



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO SEMI-ÁRIDO
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO FITOTECNIA
MESTRADO EM FITOTECNIA

RUTH MAINÁ PENHA DA SILVA

**REAÇÃO DE ACESSOS DE MELOEIRO A *Macrophomina phaseolina* E CONTROLE
GENÉTICO DA RESISTÊNCIA DO ACESSO PI 185111**

MOSSORÓ

2026

RUTH MAINÁ PENHA DA SILVA

**REAÇÃO DE ACESSOS DE MELOEIRO A *Macrophomina phaseolina* E CONTROLE
GENÉTICO DA RESISTÊNCIA DO ACESSO PI 185111**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Semi-Árido como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Fitotecnia.

Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético

Orientador: Glauber Henrique de Sousa Nunes,
Prof. Dr.

Coorientadora: Edicleide Macedo da Silva,
Prof. Dr.

MOSSORÓ

2026

© Todos os direitos estão reservados a Universidade Federal Rural do Semi-Árido. O conteúdo desta obra é de inteira responsabilidade do (a) autor (a), sendo o mesmo, passível de sanções administrativas ou penais, caso sejam infringidas as leis que regulamentam a Propriedade Intelectual, respectivamente, Patentes: Lei nº 9.279/1996 e Direitos Autorais: Lei nº 9.610/1998. O conteúdo desta obra tornar-se-á de domínio público após a data de defesa e homologação da sua respectiva ata. A mesma poderá servir de base literária para novas pesquisas, desde que a obra e seu (a) respectivo (a) autor (a) sejam devidamente citados e mencionados os seus créditos bibliográficos.

S586r Silva, Ruth Mainá Penha da .
Reação de acessos de meloeiro a *Macrophomina phaseolina* e controle genético da resistência do acesso PI 185111 / Ruth Mainá Penha da Silva. - 2026.
50 f. : il.

Orientador: Glauber Henrique de Sousa Nunes.
Coorientadora: Edicleide Macedo da Silva Silva.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural do Semi-árido, Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, 2026.

1. Cucumis melo. 2. Podridão-do-colo. 3. Germoplasma. 4. Patógeno de solo. 5. Herança monogênica. I. Nunes, Glauber Henrique de Sousa Nunes, orient. II. Silva, Edicleide Macedo da Silva, co-orient. III. Título.

Ficha catalográfica elaborada por sistema gerador automático em conformidade com AACR2 e os dados fornecidos pelo(a) autor(a).
Biblioteca Campus Mossoró / Setor de Informação e Referência
Bibliotecária: Keina Cristina Santos Sousa e Silva
CRB: 15/120

O serviço de Geração Automática de Ficha Catalográfica para Trabalhos de Conclusão de Curso (TCC's) foi desenvolvido pelo Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação da Universidade de São Paulo (USP) e gentilmente cedido para o Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (SISBI-UFERSA), sendo customizado pela Superintendência de Tecnologia da Informação e Comunicação (SUTIC) sob orientação dos bibliotecários da instituição para ser adaptado às necessidades dos alunos dos Cursos de Graduação e Programas de Pós-Graduação da Universidade.

RUTH MAINÁ PENHA DA SILVA

**REAÇÃO DE ACESSOS DE MELOEIRO A *Macrophomina phaseolina* E CONTROLE
GENÉTICO DA RESISTÊNCIA DO ACESSO PI 185111**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Semi-Árido como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Fitotecnia.

Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético

Defendida em: 20 / 02 / 2026.

BANCA EXAMINADORA

Glauber Henrique de Sousa Nunes, Prof. Dr. (UFERSA)
Presidente

Edicleide Macedo da Silva, Prof^a. Dra. (UFERSA)
Membro Examinador

Andréia Mitsa Paiva Negreiros, Prof^a. Dra. (UFERSA)
Membro Examinador

Bernardo Bezerra de Araújo Junior, Prof. Dr. (IFRN)
Membro Examinador

Anânkia de Oliveira Ricarte Marinho, Prof^a Dra. (UNEMAT)
Membro Examinador

Aos meus pais, tio, avôs, irmãos e a meu namorado
pelo apoio, incentivo e que sempre estiveram do
meu lado em todos os momentos.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus por ter me ajudado com sabedoria, foco e principalmente fé para alcançar todos os meus sonhos e objetivos.

Agradeço a toda a minha família pelo apoio e compreensão nessa minha jornada, em especial à minha Mãe.

Agradeço a meu namorado pelo apoio e confiança em todos os momentos.

Agradeço o meu Orientador, Prof. Dr. Glauber Henrique de Sousa Nunes, por me guiar no desenvolvimento de todo o trabalho e em meu percurso.

Agradeço a minha Coorientador(a), Prof. Dra. Edicleide Macedo da Silva, por me orientar de forma leve em todo o trabalho e em meu percurso.

Agradeço à Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), pela oportunidade de concluir a graduação.

Agradeço à Banca examinadora por avaliar e criticar de forma construtiva este trabalho.

Agradeço a todos os integrantes do GERMEV pela colaboração nas atividades desenvolvidas.

Agradeço aos meus amigos e colegas.

Agradeço a todos os que, direta ou indiretamente, contribuíram para minha formação acadêmica e pessoal nesta jornada.

RESUMO

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma das olerícolas de maior importância econômica no Brasil, com produção concentrada na Região Nordeste. Dentre os principais fatores limitantes da cultura destaca-se a podridão-do-colo, causada por *Macrophomina phaseolina*, uma doença de difícil manejo devido à elevada capacidade de sobrevivência do patógeno no solo. O uso de genótipos resistentes constitui alternativa eficiente de manejo. O presente trabalho objetivou a identificação de genótipos resistentes e o estudo a herança da resistência do acesso PI 185111 de meloeiro ao fungo *Macrophomina phaseolina*. No primeiro experimento, foram avaliados vinte acessos de meloeiro em delineamento inteiramente casualizado com cinco repetições, sendo a parcela constituída por um vaso com uma planta. No segundo experimento, investigou-se a herança da resistência do acesso PI 185111, onde foram avaliados os genitores, geração F1 e geração F2. Nos dois experimentos, foi inoculado o isolado de *M. phaseolina* CMM-1531, aos 20 dias após a germinação, seguindo a metodologia de inoculação do palito de dente. A avaliação da severidade da doença foi feita aos 40 dias após a inoculação com base em uma escala diagramática de notas, variando de 0 a 5 (0: planta assintomática e 5: mais que 50% dos tecidos infectados). Observou-se a existência de variabilidade no germoplasma investigado para reação ao fungo, sendo os acessos C-80, C-86 e PI 185111 altamente resistentes. A resistência do acesso PI 185111 é monogênica com dominância do gene que confere resistência.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, Podridão-do-colo, Germoplasma, Patógeno de solo, Herança monogênica.

ABSTRACT

Melon (*Cucumis melo* L.) is one of the most economically important vegetable crops in Brazil, with production concentrated in the Northeast Region. Among the main limiting factors for the crop is stem rot, caused by *Macrophomina phaseolina*, a disease that is difficult to manage due to the pathogen's high survival capacity in the soil. The use of resistant genotypes constitutes an efficient management alternative. This work aimed to identify resistant genotypes and study the inheritance of resistance in the PI 185111 melon accession to the fungus *Macrophomina phaseolina*. In the first experiment, twenty melon accessions were evaluated in a completely randomized design with five replications, with each plot consisting of a pot with one plant. In the second experiment, the inheritance of resistance in the PI 185111 accession was investigated, where the parents, F1 generation, and F2 generation were evaluated. In both experiments, the *M. phaseolina* isolate CMM-1531 was inoculated 20 days after germination, following the toothpick inoculation methodology. Disease severity was assessed 40 days after inoculation using a diagrammatic scale ranging from 0 to 5 (0: asymptomatic plant and 5: more than 50% of tissues infected). Variability was observed in the investigated germplasm regarding its reaction to the fungus, with accessions C-80, C-86, and PI 185111 being highly resistant. The resistance of accession PI 185111 is monogenic with dominance of the gene conferring resistance.

Keywords: *Cucumis melo*, Collar rot, Germplasm, Soil pathogen, Monogenic inheritance.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	–	Plantas de melão inoculadas com <i>M. phaseolina</i> pelo método do palito	22
Figura 2	–	Escala de notas da severidade da doença, causada por <i>M. phaseolina</i> avaliadas em acessos de meloeiro, usando a metodologia de inoculação do palito de dente.....	22
Figura 3	–	Genitor resistente (Acesso PI 185111) e suscetível (Gx-001) utilizados no estudo.....	24
Figura 4	–	Populações analisadas no estudo de herança.....	25
Figura 5	–	Histogramas de frequência das notas de severidade da podridão causada por <i>Macrophomina phaseolina</i> nas populações parentais P1 (Gx-001) e P2 (PI 185111), geração F1 e população segregante F2. Os valores acima das barras indicam a frequência absoluta (Fa).....	32
Figura 6	–	Modelo de herança da resistência do acesso PI 185111 a <i>Macrophomina phaseolina</i> quando cruzado com a linhagem suscetível Gx-001. O alelo <i>Mp</i> condiciona resistência e domina o alelo <i>mp</i>	34

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	–	Reação dos acessos utilizados no estudo de reação a <i>M. phaseolina</i>	20
Tabela 2	–	Modelos de herança utilizados pelo programa Monogen v.0.1	29
Tabela 3	–	Rank médio, média, desvio padrão, teste de Dunn e reação de acessos de meloeiro inoculados por <i>Macrophomina phaseolina</i>	30
Tabela 4	–	Média e variância de cada geração avaliada no estudo da herança do acesso PI 185111 a <i>Macrophomina phaseolina</i>	31
Tabela 5	–	Frequência absoluta observada de plantas resistentes e suscetíveis nos genitores e gerações F1 e F2, frequência esperada conforme modelo e estimativa de Qui-quadrado no estudo da herança do acesso PI 185111 a <i>Macrophomina phaseolina</i>	33
Tabela 6	–	Estimativas dos efeitos genéticos (média, aditivo e dominante), desvio padrão e intervalo de confiança <i>bootstrap</i> no estudo da herança do acesso PI 185111 a <i>Macrophomina phaseolina</i>	35
Tabela 7	–	Testes de hipóteses e estimativas dos efeitos genéticos e intervalos de confiança obtidos na análise envolvendo modelos hierárquicos em estudo de herança da resistência do acesso PI 185111 a <i>Macrophomina Phaseolina</i>	35

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

MAPA	Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento
FAO	<i>Food and Agriculture Organization of the United Nations</i>
Mp	<i>Macrophomina phaseolina</i>
AR	Altamente resistente
MR	Moderadamente resistente
S	Suscetível
AS	Altamente suscetível
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	13
2 REFERENCIAL TEÓRICO	15
2.1 ORIGEM, BOTÂNICA E DIVERSIDADE	15
2.2 IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DO MELOEIRO	17
2.3 <i>MACROPHOMINA PHASEOLINA</i> NO MELOEIRO	18
2.4 RESISTÊNCIA GENÉTICA E MANEJO DA <i>MACROPHOMINA PHASEOLINA</i>	20
3 MATERIAL E MÉTODOS	22
3.1 LOCAL DO EXPERIMENTO	22
3.2 EXPERIMENTO I – IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA.....	22
3.2.1 Germoplasma avaliado	22
3.2.2 Isolado e preparo do inóculo.....	23
3.2.3 Condução experimental, inoculação e avaliação.....	23
3.2.4 Análise estatística.....	25
3.3. EXPERIMENTO II – ESTUDO DA HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO PI 185111	25
3.3.1 Populações avaliadas.....	25
3.3.2 Isolado, inoculação e avaliação.....	27
3.3.3 Análises estatísticas.....	27
3.3.3.1 <i>Ajuste do modelo monogênico (Teste Qui-quadrado)</i>	25
3.3.3.2 <i>Estudo de gerações</i>	25
3.3.3.3 <i>Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos</i>	25
3.3.3.4 <i>Modelos de Máxima Verossimilhança</i>	27
4 RESULTADOS	32
5 DISCUSSÃO	39
5.1 FONTES DE RESISTÊNCIA A <i>MACROPHOMINA PHASEOLINA</i> EM MELÃO	39
5.2 HERANÇA DA RESISTÊNCIA A <i>MP</i> EM MELÃO	39
6 CONCLUSÕES.....	42
REFERÊNCIAS	43

1 INTRODUÇÃO

A diversidade de origem, associada à elevada variabilidade genética da espécie, contribuiu para que o meloeiro se tornasse uma das culturas hortícolas mais importantes em escala mundial (Fao, 2023). Segundo informações da *Food and Agriculture Organization of the United Nations* (Fao), em 2023 a produção mundial de melão alcançou aproximadamente 29.541.294 toneladas. Entretanto, as condições ambientais predominantes nessas regiões, embora favoráveis à produção de melão, também contribuem para a ocorrência de doenças de solo, com destaque para a podridão do colo, causada por *Macrophomina phaseolina* (Linhares *et al.*, 2020), patógeno de ampla distribuição geográfica e baixa especificidade hospedeira, sendo capaz de infectar diversas espécies vegetais, o que reforça sua importância fitopatológica em sistemas agrícolas de regiões quentes e secas (Farr; Rossman, 2026).

