/2$; em que P_1 e P_2 são as médias dos respectivos parentais, e GMD os graus médios de dominância presumidos;

e) A variância verdadeira para a população F_1 foi admitida como sendo igual à respectiva variância estimada;

f) As frequências esperadas das gerações F_2 , RC_{11} e RC_{12} baseado no modelo de herança monogênica, foram estimadas em função das frequências de P_1 , P_2 e F_1 a seguir:

$$F_2 = (P_1 + 2F_1 + P_2)/4$$

$$RC_{11} = (P_1 + F_1)/2$$

$$RC_{12} = (P_2 + F_1)/2$$

g) As frequências de plantas das seis gerações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_{11} e RC_{12}) \leq PT foram calculadas pela multiplicação das frequências esperadas pelo número total de plantas testadas por cada geração;

h) As frequências esperadas de plantas com média \leq PT foram comparados com seus respectivos valores observados em cada geração. A significância dos desvios foram testados pelo teste qui quadrado (χ^2) a 5% de probabilidade e com cinco graus de liberdade;

i) A significância do valor de qui quadrado (χ^2) obtido leva à rejeição da hipótese de herança monogênica sob o grau de dominância considerado. Por outro lado, a não significância do valor de qui quadrado (χ^2) obtido leva a não rejeição dessa hipótese, admitindo-se a possibilidade de tratar-se de herança monogênica sob o *GMD* considerado.

As hipóteses de controle genético foram elaboradas com base na distribuição fenotípica apresentada pelas progênes $F_{2:3}$, as quais foram testadas pelo teste não paramétrico qui quadrado (χ^2) a 5% de probabilidade, validando o tipo de herança e o número de genes envolvidos na resistência.

Para o experimento foi realizado a análise de variância com informação dentro de parcelas, e aplicado o teste de agrupamento de Skoot Knoot a 5% de probabilidade segundo as recomendações de Ferreira (2000). Também foram estimados os parâmetros genéticos e fenotípicos a partir das análises de variância. As análises foram realizadas utilizando o aplicativo Genes (Cruz 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na figura 1, observa-se as distribuições de frequências aos 20 dias após a inoculação para notas de murcha bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* nos genitores, em todas as gerações e na testemunha.

Os genitores Yoshimatsu e Hawaii 7996 apresentaram o mesmo comportamento para as duas espécies, tendo uma frequência de 100% de plantas resistentes a murcha bacteriana, com nota 1 aos 20 dias após a inoculação. Deste modo, foi estabelecido o mesmo ponto de truncagem (nota 2) na avaliação desta espécie, pois esta nota continuou separando a maior frequência de plantas resistentes e susceptíveis

A geração F₁ apresentou 80% das plantas resistentes com nota 1 aos 20 dias após a inoculação. Na geração F₂ observa-se aproximação de uma distribuição contínua, com plantas em todas as escalas e níveis de resistência, demonstrando segregação transgressiva e influência de mais de um gene, além disso, indicando que possivelmente o controle genético da resistência a *R. solanacearum* na cultivar Yoshimatsu é governado por locos diferentes da cultivar Hawaii 7996, justificando assim a ocorrência de indivíduos suscetíveis a partir do cruzamento de dois parentais resistentes. Nesta geração foram observadas que 44% das plantas que se mostraram resistentes com nota 1 e 2, para 56% de plantas com nota 3 e 4.

Diante do explanado, fica evidente que com o avanço da doença, mais precisamente aos 20 dias, pode-se observar uma quebra da resistência a qual possivelmente deve-se a efeitos epistáticos entre os genes que governam o caráter de resistência nos genitores.