O processo infeccioso por *M. phaseolina* é iniciado pela germinação de estruturas fúngicas resistentes no solo, seguida de penetração de hifas nos tecidos radiculares por pressão mecânica e degradação enzimática da parede celular (Marquez *et al.*, 2021). Estudos recentes evidenciam que existe interação significativa entre esse patógeno, as condições ambientais e a resistência genotípica de diferentes cultivares de melão, sugerindo que fatores abióticos como regime hídrico e condições térmicas influenciam a severidade da doença, fenômeno especialmente relevante em regiões produtoras de melão sob condições climáticas estressantes (Cohen *et al.*, 2022; Shirai *et al.*, 2023).

O manejo da podridão do colo é dificultado pela elevada capacidade de sobrevivência do patógeno no solo, principalmente por meio de microescleródios, que garantem sua persistência por cerca de três a 15 anos (Gupta *et al.*, 2012; Sharma; Katoch; Rana, 2016). Além disso, no Brasil não há produtos químicos registrados para o manejo de *M. phaseolina* na cultura do melão, conforme informações do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (Mapa), disponíveis no sistema AGROFIT (Agrofit, 2026). Diante desse cenário, estratégias alternativas de manejo tornam-se essenciais.

Nesse contexto, a utilização de resistência genética é uma estratégia já consolidada para o manejo de outros patógenos do meloeiro e pode representar uma alternativa eficiente, econômica e ambientalmente segura para o manejo de *M. phaseolina* (Fita *et al.*, 2009). Entretanto, até o momento não existem cultivares comerciais de melão comprovadamente resistentes a esse patógeno, de tal modo que os estudos têm se concentrado na identificação e no desenvolvimento de linhagens resistentes, que poderão futuramente subsidiar programas de

melhoramento genético visando à obtenção de híbridos comerciais. Dessa forma, o manejo da podridão radicular tem se baseado principalmente em medidas preventivas, como práticas culturais adequadas e a aplicação de agentes de manejo biológico à base de microrganismos antagonistas (Bakhsi; Safaie; Shams-Bakhsh, 2018; Linhares *et al.*, 2020).

No meloeiro, a resistência genética é amplamente reconhecida como a principal ferramenta para o manejo da podridão do colo, por constituir um componente central do manejo integrado de doenças, apresentando elevada eficiência, facilidade de adoção pelos produtores, compatibilidade com outras estratégias de controle e vantagens ecológicas, uma vez que não oferece riscos à saúde humana nem ao meio ambiente (Sales Júnior *et al.*, 2015).

Diante do exposto, este trabalho teve como objetivos identificar genótipos resistentes e estudar a herança da resistência do acesso PI 185111 de meloeiro ao fungo *Macrophomina phaseolina*, em cruzamento com a linhagem Gx 001 (*Cucumis melo* L.), visando a subsidiar programas de melhoramento genético para a obtenção de cultivares resistentes.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 ORIGEM, BOTÂNICA E DIVERSIDADE

O melão (*Cucumis melo* L.) é uma espécie diploide, apresentando número cromossômico de $2n = 2x = 24$. Assim como a maioria das espécies do gênero *Cucumis*, com exceção de *C. sativus*, possui número básico de cromossomos $x = 12$. O centro de origem da cultura do melão é atribuído às regiões da Ásia e da África, onde ocorreu a divergência em duas principais linhagens evolutivas: uma de origem asiática (*C. melo* subsp. *melo*) e outra restrita ao continente africano (*C. melo* subsp. *meloides*). A linhagem asiática deu origem aos principais tipos de melão cultivados e direcionados ao mercado consumidor (Endl *et al.*, 2018; Zhao *et al.*, 2019).

Atualmente, o meloeiro é considerado uma das culturas vegetais de maior importância no mundo (Fao, 2023), apresentando ampla distribuição geográfica, resultado de sua elevada variabilidade genética (Karchi, 2000), a qual possibilitou a adaptação de diferentes tipos de melão a distintas condições agronômicas. Evidências indicam a ocorrência dessa espécie em várias regiões da Ásia, especialmente na Índia e na China, sugerindo que sua domesticação pode ter ocorrido de forma independente em diferentes locais. No entanto, os maiores centros de diversidade genética do meloeiro concentram-se na África e no subcontinente indiano (Pitrat *et al.*, 2003). Além disso, trata-se de uma cultura bem adaptada a ambientes caracterizados por alta intensidade luminosa, baixa precipitação pluviométrica e clima seco, fatores que têm favorecido a expansão e intensificação do seu cultivo em diversas regiões produtoras (Costa *et al.*, 2020).

O meloeiro pertence à família *Cucurbitaceae*, que inclui, dentre outras plantas, abóboras (*Cucurbita* spp.), pepinos (*Cucumis sativus* L.) e melancias (*Citrullus lanatus*) (Pitrat, 2008; Burger *et al.*, 2010). No Brasil, as variedades botânicas cultivadas são: *Cucumis melo* subesp. *melo* var. *inodorus* Naud. e *Cucumis melo* subesp. *melo* var. *cantalupensis* Naud. (Alves *et al.*, 2000; Pitrat, 2008).

Esses grupos incluem tipos que passaram por melhoramento genético. Os principais tipos comercializados no Brasil são: Amarelo, Honey Dew, Pele de Sapo, Cantaloupe, Gália e Charentais. Os três primeiros pertencem à variedade botânica *inodorus*, ao passo que os tipos Cantaloupe e Charentais são aromáticos (Nunes *et al.*, 2016). Esses grupos são subdivididos comercialmente em tipos. Por "tipo", entende-se um conjunto de cultivares ou híbridos que compartilham uma ou mais características semelhantes, como a cor da casca quando madura,

presença ou ausência de rachaduras, cicatrizes, reticulação ou rendilhamento, cor da polpa e formato do fruto, dentre outras características (Menezes *et al.*, 2000).

O meloeiro é uma planta anual e herbácea, com caule rasteiro e número variável de ramificações, que podem alcançar até três metros, dependendo da cultivar. Suas folhas são alternadas, simples, palmadas, pentabuladas, angulosas quando jovens e subcordiformes quando maduras. Possui gavinhas, que surgem nas axilas das folhas e servem para sustentar a planta. O sistema radicular é ramificado, com raízes adventícias e vigorosas, embora pouco profundo, concentrando seu volume nos primeiros 20 a 30 cm do solo (Lorenzi *et al.*, 2006).

Os trabalhos pioneiros de Pitrat, Hanelt e Hammer (2000) estabeleceram as bases para a organização taxonômica de *Cucumis melo*, a partir da qual classificações posteriores foram desenvolvidas. Avanços nesse sistema resultaram em revisões mais abrangentes, como a proposta por Hammer e Gladis (2014), que reconhece 17 grupos botânicos distribuídos entre duas subespécies principais. Nessa abordagem, a subespécie melo engloba os grupos *Flexuosus*, *Inodorus*, *Cantalupensis*, *Reticulatus*, *Adana*, *Ameri*, *Chandalak* e *Tibish*, ao passo que a subespécie *agrestis* compreende *Acidulus*, *Agrestis*, *Chate*, *Chito*, *Conomon*, *Dudaim*, *Momordica*, *Texanus* e *Makuwa*.

A maior parte dos genótipos comercializados no Brasil pertence a três variedades botânicas: *Cucumis melo* var. *inodorus*, var. *cantalupensis* e var. *reticulatus*.

A variedade *inodorus* Jacquin caracteriza-se por plantas geralmente andromonoicas, frutos de formato variando de redondo a elíptico, frequentemente com pontuação na região do pedúnculo. A casca pode ser branca, amarela ou verde-escura, com ou sem manchas, podendo apresentar superfície lisa ou enrugada e presença ou ausência de costelas. A polpa é, em geral, branca e doce. Esses frutos são não climatéricos, não apresentam aroma marcante, possuem amadurecimento tardio, longa vida pós-colheita e sementes grandes (Pitrat *et al.*, 2000; Pitrat, 2008; 2013).

A variedade *cantalupensis* Naudin também apresenta plantas predominantemente andromonoicas. Seus frutos são doces, aromáticos e climatéricos, desprendendo-se do pedúnculo quando maduros. Possuem costelas ou gomos longitudinais bem definidos, baixa resistência ao transporte e vida pós-colheita relativamente curta. No Brasil, o tipo Charentais é um dos principais representantes dessa variedade (Munger; Robinson, 1991; Robinson; Decker-Walters, 1997; Pitrat *et al.*, 2000; Pitrat, 2008).

Por fim, a variedade *reticulatus* Séringe caracteriza-se por frutos climatéricos, aromáticos e de sabor doce, com formato redondo ou ligeiramente oval. A casca apresenta

reticulação típica, podendo ou não apresentar costelas, e coloração variando de amarela a verde-escura. A polpa é geralmente laranja, podendo também ser verde, e as sementes são amarelas e de tamanho médio (Pitrat *et al.*, 2000; Pitrat, 2008; Oliveira, 2018).

2.2 IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DO MELOEIRO

A produção de melão envolve toda a cadeia produtiva e possui grande importância socioeconômica em regiões menos desenvolvidas, gerando emprego e renda para pequenos e médios produtores nas principais áreas do Nordeste brasileiro, além de fortalecer o setor frutícola por meio da inserção nos mercados internacionais, com destaque para exportações destinadas a países europeus, como os Países Baixos (Gazzola *et al.*, 2020). Além disso, o melão serve como matéria-prima para o desenvolvimento de produtos industrializados, como bebidas alcoólicas fermentadas, agregando valor ao fruto e ampliando as oportunidades de mercado (Bessa *et al.*, 2018). No período entre a primeira metade de 2023 e a de 2024, as exportações brasileiras de melão apresentaram crescimento de 12,4% em volume e de 9,3% em receita (Kist; Beling, 2024).

O meloeiro ocupa posição de destaque no comércio de frutas frescas no Brasil, sendo a Região Nordeste responsável, em 2024, por aproximadamente 97% da produção nacional e 100% das exportações da fruta (Ibge, 2025). As principais áreas produtoras nacionais situam-se no semiárido nordestino, com destaque para os polos Mossoró/Assu – RN, Belém do São Francisco – PE e Juazeiro – BA (Ibge, 2025).