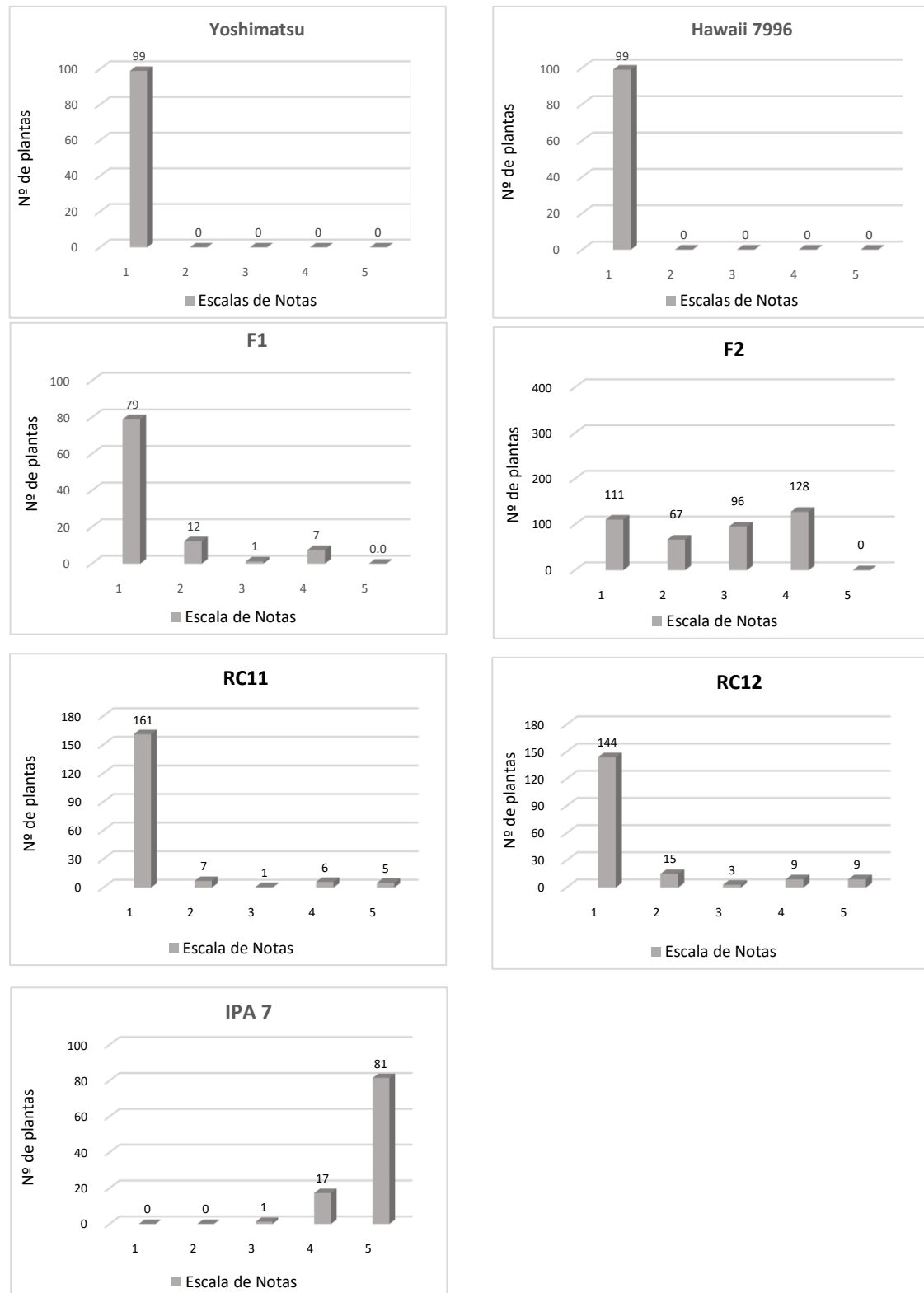
Não obstante, a herança da resistência a *R. solanacearum* nas cultivares Yoshimatsu e Hawaii 7996 indica ser oligogênica ou poligênica e corrobora com os resultados observados por Costa et al (2018) no estudo deste mesmo caráter, com exceção da epistasia que não foi observada pelos autores, que no entanto, avaliaram genótipos contrastantes para a característica de resistência, sendo estes Yoshimatsu (resistente) e IPA-7 (suscetível).