A nível global, a China destaca-se como a principal produtora de melão, com cerca de 14.501.906 toneladas, representando aproximadamente 49% da produção mundial. Dentre os maiores produtores também se destacam Índia, com 1.498.000 toneladas, Turquia, com 1.403.214 toneladas, e Cazaquistão, com 1.371.382 toneladas. O Brasil, com 816.939 toneladas produzidas em 2024, ocupa a quinta posição no ranking mundial de produção, reafirmando sua importância no cenário internacional da fruticultura. No âmbito nacional, o estado do Rio Grande do Norte, maior produtor brasileiro, contribuiu com 505.212 toneladas, em uma área colhida de 18.930 hectares e rendimento médio de 26.688 kg/ha, gerando um valor de produção de R\$ 858.141 mil, evidenciando a expressiva participação do estado na produção nacional e a relevância econômica da cultura, que somou R\$ 1.387.617 mil em todo o país (Ibge, 2025; Oliveira *et al.*, 2025).

No Nordeste, a fruticultura contribui para o desenvolvimento econômico e social das

microrregiões produtoras. As condições climáticas da região, caracterizadas por baixa pluviosidade e temperaturas elevadas, entre 25 e 35 °C, favorecem o cultivo do melão (Costa, 2017). A limitada pluviosidade anual, aliada à oferta de mão de obra, disponibilidade de terra, capacidade empresarial e facilidade de escoamento para o mercado externo, consolidou a competitividade do meloeiro no estado (Oliveira *et al.*, 2011).

O desenvolvimento da comercialização é um dos elos mais importantes da cadeia produtiva, sendo essencial para a estabilidade econômica e o nível de renda dos produtores. O melão é comercializado em mercados local, regional e nacional, com diferentes características de qualidade e acondicionamento. O mercado local abrange cidades próximas aos polos de produção, geralmente com frutos vendidos a granel e de qualidade inferior. O mercado regional corresponde às capitais e centros urbanos próximos aos polos, também com predominância de comercialização a granel, mas com nichos exigindo produtos de maior qualidade. Por sua vez, o mercado nacional, concentrado nos grandes centros consumidores da região Centro-Sul — São Paulo, Rio de Janeiro, Belo Horizonte e Brasília — demanda frutos uniformes, de alta qualidade e devidamente acondicionados, seguindo padrões próximos aos mercados internacionais (Costa, 2017).

No Brasil, as principais cultivares de meloeiro pertencem à espécie *Cucumis melo* var. *inodorus*. O melão amarelo caracteriza-se por frutos com polpa branca, casca amarela, lisa a levemente rugosa, e elevado teor de sólidos solúveis, geralmente superior a 12 °Brix, característica desejável para o mercado de exportação (Costa, 2017). Quando cultivado sob condições adequadas de manejo, o meloeiro apresenta elevado potencial produtivo (Costa, 2017).

2.3 MACROPHOMINA PHASEOLINA NO MELOEIRO

O meloeiro (*Cucumis melo* L.), assim como outras cucurbitáceas, é suscetível a diversas doenças radiculares que comprometem seu crescimento, desenvolvimento e produtividade. Fatores como manejo inadequado do solo, práticas de irrigação incorretas e condições ambientais adversas podem predispor as plantas à infecção por patógenos do solo, especialmente fungos que persistem em restos culturais e sedimentos do solo (Porto *et al.*, 2020). Dentre esses patógenos, *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid, pertencente ao filo *Ascomycota* e à família *Botryosphaeriaceae* (Mycobank, 2025), é um dos mais relevantes, sendo responsável por doenças radiculares e pelo declínio da haste em meloeiro.

O fungo produz micélio uninucleado e picnídios marrons escuros, solitários ou

agregados, com diâmetro de 100 a 200 μm . Sua principal forma de infecção ocorre por meio de microscleródios, estruturas de resistência que podem persistir no solo e em restos culturais por períodos de três a 15 anos, dependendo das condições ambientais e da presença de tecidos do hospedeiro (Gupta *et al.*, 2012; Sharma, Katoch & Rana, 2016). Espécies do gênero *Macrophomina* estão entre os principais patógenos que causam perdas econômicas significativas em cucurbitáceas em várias regiões do mundo (Porto *et al.*, 2020).

Os sintomas iniciais da infecção por *Macrophomina spp.* são semelhantes aos causados por *Stagonosporopsis cucurbitacearum*, iniciando com lesões aquosas de coloração marrom claro e presença de exsudato translúcido de cor marrom, que escurece com o tempo. Com a progressão da doença, a região afetada torna-se seca e apresenta coloração esbranquiçada, desenvolvendo fissuras longitudinais que conferem a aparência de separação da epiderme em relação ao restante da rama (Lodha & Mawar, 2019; Negreiros *et al.*, 2019; Sales Júnior *et al.*, 2020). Na fase mais avançada, observa-se a presença de numerosos pontos negros, que correspondem aos escleródios, estruturas de resistência do patógeno. Na parte aérea da planta, ocorre amarelecimento das folhas, que podem apresentar manchas necróticas seguidas do completo ressecamento desses tecidos foliares (Costa *et al.*, 2017).

Em condições favoráveis, os microscleródios de *M. phaseolina* germinam, formando tubos germinativos que originam hifas, as quais desenvolvem estruturas de penetração, como apressórios, e invadem as raízes da planta hospedeira, cruzando a parede celular por pressão mecânica e ação enzimática, permitindo a colonização dos tecidos cortical e vascular (Marquez *et al.*, 2021). A doença manifesta-se pelo amarelecimento das folhas, murchamento e morte prematura das plantas, e evidências recentes indicam que a severidade e incidência aumentam significativamente sob estresse hídrico e altas temperaturas, comuns em ambientes tropicais e subtropicais (Shirai *et al.*, 2023).

Macrophomina phaseolina possui amplo espectro de hospedeiros, podendo infectar centenas de espécies vegetais, incluindo culturas de grande importância econômica, como feijão, feijão-caupi, amendoim, milho, girassol, soja, sorgo, melancia e melão. A distribuição do patógeno é especialmente ampla em regiões tropicais e subtropicais, onde temperaturas entre 28 e 35 °C e baixa disponibilidade de água no solo favorecem a germinação dos microscleródios e aumentam a severidade das doenças radiculares (Marquez *et al.*, 2021).

No Brasil, o aumento da temperatura eleva a severidade da podridão cinzenta causada por *M. phaseolina* em meloeiro. Alguns acessos de meloeiro, como In-PsPiñSp, apresentam maior suscetibilidade a temperaturas de 28, 31 e 34 °C, ao passo que outros, como Con-

Pat81Ko, Ag-C38Nig, Can-NYIsr e Dud QMPAfg, permanecem resistentes entre 25 e 31 °C, mas tornam-se suscetíveis a 34 °C. O acesso Ag-15591Ghana é destacado como fonte promissora para programas de melhoramento genético, pois sua resistência a *M. phaseolina* é pouco afetada pelo aumento da temperatura (Linhares, 2018).

O fungo tem sido frequentemente isolado em áreas produtoras de melancia e melão no norte de Israel, onde é considerado o principal agente causador do colapso das plantações de meloeiro (Cohen *et al.*, 2016).

2.4 RESISTÊNCIA GENÉTICA E MANEJO DA *MACROPHOMINA PHASEOLINA*

O manejo da *Macrophomina phaseolina* em meloeiro (*Cucumis melo* L.) é desafiador devido à capacidade do patógeno de formar estruturas de resistência, como clamidósporos e escleródios, que podem persistir no solo e em restos vegetais por vários anos, além de sua baixa especificidade de hospedeiro, podendo infectar ampla gama de espécies vegetais, inclusive plantas daninhas. Condições ambientais, como altas temperaturas e baixa umidade, favorecem o desenvolvimento da doença (Sales Júnior *et al.*, 2012; Farr & Rossman, 2026). O uso de fumigantes químicos como o brometo de metila, anteriormente empregado para o controle desse e de outros patógenos do solo, foi proibido no Brasil em 2007 (Nascimento *et al.*, 2018).

Por ser uma abordagem econômica e ambientalmente segura, a utilização de cultivares ou porta-enxertos resistentes é considerada a estratégia mais eficaz dentro do manejo integrado de doenças causadas por patógenos do solo, como *M. phaseolina*. A resistência genética é de fácil implementação, compatível com outros métodos de controle e apresenta vantagens ecológicas, não causando danos ao ser humano nem ao meio ambiente (Sales Júnior *et al.*, 2015). Contudo, o sucesso de programas de melhoramento depende de fatores como a diversidade de virulência do patógeno, a disponibilidade e tipo de resistência genética e a eficiência dos métodos de avaliação dessa resistência (Oumouloud *et al.*, 2013).

O pré-melhoramento representa o primeiro passo para a obtenção de resistência, envolvendo a identificação de características ou genes de interesse presentes em materiais não adaptados ou não melhorados, que podem ser incorporados a genótipos adaptados e de alto valor produtivo (Nass & Paterniani, 2000). *Cucumis melo* é a cucurbitácea mais polimórfica, permitindo identificar genótipos com diferentes níveis de resistência a patógenos do solo (Villada *et al.*, 2009). Estudos recentes demonstram a eficácia de produtos biológicos formulados com microrganismos, como *Bacillus* e *Trichoderma*, na redução da incidência e

severidade de doenças radiculares, incluindo *M. phaseolina*, reforçando a necessidade de estratégias integradas de manejo em cultivos intensivos (Cavalcante *et al.*, 2025).

A identificação de fontes de resistência e o estudo de sua herança genética são etapas essenciais para programas de melhoramento. Por exemplo, o acesso Ag-15591Ghana demonstrou resistência moderada a *M. phaseolina*, controlada por um gene de efeito maior aditivo e dominante, além de poligenes com efeitos aditivos, tornando-o promissor para a introgressão em cultivares comerciais (Linhares, 2018; Ambrósio *et al.*, 2015; Salari *et al.*, 2012). Métodos rápidos de avaliação, como o uso de palitos de madeira, têm se mostrado eficazes na seleção de genótipos superiores, garantindo contato direto entre o patógeno e o tecido hospedeiro e reduzindo o risco de contaminação por outros patógenos (Siviero *et al.*, 2002; Santos, 2016).

Outras práticas de manejo que complementam a resistência genética incluem o uso de sementes saudáveis, manutenção do balanço hídrico adequado e cultivo em áreas livres da doença ou de culturas suscetíveis anteriores, como feijão e milho (Costa *et al.*, 2017). Estratégias como adubação verde podem reduzir o potencial de inóculo de patógenos do solo e melhorar as propriedades do solo, ao passo que a rotação de culturas apresenta eficácia limitada devido à ampla gama de hospedeiros do patógeno (Porto, 2015; Almeida *et al.*, 2014).

Dessa forma, a resistência genética, aliada a práticas de manejo integradas e sustentáveis, constitui a base para o manejo eficaz de *M. phaseolina* em meloeiro, reduzindo perdas econômicas e garantindo a sustentabilidade da produção.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 LOCAL DO EXPERIMENTO

Dois experimentos foram realizados na casa de vegetação localizada na Universidade Federal Rural do Semi-Árido - UFERSA, em Mossoró-RN. O município de Mossoró está situado a uma latitude sul de 5° 11', longitude 37° 21 a oeste de Greenwich e tem 18,0 m de altitude acima do nível do mar, apresentando temperatura média de 27,4°C, com precipitação pluviométrica anual muito irregular e com umidade relativa média do ar de 68,9% (Sobrinho *et al.*, 2011). O clima, segundo a classificação de Koppen, é 'BSWh' (muito seco, com estação de chuva no verão atrasando-se para o outono) (Alvares *et al.*, 2013).