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Em relação a geração RC₁₁ (Yoshimatsu x F₁), a mesma apresentou padrão de murcha nas plantas tendendo a resistência, podendo perceber que do total de plantas encontrou-se 93% com plantas resistentes e apenas 6% plantas com nota 4 e 5. Para o outro retrocruzamento RC₁₂ (Hawaii 7996 x F₁) também houve um padrão de murcha tendendo a resistência, pois foi encontrado um total de 88% das plantas resistentes para apenas 9 plantas mortas. Esse restabelecimento da resistência a murcha bacteriana também foi observado por Costa et al (2018) em plantas obtidas do retrocruzamento utilizando o genitor Yoshimatsu.

A testemunha IPA-7 apresentou 100% das plantas com sintomas de murcha bacteriana. Esta cultivar obteve 81 plantas com nota 5, ou seja, plantas mortas, 17 plantas com nota 4 e 1 com nota 3. O emprego deste cultivar como padrão de suscetibilidade confirma a patogenicidade dos isolados utilizados, reforçando a veracidade dos resultados.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.



■ Notas aos 20 dias após a inoculação

Figura 1. Distribuições de frequências para o caráter nota de murcha bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* em plantas dos genitores Yoshimatsu, Hawaii 7996, IPA-7 e das gerações F₁, F₂, RC₁₁ e RC₁₂. Recife-PE, 2019.

Na tabela 2, observa-se os componentes de média, e é possível perceber que os valores de média dos genitores foram iguais (1,00), a média da geração F₁, (1,3333) se aproxima da média dos genitores resistentes, indicando que o padrão de resistência é bastante influenciado por alelos dominantes em virtude de que na geração F₁ os alelos dominantes se sobrepõem aos recessivos.

A média do efeito gênico não aditivo [*d*] foi superior à média do efeito gênico aditivo [*a*], apontando que o desvio da media se deve principalmente aos lóci em heterozigose (Tabela 2). O grau médio de dominância (GMD) encontrado foi superior a 1, o que é característico de interação alélica de sobredominância no sentido da resistência, reforçando a forte atuação dos efeitos não aditivos sobre o desvio da média.

Tabela 2. Média dos genitores Yoshimatsu (P₁), Hawaii 7996 (P₂) e das gerações F₁, F₂, RC₁₁, RC₂₁; componentes de média; Grau médio de dominância; χ^2 para teste do modelo aditivo dominante em relação a resistência a murcha bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* na avaliação de 20 dias após a inoculação. Recife-PE, 2019.

Componentes	Notas aos 20 dias
P ₁	1,00
P ₂	1,00
F ₁	1,3333
F ₂	2,5995
RC ₁₁	1,2611
RC ₂₁	1,5222
<i>m</i>	1.2215
[<i>a</i>]	-0.0522
[<i>d</i>]	0.5548
GMD	-10.6245
χ^2	0.1126ns

m= média estimada dos genitores; [*a*]= efeito gênico aditivo; [*d*]= efeito gênico não aditivo; χ^2 = qui quadrado para teste do modelo aditivo dominante; GMD= grau médio de dominância e *ns*= não significativo.

Na tabela 3 por meio das médias pode-se observar que os parentais Yoshimatsu e Hawaii 7996 apresentaram valores nulo na avaliação, com comportamento semelhante para espécie *R. pseudosolanacearum*. A variância genotípica foi significativamente superior a ambiental, indicando que as variações

observadas se devem em maior proporção aos efeitos genéticos, condição que segundo Oliveira (2013) favorece a realização de seleção de genótipos, uma vez que o ambiente representa menor influência sobre a expressão fenotípica.

Os componentes de variância aditiva (0,9381) e não aditiva (0,2853) demonstram maior influência dos efeitos aditivos sobre a herança de resistência a *R. solanacearum*. A confiança na seleção eficiente de plantas resistentes a *Ralstonia solanacearum* é um pouco menor do que para *Ralstonia pseudosolanacearum*. Isto pode-ser evidenciado pelos valores de herdabilidades, que neste caso a herdabilidade restrita foi mais baixa. No sentido amplo a herdabilidade aos 20 dias foi 85,60%, já a herdabilidade no sentido restrito foi 65,63%, sendo resultado da maior proporção de efeitos gênicos não aditivos para esta espécie (Tabela 3).