3.2 EXPERIMENTO I – IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA

3.2.1 Germoplasma avaliado

Foram avaliados vinte acessos de melão da coleção ativa de germoplasma da UFERSA, conforme Tabela 1. A escolha dos acessos considerou principalmente informações já existentes na literatura e em avaliações anteriores conduzidas tanto pelo grupo GERMEV da universidade quanto por outros grupos, especialmente no que diz respeito à reação a *M. phaseolina*, variabilidade genética, origem geográfica e características agronômicas relevantes. Assim, priorizaram-se acessos que já apresentavam dados preliminares de comportamento contrastante (resistência e suscetibilidade) ao patógeno, bem como aqueles com potencial para uso em programas de melhoramento.

Tabela 1. Relação dos acessos de meloeiro utilizados no estudo de reação a *M. phaseolina*.

Acesso	Origem	Grupo
C-04	Espanha	<i>Cantalupenses</i>
PI 185111	Gana	<i>Agrestis</i>
C-18	Espanha	<i>Cantalupenses</i>
C-22	Espanha	<i>Makuwa</i>
C-27	Espanha	<i>Chinensis</i>
C-30	Espanha	<i>Makuwa</i>
C-32	Coreia do Sul	<i>Conomon</i>
C-82	Espanha	<i>Inodorus</i>
C-86	Índia	<i>Chinensis</i>
C-91	África	<i>Cassaba</i>

C-95	Espanha	<i>Ameri</i>
C-80	Índia	<i>Chinensis</i>
Perlita	França	<i>Inodorus</i>
PI 313970	Índia	<i>Acidulus</i>
PI 179901	Índia	<i>Momordica</i>
PI 234607	África do Sul	<i>Cantalupensis</i>
PI 236355	Inglaterra	<i>Reticulatus</i>
Negro	Espanha	<i>Inodorus</i>
Top Mark	EUA	<i>Cantalupensis</i>
Goldex	Espanha	<i>Inodorus</i>

Fonte: A autora (2026).

3.2.2 Isolado e preparo do inóculo

O isolado CMM-1531 de *M. phaseolina* que está depositado na Coleção de Culturas de Fungos Fitopatogênicos da Universidade Federal Rural de Pernambuco, Brasil, foi utilizado devido à sua elevada agressividade em meloeiro, tendo sido coletado de raízes de meloeiro com sintomas de podridão radicular, de área produtora de melão em Mossoró-RN, preservado na coleção de culturas de fungos do laboratório de Fitopatologia, do setor de Fitossanidade da Ufersa (Ambrósio *et al.*, 2015).

O isolado foi multiplicado realizando-se a repicagem para meio de cultura Batata Dextrose Ágar (BDA) + antibiótico (tetraciclina - 0,05 g L⁻¹) e mantido em estufa tipo B.O.D. a 28 ± 2°C por cinco dias. A repicagem foi feita em placas de Petri contendo meio de cultura BDA e pontas de palitos de dente (1,5 cm), inseridas verticalmente em um disco de papel filtro. O isolado foi incubado em estufa tipo B.O.D. a 28 ± 2°C por sete dias, até a completa colonização dos palitos (Ambrósio *et al.*, 2015).

3.2.3 Condução experimental, inoculação e avaliação

As sementes dos acessos foram previamente submetidas a um processo de seleção, escolhendo-se aquelas bem formadas e isentas de danos visíveis, descartando-se as que apresentavam deformações. Posteriormente, foram semeadas em bandeja de polietileno de 200 células, preenchidas com substrato orgânico (Basaplant®), autoclavado duas vezes, com intervalo de 24 h. As bandejas foram mantidas em casa de vegetação para germinação das sementes. Dez dias após a semeadura, foi realizado o transplântio das mudas para vasos plásticos pretos com capacidade de 450 ml de volume, preenchidos com o mesmo substrato autoclavado.

O delineamento experimental adotado foi o inteiramente casualizado com cinco repetições, sendo a parcela constituída por um vaso com uma planta. A inoculação do fungo foi

realizada aos 20 dias após a semeadura, seguindo-se a metodologia do palito, onde pontas de palito de dentes previamente infestado com as estruturas do fungo (microescleródios e hifas) foi introduzido no colo, a 1 cm acima do solo. (Figura 1) (Ambrósio *et al.*, 2015).



Figura 1. Plantas de melão inoculada com *M. phaseolina* pelo método do palito. Fonte: A autora (2026).

Aos quarenta dias após inoculação do fungo, foi avaliada a severidade da doença utilizando-se a escala adaptada proposta por Ravf e Ahmad (1998), onde foram atribuídas notas de 0 a 5 de acordo com a severidade visual de sintomas presentes, sendo 0: Plantas assintomática; 1: menos de 3% de tecidos infectados; 2: 3-10% dos tecidos infectados; 3: 11-25% de tecidos infectados; 4: 26-50% de tecidos infectados e 5: mais que 50% dos tecidos infectados (Figura 2) (Ambrósio *et al.*, 2015).



Figura 2. Escala de notas da severidade da doença, causada por *M. phaseolina* avaliadas em acessos de meloeiro, usando a metodologia de inoculação do palito de dente. Fonte: A autora (2026).

A severidade média da doença foi calculada para cada acesso e usada para classificar as cultivares em cinco classes de reação: 0 = imune (I); 0,1-1,0 = altamente resistente (AR); 1,1-2,0 = moderadamente resistente (MR); 2,1-4,0 = suscetível (SU) e 4,1-5,0 = altamente suscetível (AS) (Salari *et al.*, 2012).

Após a avaliação dos sintomas, as plantas sintomáticas foram encaminhadas ao laboratório com a finalidade de realizar o reisolamento do patógeno e confirmar a presença de *Macrophomina phaseolina* nas lesões observadas. Para tanto, foram coletados fragmentos da região de transição entre o tecido saudável e o tecido lesionado. Esses fragmentos passaram por desinfestação superficial em álcool etílico a 70% por 30 segundos, seguida de imersão em solução de hipoclorito de sódio a 2,5% por um minuto, sendo posteriormente lavados em água destilada esterilizada. Em seguida, os fragmentos foram transferidos para placas de Petri contendo meio de cultura batata-dextrose-ágar (BDA) mais antibiótico tetraciclina (0,05 g L⁻¹). As placas foram mantidas em estufa do tipo B.O.D., sob temperatura de 28 ± 2 °C. Após cinco dias de incubação, procedeu-se à análise do crescimento fúngico por meio de microscopia óptica, visando à confirmação da presença de *M. phaseolina* e à sua caracterização morfológica.

3.2.4 Análise estatística

Como a variável considerada era categórica, realizou-se o teste de Qui-quadrado de Kruskal-Wallis. Também foi estimado o tamanho do efeito (TE) utilizando o quadrado de Etha (η^2) conforme Cohen (1988). As comparações múltiplas foram feitas pelo teste de Dunn utilizando taxa nominal de significância de $\alpha = 0,05$. Todas as análises foram feitas utilizando o pacote *rstatix* (Kassambara, 2025) do programa R Versão 4.5.2 (R core team, 2025)

3.3 EXPERIMENTO II – ESTUDO DA HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO PI 185111

3.3.1 Populações avaliadas

Para o estudo da herança da resistência, foram avaliados dois genitores pertencentes à coleção ativa de germoplasma de meloeiro da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA). Como genitor resistente, foi utilizado o acesso PI 185111, originário de Gana, pertencente à variedade botânica *agrestis*, com mesocarpo de coloração branca e baixo teor de sólidos solúveis (< 5,0 °Brix) (Figura 3A).

O genitor suscetível foi a linhagem Gx-001 de melão amarelo var. *inodorus* com frutos

sem aroma, casca levemente enrugada de coloração amarela. O mesocarpo tem coloração verde-claro e alto teor de sólidos solúveis ($> 10,0$ °Brix) (Figura 3B).

A escolha dos genitores foi baseada em informações prévias da literatura e em avaliações fitopatológicas realizadas anteriormente. O acesso PI 185111 foi selecionado como fonte de resistência por já ter sido identificado como resistente a *M. phaseolina* em estudos conduzidos com meloeiro, apresentando reação consistente sob inoculação artificial (Ambrósio *et al.*, 2015; Linhares *et al.*, 2018; Martins, 2021). Esses trabalhos demonstraram o potencial desse acesso como fonte genética promissora para programas de melhoramento visando à resistência à podridão radicular.

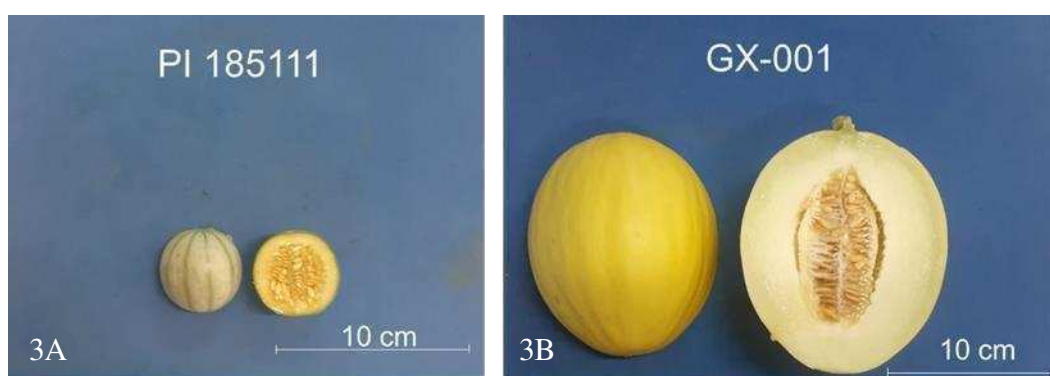


Figura 3. Genitor resistente (Acesso PI 185111) e suscetível (Gx-001) utilizados no estudo. Fonte: A autora (2026).

Foi avaliado um total de 218 plantas, sendo seis plantas de cada um dos genitores, e seis geração F1 e duzentas plantas da geração segregante F2 (Figura 4). A testemunha foi composta por seis plantas da linhagem Gx-001, nas quais foram introduzidos os palitos sem conter as estruturas do fungo.

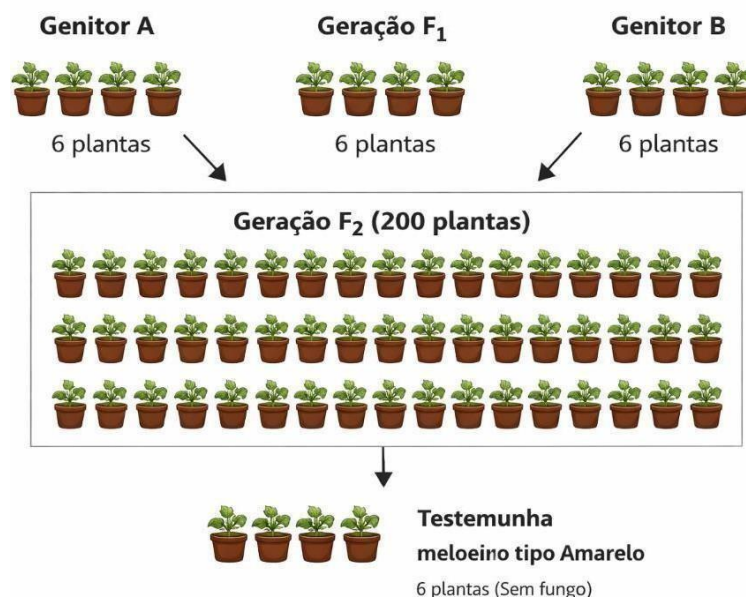


Figura 4. Croqui das populações analisadas no estudo de herança. Fonte: A autora (2026).

3.3.2 Isolado, inoculação e avaliação

O isolado utilizado, produção do inóculo, inoculação e avaliação seguem as mesmas descrições apresentadas nos itens 3.1.2 e 3.1.3.