Estes resultados reforçam a maior contribuição da aditividade sobre a característica de resistência e divergem do observado por Costa et al (2018) que constataram maior influência dos efeitos gênicos não aditivos ao avaliar este mesmo caráter nos cultivares Yoshimatsu e IPA-7.

Em contrapartida, em ambos os trabalhos ficou evidenciado que a variância de dominância e ambiental foi um pouco maior para espécie *R. solanacearum* que para *R. pseudosolanacearum*, indicando que a resistência das gerações a *R. solanacearum* possui maior dependência de fatores externos, como temperatura e umidade.

Tabela 3. Variâncias dos genitores Yoshimatsu (P_1) e Hawaii 7996 (P_2) e das gerações F_1 , F_2 , RC_{11} , RC_{21} ; componentes de variância e herdabilidades no sentido amplo e restrito em relação a resistência a murcha bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* na avaliação de 20 dias após a inoculação. Recife-PE, 2019.

Componentes	Notas aos 20 dias
V_{P1}	0,00
V_{P2}	0,00
V_{F1}	0,6173
V_{F2}	1,4292
V_{RC11}	0,7374
V_{RC21}	1,1828
V_E	0,2058
V_G	1,2234
V_A	0,9381
V_D	0,2853
h^2_a	85,60
h^2_r	65,63

V_E = variância ambiental; V_G = variância genética; V_A = variância devida aos efeitos aditivos; V_D = variância devida aos efeitos não aditivos; h^2_a = herdabilidade no sentido amplo (%) e h^2_r = herdabilidade no sentido restrito (%).

Na tabela 4 encontra-se os resumos das análises de variâncias para as variáveis notas de murcha bacteriana aos 20 dias após a inoculação causada por *Ralstonia solanacearum*. Através do teste F a 1% de probabilidade, da mesma forma que para a espécie *Ralstonia pseudosolanacearum*, houve diferenças significativas entre as famílias $F_{2:3}$ aos 20 dias após a inoculação. Para esta espécie os resultados também indicam a existência de variabilidade genética nas famílias, influenciando na situação favorável a realização de melhoramento. O coeficiente de variação experimental apresentou um ótimo valor de 4,61% aos 20 dias, segundo o critério de Ferreira (2000), indicando uma ótima precisão experimental.

Tabela 4. Resumo das análises de variância, parâmetros genéticos e fenotípicos de 60 famílias F_{2:3} de tomateiro e seus respectivos parentais em relação as notas para murcha bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* aos 20 dias após a inoculação. Recife-PE, 2019.

Fonte de Variação	Graus de liberdade	Notas aos 20 dias
Blocos	2	0,27
Famílias	59	40,7377**
Entre famílias	118	0,1231
Dentro de famílias	720	0,2039
Média		3,3966
V_Ftotal		2,8959
V_Fdentro de famílias		0,2038
V_Gentre famílias		2,7076
V_Gdentro de famílias		0,4512
V_Eambiental		0,0161
h² média da família (%)		99,70
h² dentro de família (%)		61,21
h² indivíduo bloco (%)		100,0
h² indivíduo experimento (%)		100,0
CV_e% experimental (CV1)		4,61
CV_{ee}% experimental entre (CV2)		3,74
CV_{ge}% genético entre (CV3)		48,44
CV_{gd}% genético dentro (CV4)		19,77
CV3/CV2		12,95
CV4/CV2		5,28

** : Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F. e entre famílias: CV_{ge} / CV_{ee}. e dentro de famílias: CV_{gd} / CV_{ee}.

A média aos 20 dias foi de 3,3966 também se observou um bom valor estimado de variância fenotípica total (2,8959), variâncias fenotípicas dentro de famílias (0,2038) e variância ambiental (0,0161); conseqüentemente o que proporcionou maior estimativa de variância genética entre famílias (2,7076) e dentro de famílias (0,4512)(Tabela 4).