3.3.3. Análises estatísticas

3.3.3.1 Ajuste do modelo monogênico (Teste Qui-quadrado)

Para aplicação do teste Qui-quadrado, as plantas foram agrupadas em duas classes de reação: aquelas com notas 0 e 1 foram classificadas como resistentes, ao passo que as plantas com notas de 2 a 5 foram classificadas como suscetíveis. A partir das frequências observadas e esperadas em cada classe de reação conforme o modelo monogênico, aplicou-se o teste de Qui-quadrado (χ^2) com um grau de liberdade para ajustar o modelo.

3.3.3.2 Estudo de gerações

A partir das notas para as plantas individuais dos genitores e gerações F₁ e F₂, foram estimados os componentes de média e variâncias pela metodologia de (Mather; Jinks, 1984). Para as análises, utilizou-se o programa Genes (Cruz, 2013) e Monogen v.0.1.

3.3.3.3 Estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos

Foram utilizadas as notas da severidade de sintomas apresentados pelas plantas para obtenção das variâncias das populações P1, P2, F1, F2. Com essas variâncias, foram obtidas as variâncias genéticas σ^2_G , ambiental σ^2_E , fenotípica σ^2_{F2} , aditiva σ^2_A e de dominância σ^2_D , bem como as herdabilidades no sentido amplo h^2_g e restrito h^2_a .

As expressões das estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos (Mather; Jinks, 1984) estão apresentadas a seguir:

$$\sigma^2_E = [\sigma^2_{P1} * \sigma^2_{P2} * \sigma^2_{F1}]^{1/3}$$

$$\sigma^2_{F2} = \sigma^2_G + \sigma^2_E$$

$$\sigma^2_G = \sigma^2_{F2} - \sigma^2_E$$

$$\sigma^2_G = \sigma^2_A - \sigma^2_D$$

$$\sigma^2_D = \sigma^2_A + \sigma^2_A$$

$$h^2_g = \sigma^2_G / \sigma^2_{F2}$$

$$h^2_a = \sigma^2_A / \sigma^2_{F2}$$

Em que:

σ^2_{P1} : estimativa da variância entre plantas dentro de P1;

σ^2_{P2} : estimativa da variância entre plantas dentro de P2;

σ^2_{F1} : estimativa da variância entre plantas dentro de F1;

σ^2_{F2} : estimativa da variância entre plantas dentro de F2;

h^2_g : herdabilidade no sentido amplo;

h^2_a : herdabilidade no sentido restrito.

Os efeitos aditivos [a] e não aditivos [d] do(s) gene(s) que controla(m) a característica foram estimados a partir das médias das gerações, pelo método dos quadrados mínimos ponderados (Mather; Jinks, 1984).

$$P\bar{I} = m - [a]$$

$$P\bar{Z} = m + [a]$$

$$F\bar{I} = m + [d]$$

$$F\bar{Z} = m + 0,5 \cdot [d]$$

$$GMD = [d]/[a]$$

$$\eta = R^2 \frac{1 + 0,5GMD^2}{8\sigma_G^2}$$

Em que:

R^2 : amplitude total da geração F2;

$P\bar{I}, P\bar{Z}, F\bar{I}, F\bar{Z}$: são as médias estimadas das gerações P1, P2, F1, F2 respectivamente;

m : média dos genitores P1 e P2;

$[a]$: efeito gênico aditivo;

$[d]$: efeito gênico de dominância.

Foi utilizado o programa GENES (Cruz, 2013) para o processamento de todas as análises estatísticas.

3.3.3.4 Modelos de Máxima Verossimilhança

Os modelos genéticos foram avaliados utilizando a máxima verossimilhança em misturas de funções de densidade normal, conforme descrito por Silva (2003). As distribuições de cada uma das populações foram as seguintes:

$$\text{Homozigotos P1: } N(\mu - [a] - A, \sigma^2)$$

$$\text{Homozigotos P2: } N(\mu - [a] + A, \sigma^2)$$

Efeitos de dominância: $N(\mu - [d] - D, \sigma^2)$

Geração F2 (mistura de três distribuições normais): $\frac{1}{4}N(\mu + [d]2 - A, \sigma^2 + VA + VD) + \frac{1}{2}N(\mu + [d]2 + D, \sigma^2 + VA + VD) + \frac{1}{4}N(\mu + [d]2 + A, \sigma^2 + VA + VD)$

μ : Constante de referência

A : Efeito aditivo do gene de efeito maior

D : efeito de dominância do gene de efeito maior

$[a]$: componente poligênico aditivo

$[d]$: componente poligênico de dominância

VA : variância aditiva

VD : variância atribuída aos desvios de dominância dos efeitos poligênicos

SAD : componente da variação relativa aos produtos dos efeitos poligênicos aditivos pelos efeitos poligênicos de dominância

σ^2 : variância ambiental

Para cada população, as distribuições consideraram os efeitos do gene de efeito maior, com componentes aditivos e de dominância, bem como os efeitos poligênicos aditivos e de dominância. Nas gerações F2, as funções de densidade foram construídas como misturas de três distribuições normais. Os parâmetros incluíram a constante de referência (μ), os efeitos aditivo e de dominância do gene de efeito maior (A e D), os componentes aditivos e de dominância poligênicos ($[a]$ e $[d]$), as variâncias aditiva e de dominância (VA e VD), a interação entre efeitos aditivos e de dominância poligênicos (SAD) e a variância ambiental (σ^2).

O modelo mais geral adotado considerou a presença de um gene de efeito maior, juntamente com polígenes com efeitos aditivos e de dominância, assumindo variâncias ambientais iguais em todas as gerações e genes independentes. A partir das funções de verossimilhança, foram realizados testes de hipóteses hierárquicos utilizando a estatística LR, que compara modelos simplificados com o modelo mais completo, permitindo identificar os modelos mais adequados para explicar a herança da resistência do acesso PI 185111. Todas as análises foram realizadas nos programas Monogen v.0.1 e Genes v.1.3 (Silva, 2003; Cruz, 2013).

Tabela 2. Modelos de herança utilizados pelo programa Monogen v.0.1.

Modelo	Parâmetros
1: Gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos e de dominância	$\mu, A, D, [a], [d], V_a, V_D, S_{aD}, \sigma^2$
2: Gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos	$\mu, A, D, [a], V_a, \sigma^2$
3: Gene maior com efeito aditivo + poligenes com efeitos aditivos e de dominância	$\mu, A, [a], [d], V_a, V_D, S_{aD}, \sigma^2$
4: Gene maior com efeito aditivo + poligenes com efeito aditivo	$\mu, A, [a], V_a, \sigma^2$
5: Poligenes com efeitos aditivos e de dominância	$\mu, [a], [d], V_a, V_D, S_{aD}, \sigma^2$
6: Poligenes com efeito aditivo	$\mu, [a], V_a, \sigma^2$
7: Gene maior com efeitos aditivo e de dominância	μ, A, D, σ^2
8: Gene maior com efeito aditivo	μ, A, σ^2
9: Apenas efeito do ambiente	μ, σ^2

Fonte: A autora (2026).

4 RESULTADOS

4.1 IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA

Verificou-se efeito de acessos para severidade da doença pelo teste de Qui-quadrado de Kruskal-Wallis ($p < 0,05$) (Tabela 3). Este efeito pode ser considerado grande a partir da estimativa do quadrado de Etha ($\eta^2 = 0,51$), conforme Cohen (1988).

Tabela 3. Rank médio, média $\pm$ desvio padrão, teste de Dunn (GRUPO) e reação de acessos de meloeiro inoculados por *Macrophomina phaseolina*.

Acesso	Rank médio	Média $\pm$ SD	GRUPO*	Reação
Perlita	87,4	4,6 $\pm$ 0,58	a	AS
C-27	83,6	4,2 $\pm$ 0,84	a-b	AS
Gol dex	73,5	3,4 $\pm$ 1,14	a-c	S
C-04	67,2	3,4 $\pm$ 1,35	a-e	S
C-95	63,4	3,2 $\pm$ 1,58	a-f	S
C-18	69,7	3,0 $\pm$ 0,71	a-d	S
Negro	60,9	3,0 $\pm$ 1,41	a-f	S
PI 234607	67,2	3,0 $\pm$ 1,23	a-g	S
Top Mark	54,6	2,6 $\pm$ 1,34	a-g	S
C-82	51,9	2,4 $\pm$ 1,14	a-g	S
C-32	49,4	2,4 $\pm$ 1,52	a-g	S
C-30	51,9	2,4 $\pm$ 1,14	a-g	S
PI 236355	50,8	2,2 $\pm$ 0,45	a-g	S
C-91	45,0	2,0 $\pm$ 1,10	b-g	MR
PI 179901	32,4	1,4 $\pm$ 0,90	c-g	MR
PI 313970	28,9	1,4 $\pm$ 0,55	d-g	MR
C-22	22,0	1,0 $\pm$ 0,71	f-g	AR
C-80	25,5	1,0 $\pm$ 1,01	e-g	AR
C-86	15,1	0,6 $\pm$ 0,55	f-g	AR
PI 185111	18,6	0,6 $\pm$ 0,90	f-g	AR

Teste de Kruskal-Wallis: ($\chi^2 = 7,99$, $p = 0,018$, $n = 20$); Tamanho do efeito ($\eta^2 = 0,51$); *Teste de comparações múltiplas de Dunn. SD: Desvio Padrão. AR: Altamente resistente; MR: Moderadamente resistente; S: Suscetível; AS: Altamente suscetível. Fonte: A autora (2026).

Os acessos C-86 e PI 185111 apresentaram os menores ranks médios, embora não tenham diferido dos acessos Top Mark, C-82, C-30, PI 236355, C-32, C-91, PI 179901, PI 313970, C-80 e C-22 (Tabela 3). Por outro lado, os acessos Perlita e C-27 apresentaram os maiores ranks médios, apesar de não terem diferido do Goldex, C-04, C-95, C-18, Negro, PI 234607, Top Mark, C-82, C-32, C-30 e PI 236355.

Considerando a classificação dos acessos quanto à resistência, constatou-se que os acessos C-22, C-80, C-86 e PI 185111 foram considerados altamente resistentes, ao passo que os acessos C-91, PI 179901 e PI 313970 foram moderadamente resistentes. Os acessos Perlita e C-27 foram altamente suscetíveis. Os demais acessos, correspondendo à maior parte dos genótipos avaliados (55%), foram classificados com suscetíveis (Tabela 3).

4.2 HERANÇA DA RESISTÊNCIA DO ACESSO PI 185111

Verificou-se que o pai suscetível, a linhagem Gx-001, apresentou maior média de severidade (Tabela 4).

Tabela 4. Média e variância de cada geração avaliada no estudo da herança do acesso PI 185111 a *Macrophomina phaseolina*.

Geração	n	Média	Variância
Gx-001	6	2.66	1.87
PI 185111	6	0.14	0.26
F1	6	0.14	0.50
F2	200	1.07	1.52

n: número de plantas. Fonte: A autora (2026).

Esse resultado era esperado, uma vez que o referido genitor tem se mostrado suscetível a *Macrophomina phaseolina*. Das seis plantas, quatro tiveram nota 2, uma teve nota 4 e uma, nota 5 (Figura 5). Para esse estudo, plantas com notas ≥ 2 são consideradas suscetíveis. Assim sendo, todas as plantas foram suscetíveis. Por outro lado, o acesso resistente PI 185111 teve cinco plantas sem sintomas (nota 0) e uma planta com nota 1. Portanto, todas as plantas foram consideradas resistentes (Figura 5).