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Tabela 05. Agrupamento de médias em relação a notas para murcha bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* aos 20 dias após a inoculação em 60 famílias F_{2:3} de tomateiro e seus respectivos parentais. Recife-PE, 2019.

Tratamentos	<i>Ralstonia solanacearum</i>	
	Notas aos 20 dias	
Hawaii 7996 (Resistente)	1,00	a
Yoshimatsu (Resistente)	1,00	a
Família F _{2:3} # 1	4,46	b
Família F _{2:3} # 2	1,00	a
Família F _{2:3} # 3	4,53	b
Família F _{2:3} # 4	4,40	b
Família F _{2:3} # 5	1,00	a
Família F _{2:3} # 6	4,60	b
Família F _{2:3} # 7	1,00	a
Família F _{2:3} # 8	1,00	a
Família F _{2:3} # 9	4,53	b
Família F _{2:3} # 10	4,46	b
Família F _{2:3} # 11	1,00	a
Família F _{2:3} # 12	1,00	a
Família F _{2:3} # 13	1,00	a
Família F _{2:3} # 14	4,40	b
Família F _{2:3} # 15	4,33	b
Família F _{2:3} # 16	4,66	b
Família F _{2:3} # 17	1,00	b
Família F _{2:3} # 18	4,60	b
Família F _{2:3} # 19	4,53	b
Família F _{2:3} # 20	1,00	a
Família F _{2:3} # 21	1,00	a
Família F _{2:3} # 22	4,40	b
Família F _{2:3} # 23	1,00	a
Família F _{2:3} # 24	4,40	b
Família F _{2:3} # 25	4,43	b
Família F _{2:3} # 26	4,66	b
Família F _{2:3} # 27	4,60	b
Família F _{2:3} # 28	4,46	b
Família F _{2:3} # 29	4,73	b
Família F _{2:3} # 30	4,60	b
Família F _{2:3} # 31	4,46	b
Família F _{2:3} # 32	4,46	b
Família F _{2:3} # 33	1,00	a
Família F _{2:3} # 34	4,53	b
Família F _{2:3} # 35	4,53	b
Família F _{2:3} # 36	4,33	b
Família F _{2:3} # 37	4,53	b
Família F _{2:3} # 38	4,40	b

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Família F_{2:3} # 39	4,33 b
Família F_{2:3} # 40	1,00 a
Família F_{2:3} # 41	4,80 b
Família F_{2:3} # 42	4,46 b
Família F_{2:3} # 43	1,00 a
Família F_{2:3} # 44	4,60 b
Família F_{2:3} # 45	1,00 a
Família F_{2:3} # 46	4,40 b
Família F_{2:3} # 47	1,00 a
Família F_{2:3} # 48	4,53 b
Família F_{2:3} # 49	4,53 b
Família F_{2:3} # 50	1,00 a
Família F_{2:3} # 51	4,40 b
Família F_{2:3} # 52	1,00 a
Família F_{2:3} # 53	4,60 b
Família F_{2:3} # 54	4,60 b
Família F_{2:3} # 55	1,00 a
Família F_{2:3} # 56	4,46 b
Família F_{2:3} # 57	1,00 a
Família F_{2:3} # 58	4,46 b
Família F_{2:3} # 59	4,66 b
Família F_{2:3} # 60	4,46 b

Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem significativamente entre si pelo teste de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Já para o experimento com *Ralstonia solanacearum*, houve diferenças significativas, também havendo a formação de dois grupos. O primeiro foi formado pela cultivar Yoshimatsu e Hawaii 7996 que apresentou maior resistência (nota1), porém não diferiu significativamente de 19 famílias (2, 5, 7, 8, 11, 12, 13, 17, 20, 21, 23, 33, 40, 45, 47, 50, 52, 55, 57). O segundo grupo, susceptível, foi formado pelas progênes que não diferiu significativamente sendo compostas por 41 famílias (1, 3, 4, 6, 9, 10, 14, 15, 16, 18, 19, 22, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 41, 42, 43, 44, 46, 48, 49, 51, 53, 54, 56, 58, 59, 60)(Tabela 5).