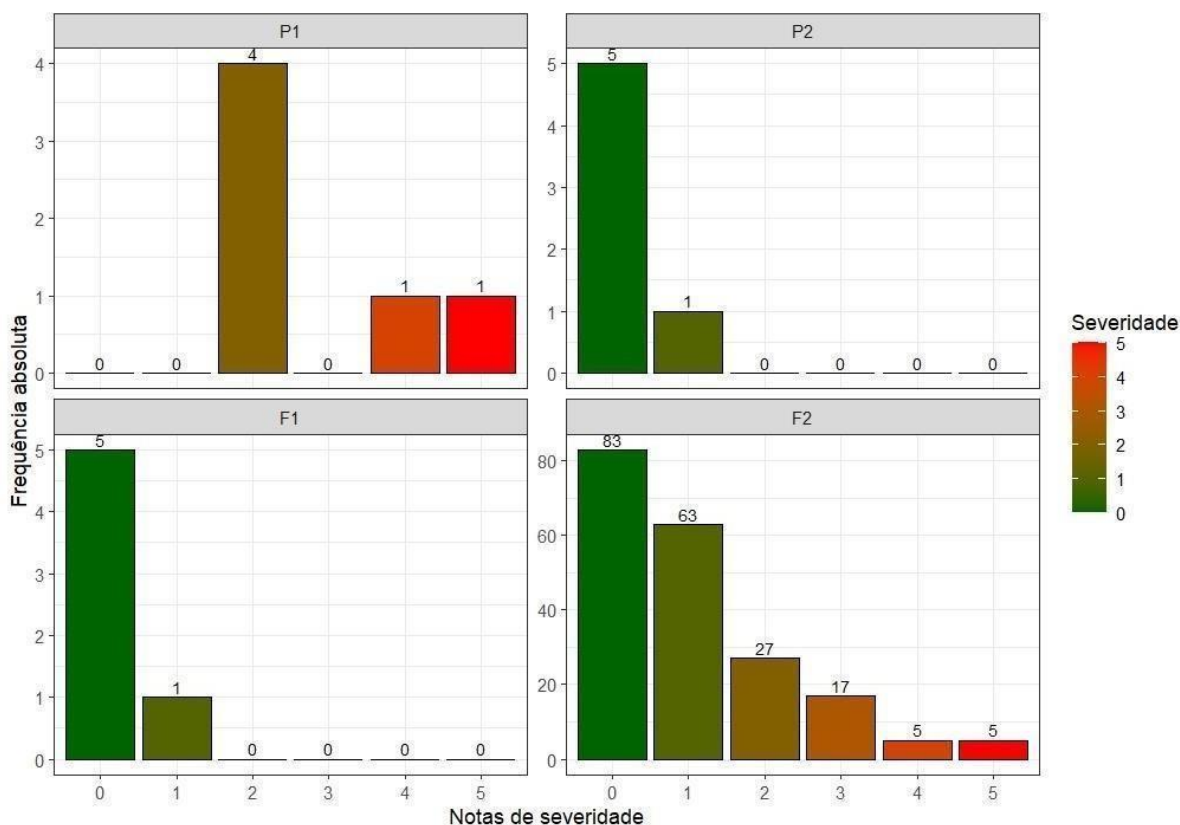


Figura 5. Histogramas de frequência das notas de severidade da podridão cinzenta causada por *Macrophomina phaseolina* nas populações parentais P1 (Gx-001) e P2 (PI 185111), geração F1 e população segregante F2. Os valores acima das barras indicam a frequência absoluta (F_a). Fonte: A autora (2026).

As estimativas da média de cada um dos genitores (Tabela 4) confirmam que os genitores utilizados são contrastantes, conforme observado em ensaios anteriores, inclusive no primeiro experimento de identificação de fontes de resistência (Tabela 3). Os resultados das médias evidenciam o contraste fenotípico entre os genitores utilizados no estudo da herança da resistência do acesso PI 185111 a *Macrophomina phaseolina*.

A média da geração F1 foi igual à média do acesso resistente PI 185111, ao passo que a média de F2 de 1,07 foi inferior à média dos genitores (1,53). No que diz respeito à variância, verificou-se, como esperado, maior estimativa na geração segregante F2. As estimativas da média de cada genitor e de F1 foram semelhantes (Tabela 4). Ressalta-se que para essas três gerações a variabilidade é toda ambiental.

Para estudar a herança do ponto de vista qualitativo, utilizou-se as frequências absolutas das gerações em estudo (Tabela 5).

Tabela 5. Frequência absoluta observada de plantas resistentes e suscetíveis nos genitores e gerações F1 e F2, frequência esperada conforme modelo e estimativa de Qui-quadrado no estudo da herança do acesso PI 185111 a *Macrophomina phaseolina*.

Geração	n	Reação		FE	χ^2	Probabilidade
		Resistente	Suscetível			
Gx-001	6	0	6	0:1		
PI 185111	6	6	0	1:0		
F1	6	6	0	1:0		
F2	200	145	55	3:1	0,67	0,41

3²: Qui-quadrado. FE: Frequência esperada. Fonte: A autora (2026).

Testou-se o modelo com um gene e dois alelos, com dominância completa. Para este modelo, espera-se a proporção fenotípica de três plantas resistentes para uma suscetível em F2. Considerando plantas como resistentes e suscetíveis nesta geração, verificou-se uma proporção aproximada de 3:1. O teste de Qui-quadrado foi não significativo ($p > 0,05$), indicando que os desvios entre as frequências observadas e esperadas foram aleatórios. Portanto, a herança do acesso PI 185111 foi explicada pelo modelo genético mais simples.

O modelo aceito pelo teste de Qui-quadrado está ilustrado na Figura 6. O alelo dominante que condiciona a resistência foi denominado de *Mp*, e o alelo recessivo foi denominado *mp* (Figura 6).

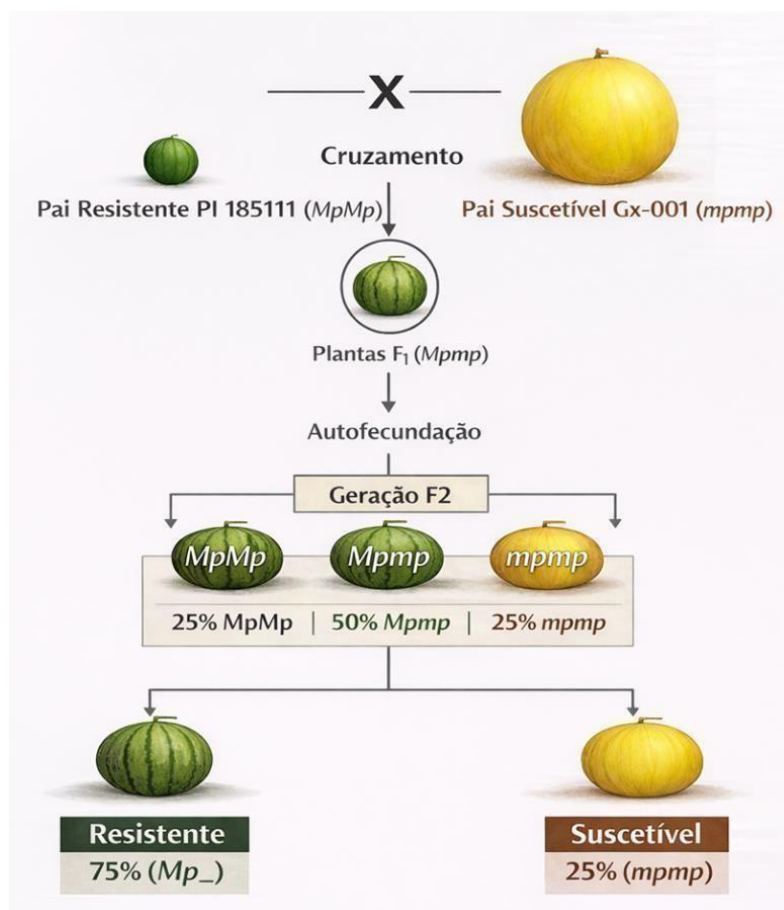


Figura 6. Modelo de herança da resistência do acesso PI 185111 a *Macrophomina phaseolina* quando cruzado com a linhagem suscetível Gx-001. O alelo Mp condiciona resistência e domina o alelo mp . Fonte: A autora (2026).

Considerando um enfoque quantitativo, ajustou-se o modelo para explicar a herança do acesso PI 185111 a *Macrophomina phaseolina* composto pela média dos genitores (m), dos efeitos aditivo (a) e efeito de dominância (d). Todas as estimativas dos parâmetros do modelo foram significativas (Tabela 6). O valor de Qui-quadrado foi não significativo, indicando que o modelo aditivo-dominante foi adequado para o conjunto de dados obtidos. O efeito de dominância negativo indica que a dominância atua no sentido de reduzir a severidade. O número de genes estimado próximo de uma unidade (0,62, arredondado para 1,0) corrobora a hipótese de controle monogênico apresentada na Tabela 6.

Tabela 6. Estimativas dos efeitos genéticos (média, aditivo e dominante), desvio padrão e intervalo de confiança *bootstrap* no estudo da herança do acesso PI 185111 a *Macrophomina phaseolina*.

Efeito	Estimativa	DP	Intervalo de confiança (95%)	
			LI	LS
<i>m</i>	1,35**	0,19	0,96	1,72
<i>a</i>	0,89**	0,22	0,47	1,31
<i>d</i>	-0,66*	0,35	-1,35	0,02

$$\chi^2 = 1,70 \text{ (p} = 0,18\text{)}$$

m: média dos homozigotos; a: efeito aditivo dos genes; d: efeito do desvio de dominância. Desvio-padrão; LI: Limite inferior; LS: Limite superior. Fonte: A autora (2026).

Na análise envolvendo modelos hierárquicos, verificou-se que o modelo 2 (Gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos) diferiu dos modelos 4, 6, 8 e 9, mas não diferiu do modelo 7 (Gene maior com efeitos aditivo e de dominância), indicando que o efeito de poligenes aditivos não é significativo (Tabela 7). O modelo 7 diferiu dos modelos 8 e 9, indicando que o modelo com apenas um gene maior com efeitos aditivo e de dominância é suficiente para explicar a herança da resistência do acesso PI 185111.

As estimativas dos parâmetros genéticos indicaram efeito aditivo positivo (*A*) e dominância negativa do gene maior (*D*) (Tabela 7), confirmando que esse gene contribui consistentemente para a redução da severidade da doença e que a presença de um único alelo favorável é suficiente para expressar o fenótipo resistente.

Tabela 7. Testes de hipóteses e estimativas dos efeitos genéticos e intervalos de confiança obtidos na análise envolvendo modelos hierárquicos em estudo de herança da resistência do acesso PI 185111 a *Macrophomina phaseolina*.

Teste	gl	χ^2_c	Probabilidade
2 vs 4	1	19,01	0,0001
2 vs 6	2	19,02	0,0001
2 vs 7	2	3,07	0,2156
2 vs 8	3	20,33	0,0001
2 vs 9	4	28,94	0,0000
4 vs 6	1	0,00	0,9999
4 vs 8	2	1,31	0,5196
4 vs 9	3	9,92	0,0193

6 vs 9	2	9,91	0,0070
7 vs 8	1	17,26	0,0000
7 vs 9	2	25,87	0,0000
8 vs 9	1	*	*
Efeito	Estimativa	Intervalo de confiança (95%)	
		LI	LS
<i>m</i>	1,71	1,52	1,90
<i>A</i>	1,17	0,89	1,36
<i>D</i>	-0,89	-1,17	-0,59

* Não convergiu. *m*: média dos homozigotos; *A*: efeito aditivo dos genes; *D*: efeito do desvio de dominância; LI: Limite inferior; LS: Limite superior. Fonte: A autora (2026).

5 DISCUSSÃO

5.1 FONTES DE RESISTÊNCIA A *MACROPHOMINA PHASEOLINA* EM MELÃO

Existem poucos relatos de trabalhos feitos para identificar fontes de resistência a *M. phaseolina*. Salari *et al.* (2012) identificaram duas fontes moderadamente resistentes ('Sfidak khatdar' e 'Sfidak bekhat') com níveis intermediários de danos da haste ao avaliar sete variedades crioulas iranianas. Linhares (2018) observaram que o acesso PI 185111, por ela denominado de C-14, foi resistente nas mesmas condições de Mossoró. Ambrósio *et al.* (2015), nas condições de Valencia, na Espanha, também concluíram que o PI 185111 é resistente a *Macrophomina phaseolina*.

Em um trabalho mais amplo realizado na Espanha em condições de casa de vegetação, Ambrósio *et al.* (2015) verificaram sete acessos altamente resistentes: Ag-15591Ghana, Dud-CUM296Georg, Ag-C38Nig, Can-NYIsr, Con-Pat81Ko, Dud-QPMAfg e Ac-TGR1551Zimb. O acesso designado por Ag-15591Ghana é o PI 185111 utilizado neste trabalho. No Brasil, sob condições de casa de vegetação, Linhares (2018) avaliaram os sete acessos citados como altamente resistentes por Ambrósio *et al.* (2015). Apenas o acesso PI 185111 foi resistente. Linhares *et al.* (2020) também verificaram que a resistência dos acessos cai em virtude do aumento da temperatura. Todavia, o PI 185111 manteve-se com elevado nível de resistência, mesmo a 34°C.

Os resultados supracitados apontaram que o PI 185111 é uma promissora fonte de resistência a *Macrophomina phaseolina*. O referido acesso pertence ao grupo botânico *agrestis*, cultivado em vários estados da Índia. Frutos desse grupo botânico são muito pequenos, ovais ou elípticos com casca lisa verde, mesocarpo finíssimo com coloração de verde intenso, baixo teor de sólidos solúveis e com muitas sementes.

5.2 HERANÇA DA RESISTÊNCIA A *MP* EM MELÃO

Uma vez identificada a fonte de resistência, é importante que se conheça a herança da resistência. Essa informação definirá como fazer a introgressão de genes para *backgrounds* comerciais. Duas investigações foram executadas para conhecer a herança da resistência do acesso PI 185111. Martins (2021) verificou que a resistência é controlada por um gene maior com a presença de efeitos aditivo e de dominância, corroborando com o resultado obtido neste trabalho. Por outro lado, Linhares (2018) observou que a herança foi condicionada por um gene de efeito maior aditivo e dominante e poligenes de efeitos aditivos. Ressalta-se que resultados

discrepantes em estudo de herança de um mesmo genitor resistente são explicados principalmente pelos diferentes cruzamentos que condicionam combinações alélicas distintas. Martins (2021) utilizou como genitor suscetível o acesso Con-Pat81Ko, que pertence ao grupo conomon, ao passo que Linhares (2018) utilizou um genitor suscetível do grupo inodorus do tipo Pele de Sapo. Em adição, as condições ambientais e o próprio método de inoculação e avaliação podem ser fatores que resultam em conclusões distintas entre trabalhos.

Além disso, o tipo de análise estatística abordada pode levar a resultados não concordantes. No presente trabalho, utilizou-se três abordagens em função dos pontos de vistas qualitativo e quantitativo. Do ponto de vista qualitativo, considerando a escala de nota adotada e a classificação de plantas resistentes (notas de 0 a 1) e suscetíveis (notas de 2 a 5), bem como do ponto de vista quantitativo, mesmo com as ressalvas da aplicação das metodologias adotadas, os resultados convergiram para uma herança monogênica dominante.

Do ponto de vista pragmático, quando a herança da resistência é governada por um gene de efeito maior com dominância completa, o método de melhoramento por retrocruzamentos é mais indicado na condução do programa de melhoramento genético para obter linhagens resistentes, conforme também discutido em estudos de resistência a *M. phaseolina* em outras culturas (Linhares, 2018; Martins, 2021; Bizari, 2018). Trata-se de uma estratégia simples que permite obter genótipos resistentes e com frutos com o padrão comercial desejado. Fita *et al.* (2009) obtiveram, por retrocruzamento, linhagens resistentes a *M. cannonballus* com *background* tipo Pele de Sapo a partir da fonte de resistência do acesso Con-Pat81Ko.

Além do uso como fonte de resistência em programas de retrocruzamentos, outra possibilidade não excludente é a utilização do PI 185111 como porta-enxerto. A técnica da enxertia em meloeiro possibilita evitar o contato entre planta suscetível e fungo, utilizando porta-enxertos resistentes, sendo uma importante opção para o manejo de patógenos radiculares (Silva *et al.*, 2025). O uso de mudas enxertadas de melão e melancia tem aumentado significativamente em todo o mundo, especialmente como estratégia para o controle de doenças de solo e aumento da tolerância a estresses abióticos (Lee *et al.*, 2010; Liu *et al.*, 2025), especialmente em Israel (Cohen *et al.*, 2016), onde resultados promissores contra *M. phaseolina* foram obtidos por Cohen *et al.* (2012). Os autores citados verificaram que a podridão cinzenta em plantas enxertadas diminuiu em 80%.

O meloeiro pode ser enxertado sobre porta-enxertos pertencentes a outras cucurbitáceas e ao próprio melão (King *et al.*, 2010). Resultados promissores foram observados com o uso de porta-enxertos contra *M. cannonballus* (Edelstein *et al.*, 1999), *Stagonosporopsis*

cucurbitacearum, *Meloidogyne incognita*, *M. javanica* e *M. enterolobi* (Silva *et al.*, 2025). O acesso Con-Pat81Ko, por exemplo, foi utilizado como porta-enxerto com excelentes resultados. Plantas enxertadas sobre o referido acesso tiveram poucos sintomas e boa qualidade de frutos quando comparadas a plantas enxertadas sobre porta-enxertos do gênero *Cucurbita*. Além disso, não se observou incompatibilidade ao se utilizar o acesso Con-Pat81Ko como porta-enxerto (Fita *et al.*, 2007). Portanto, trabalhos futuros podem ser realizados tendo o PI 185111 como porta-enxerto para resistência a *M. phaseolina*.

Os resultados obtidos neste trabalho evidenciam o elevado potencial do acesso PI 185111 como fonte de resistência a *M. phaseolina*, confirmando sua utilidade tanto em programas de melhoramento genético quanto em estratégias alternativas de manejo, como o uso em enxertia. No entanto, a busca por fontes de resistência efetivas ainda representa um desafio significativo, especialmente em virtude da elevada variabilidade genética do patógeno, da influência de fatores ambientais, como temperatura e estresse hídrico, e da escassez de acessos com níveis consistentes de resistência em diferentes condições. Além disso, a introgressão de genes de resistência em genótipos comerciais exige múltiplos ciclos de seleção e retrocruzamento, visando a manter simultaneamente a resistência e as características agronômicas desejáveis.

Nesse contexto, os resultados que indicam herança monogênica com dominância completa facilitam a condução de programas de melhoramento, permitindo o uso eficiente de métodos como o retrocruzamento e a seleção assistida. Como próximos passos, recomenda-se a validação da resistência do acesso PI 185111 em condições de campo, a avaliação de sua estabilidade frente a diferentes isolados do patógeno e condições ambientais, bem como sua utilização no desenvolvimento de linhagens resistentes e na avaliação como porta-enxerto. Essas abordagens contribuirão para o desenvolvimento de cultivares resistentes, promovendo maior sustentabilidade e segurança fitossanitária na cultura do meloeiro.

6 CONCLUSÕES

Os acessos de meloeiro C-22, C-80, C-86 e PI 185111 são altamente resistentes. A resistência do acesso PI 185111 a *Macrophomina phaseolina* é controlada por um gene maior com efeitos aditivo e de dominância. O modelo 7 (Gene maior com efeitos aditivo e de dominância) é o mais adequado para explicar a herança do acesso PI 185111 a *M. phaseolina*.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, A. M. R.; SEIXAS, C. D. S.; FARIAS, J. R. B.; OLIVEIRA, M. C. N.; FRANCHINI, J. C.; DEBIASI, H.; GAUDÊNCIO, C. D. A. *Macrophomina phaseolina* em soja. **Embrapa Soja-Documents** (INFOTECA-E), 2014. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/989352>. Acesso em: 18 fev. 2025.
- ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; GONÇALVES, J. D. M.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013. Disponível em: https://www.schweizerbart.de/papers/metz/detail/22/82078/Koppen_s_climate_classification_map_for_Brazil?af=crossref. Acesso em: 15 mar. 2025.
- ALVES, R. E. (org). **Melão**: pós-colheita. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical; Brasília-DF: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, (Frutas do Brasil, 10), 2000.
- AMBRÓSIO, M. M. Q.; DANTAS, A. C. A.; MARTÍNEZ-PEREZ, E.; MEDEIROS, A. C.; NUNES, G. H. S.; PICÓ, M. B. Screening a variable germplasm collection of *Cucumis melo* L. for seed ling resistance to *Macrophomina phaseolina*. **Euphytica**, Holanda, v. 206, n. 2, p. 287-300, 2015. Disponível em: <https://riunet.upv.es/server/api/core/bitstreams/187bbd33-1c5d-4b6b-b04e-23449cbe837e/content>. Acesso em: 16 jun. 2024.
- BAKHSHI, E.; SAFAIE, N.; SHAMS-BAKHSI, M. *Bacillus amyloliquefaciens* as a biocontrol agent improves the management of charcoal root rot in melon. **Journal of Agricultural Science and Technology**, v. 20, p. 597-607, 2018. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/325533940_Bacillus_amyloliquefaciens_as_a_biocontrol_agent_improves_the_management_of_charcoal_root_rot_in_melon. Acesso em: 10 jan. 2025.
- BIZARI, E. H. **Estudo de herança genética da resistência à *Macrophomina phaseolina* na cultura da soja**. 2018. 134f. Tese (Doutorado em Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2018. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/server/api/core/bitstreams/b50d9098-5432-4dd7-902b-a9d6a18cb417/content>. Acesso em: 10 mar. 2025.
- CAVALCANTE, Allinny Luzia Alves *et al.* Efficacy of Biological Products in Managing Root Pathogens in Melons. **Agronomy**, v. 15, n. 9, p. 2105, 2025. Disponível em: https://www.mdpi.com/2073-4395/15/9/2105?utm_source=researchgate.net&utm_medium=article. Acesso em: 20 out. 2025.
- COHEN, J. Statistical Power Analysis for the behavioral sciences. 2. Ed. Hillsdale, NJ: Lawrence Erlbaum Associates, 1988.
- COHEN, R. *et al.* Charcoal rot (*Macrophomina phaseolina*) across melon diversity: Evaluating the interaction between the pathogen, plant age and environmental conditions as a

step towards breeding for resistance. **European Journal of Plant Pathology**, v. 163, n. 3, p. 601-613, 2022. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10658-022-02500-2>. Acesso em: 08 mar. 2024.

COHEN, R. *et al.* Management of *Macrophomina* wilt in melons using grafting or fungicide soil application: pathological, horticultural and economical aspects. **Crop Protection**, v. 35, p. 58-63, 2012. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0261219411004066?via%3Dihub>. Acesso em: 12 maio 2024.

COHEN, R.; ELKABETZ, M.; EDELSTEIN, M. Variation in the responses of melon and watermelon to *Macrophomina phaseolina*. **Crop Protection**, Inglaterra, v. 85, p. 46-51, 2016. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0261219416300461?via%3Dihub>. Acesso em: 05 jun. 2024.

COSTA, T. E. *et al.* Genetic similarity of *Macrophomina pseudophaseolina* isolates associated with weeds in the Brazilian semiarid region. **Rev. Caatinga**, Mossoró, n. 33, p. 908-917, 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rcaat/a/8MZbMMfkxqhDSBWJF4Y6Pkx/?lang=en>. Acesso em: 23 mar. 2025.

COSTA, N. D. (ed.). **A cultura do melão**. 3. ed. rev. e atual. Brasília, DF: Embrapa, 2017. 202 p. (Coleção Plantar, 76).