A partir da distribuição fenotípica das 60 progênes F_{2:3} foram estabelecidas as hipóteses de controle genético da resistência. A primeira hipótese testada foi a de um gene, em que a resistência seria promovida em homozigose recessiva advindo da herança genética da cultivar Yoshimatsu, ou homozigose dominante devido contribuição da cultivar Hawaii 7996, em que seria esperada uma segregação fenotípica de 2:2. O teste para esta hipótese apresentou diferenças significativas, indicando que a resistência é governada por mais de um gene (Tabela 6).

A segunda hipótese testada foi para a existência de dois genes, em que semelhante a hipótese anterior, a resistência seria acarretada pela expressão do loco em homozigose recessiva advindo da herança genética da cultivar Yoshimatsu e/ou homozigose dominante devido contribuição da cultivar Hawaii 7996, em que a proporção fenotípica esperada seria 13:17. Neste caso, também foram obtidas diferenças significativas, apontando a atuação de mais de dois genes (Tabela 6).

Em sequência, foi testada a hipótese de três genes, considerando que a resistência seria governada pela expressão de dois genes em homozigose recessiva advindo da herança genética da cultivar Yoshimatsu e/ou homozigose dominante devido contribuição da cultivar Hawaii 7996, em que a segregação fenotípica esperada seria 9:21. Esta hipótese foi confirmada através do teste de qui quadrado (χ^2) com diferenças não significativas na tabela 6 para *R. solanacearum*.

Diante dos resultados do teste χ^2 , pode-se inferir que a resistência para *R. solanacearum* nas progênies avaliadas tem caráter oligogênico, sendo resultante da atuação de três genes, sendo dois da contribuição da cultivar Yoshimatsu e condicionados por alelos recessivos, e um caracterizando contribuição da cultivar Hawaii 7996, condicionado por alelos dominantes com efeito de dominância parcial. Esses resultados corroboram com o observado por Costa e colaboradores (2018) que avaliando a resistência da cultivar Yoshimatsu à *R. pseudosolanacearum* apontam a atuação de dois genes de efeito maior em homozigose recessiva como responsáveis pela característica. Não obstante, Grimault e colaboradores (1995) em estudos de herança com a cultivar Hawaii 7996 em relação a resistência a murcha bacteriana também indicam controle genético monogênico dominante, apesar de não observarem efeito parcial da dominância.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

Tabela 06. Testes qui quadrado (χ^2) a 5% de probabilidade para hipóteses do controle genético da resistência a *R. solanacearum* nas cultivares de tomateiro Yoshimatsu e Hawaii 7996 aos 20 dias após a inoculação em 60 progênies

F_{2:3}. Recife-PE, 2019.

Fenótipos	FO	FE	Genótipos
	1 Gene		
Resistentes	19	30*	AA, aa
Suscetíveis	41	30*	Aa
2 Genes			
Resistentes	19	26*	AABB, aabb, Aabb, AAbb, AABb
Suscetíveis	41	34*	AaBB, aaBb, aaBB, AaBb, AaBB
3 Genes			
Resistentes	19	18 ^{ns}	AABBDD, aabbdd, Aabbdd, Aabbdd, AAbbDd, AAbbDD, AABbdd, AABbDd, AABbDd, AABbDd, AABBdd, AABBDD
Suscetíveis	41	42 ^{ns}	AaBBDD, aabbDd, aabbDD, aaBbdd, aaBbDd, aaBbDD, aaBBdd, aaBBDD, aaBBDD, AabbDd, AabbDD, AaBbdd, AaBbDd, AaBbDD, AaBBdd, AaBBDD, AaBBDD

Frequência esperada e observada para 1, para 2 genes e para 3 genes com predominância de dominância parcial e/ou recessiva. *= Significativo a 5% de probabilidade. ns= Não significativo a 5% de probabilidade. χ^2 a 5% de probabilidade: 3,84.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

4. CONCLUSÕES

O estudo que governa esta herança é formado por dois genes recessivo advindo de Yoshimatsu e um gene dominante do Hawaii 7996.

A geração F₂ mostrou uma distribuição contínua das notas em relação a resistência e suscetibilidade demonstrando segregação transgressiva.

A maior contribuição do efeito foi devido a variância aditiva, conferindo também maiores efeitos genéticos.

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- COSTA, K.D.S. 2017. Controle genético da resistência do tomate 'Yoshimatsu' à *Ralstonia pseudosolanacearum* e *Ralstonia solanacearum*. Tese de Doutorado, Universidade Federal Rural do Pernambuco, Recife, Pernambuco. 164p.
- CRUZ, C. D. Princípios de genética quantitativa. Viçosa-MG. Editora UFV. 2ª Reimpressão. 394p. 2012.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*. v.35, n.3, p.271-276, 2013
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: Editora UFV, 2003. 579p
- DENNY, T. 2006. Plant pathogenic *Ralstonia* species. Pages 573-644 in: *Plant-Associated Bacteria*. S. S. Gnanamanickam, ed. Springer, Dordrecht, The Netherlands.
- ELPHINSTONE, J. G. 2005. The current bacterial wilt situation: a global overview. Pages 9-28 in: *Bacterial Wilt Disease and the Ralstonia solanacearum Species Complex*. C. Allen, P. Prior, and A. C. Hayward, eds. American Phytopathological Society Press, St. Paul, MN.
- FELIX, K. C. S., SOUZA, E. B., MICHEREFF, S. J., E MARIANO R. L. R. 2012. Survival of 458 *Ralstonia solanacearum* in infected tissues of *Capsicum annuum* and in soils of the 459 state of Pernambuco, Brazil. *Phytoparasitica* 40:53-62.
- FERREIRA, P. V. Estatística experimental aplicada a agronomia. 3.ed. rev. e ampl. Maceio: EDUFAL, 2000. 419 p.
- GRIMAUULT V, PRIOR P AND ANAIS G (1995) A monogenic dominant resistance of tomato to bacterial wilt in Hawaii7996 is associated with plant colonization by *Pseudomonas solanacearum*. *J. Phytopathol.* 143: p.349-352.
- SANTIAGO, T. R.; LOPES, C. A.; CAETANO-ANOLLES, G.; MIZUBUTI, E. S. G. Phylotype and sequevar variability of *Ralstonia solanacearum* in Brazil, an ancient

Costa DS (2019) Herança da resistência à murcha bacteriana do tomateiro dos genótipos Yoshimatsu e Hawaii 7996.

centre of diversity of the pathogen. *Plant Pathology*, 2016. Online: <http://dx.doi.org/10.1111/ppa.12586>. Acesso em: 28 mar 2018.

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

LOPES, C. A.; BOITEUX, L. S. Melhoramento para resistência a doenças bacterianas. Em: Melhoramento de plantas para condições de estresses bióticos. Editores: FRITSE-NETO, R.; BORÉM, A. Suprema. Viçosa-MG, Editora UFV, P.61-88, 2012.

NIELSEN LW, HAYNES FL, 1960. Resistance in *Solanum tuberosum* to *Pseudomonas 522 solanacearum*. *American Potato Journal* 37, 260-267.

RAMALHO MAP, SANTOS JB AND ZIMMERMANN (1993) Genética quantitativa de plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 271p.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coordenador). Melhoramento e produção de milho no Brasil. Piracicaba: Fundação Cargill, p. 1370-0214. 1987.

WICKER E, GRASSART L, CORANSON-BEAUDU R, MIAN D, GUILBAUD C, FEGAN M, PRIOR P (2007) *Ralstonia solanacearum* strains from Martinique (French west indies) exhibiting a new pathogenic potential. *Appl Environ Microbiol* 73:6790–6801