CRISÓSTOMO, J. R.; ARAGÃO, F. A. S. Melhoramento genético do meloeiro. In: VIDAL NETO, F. C.; CAVALCANTI, J. J. V. (org.). **O melhoramento genético de 50 plantas no Nordeste**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2014. p. 209–245. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/983845/1/CLV13034.pdf>. Acesso em: 20 dez. 2025.

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. Disponível em: <https://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/21251>. Acesso em: 17 out. 2025.

EDELSTEIN, M.; COHEN, R.; BURGER, Y.; SHRIBER, S.; PIVONIA, S.; SHTIENBERG, D. Integrated management of sudden wilt of melons, caused by *Monosporascus cannonballus*, using grafting and reduced rates of methyl bromide. **Plant Disease**, 83: 1142–1145. Disponível em: <https://apsjournals.apsnet.org/doi/10.1094/PDIS.1999.83.12.1142>. Acesso em: 11 maio 2025.

ENDL, J. *et al.* Repeated domestication of melon (*Cucumis melo* L.) in Africa and Asia and a new close relative from India. **American Journal of Botany**, v. 105, n. 2, p. 1662–1671, 2018. Disponível em: <https://bsapubs.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/ajb2.1172>. Acesso em: 19 nov. 2025.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAO). **Food and Agriculture Organization of the United Nations**. 2023. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat>. Acesso em: 17 mar. 2025.

FARR, D. F.; ROSSMAN, A. Y.; CASTLEBURY, L. A. United States **National Fungal Databases**. Beltsville: USDA-ARS Mycology and Nematology Genetic Diversity and Biology Laboratory. Disponível em: <https://fungi.ars.usda.gov>. Acesso em: 06 jan. 2026.

FITA, Ana; PICÓ, Belén; NUEZ, Fernando. Melon roots under stress: melon vine decline. **Plant Stress**, v. 1, n. 93, p. 104, 2007. Disponível em: [http://www.globalsciencebooks.info/Online/GSBOnline/images/0706/PS_1\(1\)/PS_1\(1\)93-104o.pdf](http://www.globalsciencebooks.info/Online/GSBOnline/images/0706/PS_1(1)/PS_1(1)93-104o.pdf). Acesso em: 09 fev. 2025.

FITA, Ana *et al.* ‘Piel de Sapo’ Breeding Lines Tolerant to Melon Vine Decline. **HortScience**, v. 5, p. 1458-1460, 2009. Disponível em: <https://journals.ashs.org/hort/hort/published/rest/pdf-watermark/v1/journals/hortsci/44/5/article-p1458.pdf/watermark-pdf/>. Acesso em: 20 fev. 2025.

GUIMARÃES, I. M. **Reação de germoplasmas de melão a *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* e herança da resistência do acesso AC-33 a *Monosporascus cannonballus***. 2016. 123 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2016. Disponível em: <https://repositorio.ufersa.edu.br/items/7a92fd51-1185-4543-9a1c-c72b264fc314>. Acesso em: 17 fev. 2025.

GUPTA, G. K.; SHARMA, S. K.; RAMTEKE, R. Biology, epidemiology and management of the pathogenic fungus *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid with special reference to Charcoal rot of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. **Journal of Phytopathology**, v. 160, p. 167–180, 2012. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1439-0434.2012.01884.x>. Acesso em: 26 ago. 2025.

HAMMER, Karl; GLADIS, Thomas. Notes on infraspecific nomenclature and classifications of cultivated plants in Compositae, Cruciferae, Cucurbitaceae, Gramineae (with a remark on *Triticum dicoccon* Schrank) and Leguminosae. **Genetic resources and crop evolution**, v. 61, n. 8, p. 1455-1467, 2014. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10722-014-0148-8>. Acesso em: 29 jun. 2024.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). **Produção Agrícola Municipal 2022**. Rio de Janeiro: IBGE, 2025. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/melao/br>. Acesso em: 26 maio 2025.

KASSAMBARA, Alboukadel. rstatix: Pipe-Friendly Framework for Basic Statistical Tests. **R package version 0.7.3.999**. Disponível em: <https://github.com/kassambara/rstatix>. Acesso em: 7 jan. 2026.

KING, S. R.; DAVIS, A. R.; ZHANG, X.; CROSBY, K. 2010. Genetics, breeding and selection of root stocks for Solanaceae and Cucurbitaceae. **Scientia Horticulturae**, v. 127, p.106-111, 2010. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0304423810003675?via%3Dihub>. Acesso em: 14 abr. 2025.

LEE, J. M.; KUBOTA, C.; TSAO, S. J.; BIE, Z.; ECHEVARRIA, P. H.; MORRA, L.; ODA, M. Current status of vegetable grafting: diffusion, grafting techniques, automation. **Scientia**

Horticultura, v. 127, p. 93-105, 2010. Disponível em:
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0304423810003699?via%3Dihub>.
 Acesso em: 12 jul. 2025.

LODHA, S.; MAWAR, R. Population dynamics of *Macrophomina phaseolina* in relation to disease management: A review. **Journal of Phytopathology**, n. 168, p. 1-17, 2019. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jph.12854>. Acesso em: 27 jul. 2025.

LIMA, F. L. S. *et al.* Resistance of *Cucurbita* spp. germplasm to the fungus *Macrophomina phaseolina*. **Ciência Agronômica**, v. 52, p. e20207568, 2021. Disponível em: <https://periodicos.ufc.br/revistacienciaagronomica/article/view/84986>. Acesso em: 24 jul. 2025.

LINHARES, C. M. S. **Reação de acessos e herança da resistência a *Macrophomina phaseolina* e efeito da temperatura na podridão cinzenta em meloeiro**. 2018. 115f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2018. Disponível em: <https://repositorio.ufersa.edu.br/items/d6371677-d1f7-4452-b690-9978912c7c9f>. Acesso em: 21 jun. 2025.

LINHARES, C. M. S. *et al.* Effect of temperature on disease severity of charcoal rot of melons caused by *Macrophomina phaseolina*: implications for selection of resistance sources. **European Journal of Plant Pathology**, n. 158, p. 431-441, 2020. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10658-020-02083-w>. Acesso em: 27 out. 2025.

LIU, Xuena *et al.* Research Progress on the Effect of Grafting Technology on Disease Resistance and Stress Resistance of Watermelon. **Horticulturae**, v. 11, n. 10, p. 1271, 2025. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2311-7524/11/10/1271>. Acesso em: 10 dez. 2025.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Biometrical Genetics**. 3^a ed. London: Chapman and Hall, 1984.

MACHADO, A. R.; PINHO, D. B.; PEREIRA, O. L. Bayesian analyses of five gene regions reveal a new phylogenetic species of *Macrophomina* associated with charcoal rot on oilseed crops in Brazil. **European Journal of Plant Pathology**, v. 153, p. 89-100, 2019. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10658-018-1545-1>. Acesso em: 17 jan. 2025.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA E PECUÁRIA (MAPA). **AGROFIT**: Sistema de agrotóxicos fitossanitários. Brasília: MAPA, 2026. Disponível em: <https://agrofit.agricultura.gov.br>. Acesso em: 15 nov. 2025.

MARTINS, A. F. **Herança da resistência do acesso AG-15591 Ghana a *Macrophomina phaseolina* em meloeiro**. 2021. 92f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2021. Disponível em: <https://repositorio.ufersa.edu.br/server/api/core/bitstreams/15c3f3d0-d7e8-4da2-8d0c-0484e517b061/content>. Acesso em: 07 ago. 2025.

MARQUEZ, N. *et al.* *Macrophomina phaseolina*: General characteristics of pathogenicity and methods of control. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, p. 634397, 2021. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2021.634397/full>. Acesso em: 07 mar. 2025

MEDEIROS, A. C.; MELO, D. R. M.; AMBRÓSIO, M. M. Q.; NUNES, G. H. S.; COSTA, J. M. Métodos de inoculação de *Rhizoctonia solani* e *Macrophomina phaseolina* em meloeiro (*Cucumis melo*). **Summa phytopathologica**, Botucatu, v. 41, n. 4, p. 281-286, 2015. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/sp/a/mrLv8P4vPSWCWm3mqv9w3sh/?lang=pt>. Acesso em: 07 mar. 2025

MENEZES, J. B.; FILGUEIRAS, H. A. C.; ALVES, R. E.; MAIA, C. E.; ANDRADE, G. G.; ALMEIDA, J. H. S.; VIANA, F. M. P. Características do melão para exportação. In: ALVES, R. E. (org.). **Melão: pós-colheita**. Brasília: EMBRAPA/SPI, 2000. p. 13-22. (Frutas do Brasil, 10).

MOURA, I. N. B. M.; SILVA, J. L. S.; PEREIRA, J. A. R.; SANTOS, A. S.; MELO, M. F.; FIGUEIREDO, F. R. A.; AMBRÓSIO, M. M. Q. Influence of soil treatments on *Macrophomina phaseolina* survival and *Cucumis melo* growth. **Journal of Plant Pathology**, v. 104, n. 2, p. 769-774, 2022. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s42161-022-01041-1>. Acesso em: 18 jul. 2025.

MUNGER, H.M.; ROBINSON, R.W. Nomenclature of *Cucumis melo* L. Cucurbit Genetic **Cooperative Report**, v. 14, n.1, p 43-44, 1991. Disponível em: [https://www.ars.usda.gov/ARSTUserFiles/60800500/CGC/CGC%2014%20\(1991\).pdf#page=5](https://www.ars.usda.gov/ARSTUserFiles/60800500/CGC/CGC%2014%20(1991).pdf#page=5). Acesso em: 23 maio 2024.

MYCOBANK. *Macrophomina phaseolina*. Disponível em: <https://www.mycobank.org/page/Simple%20names%20search>. Acesso em: 20 jun. 2025.

NASCIMENTO, P. G. M. L.; AMBRÓSIO, M. M. Q.; FREITAS, F. C. L.; CRUZ, B. L. S.; DANTAS, Andrea M. M.; S. JÚNIOR, R.; SILVA, W. L. Incidence of root rot of muskmelon in different soil management practices. **European Journal of Plant Pathology**, Holanda, v. 152, n. 2, p. 433-33 446, 2018. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10658-018-1488-6>. Acesso em: 20 jun. 2025.

NASS, L. L.; PATERNIANI, E. Pre-breeding: a link between genetic resources and maize breeding. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 57, n. 3, p. 581-587, 2000. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/sa/a/hwcYp9QvfBdJBYPQq8TsD8P/?lang=en>. Acesso em: 25 jul. 2025.

NEGREIROS, A. M. P. *et al.* Identification and pathogenicity of *Macrophomina* species collected from weeds in melon fields in Northeastern Brazil. **Journal of Phytopathology**, 167: 326-337, 2019. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jph.12801>. Acesso em: 11 mar. 2025.

NEGREIROS, A. M. P. *et al.* Characterization of adaptability components of Brazilian isolates of *Macrophomina pseudophaseolina*. **Journal of Phytopathology**, n. 168, p. 490-499, 2020. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jph.12927>. Acesso em: 22 jul. 2025.

NUNES, G. H. S.; ARAGÃO, F. A. S.; NUNES, E. W. L. P.; COSTA, J. M.; RICARTE, A. O. **Melhoramento de Melão**. Viçosa: Ed. UFV, 2016. p. 331-363.

OLIVEIRA, D. M.; ALMEIDA, C. A. S.; PONTES, F. S. T.; DANTAS, C. C.; PONTES, F. M. A cultura do melão no estado do Rio Grande do Norte pós-plano real: 1995-2009. **Revista Verde**, v. 6, n. 3, p. 192, 2011. Disponível em: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=7435978>. Acesso em: 29 out. 2024.

OLIVEIRA, F. I. C. **Cultura de tecidos e cruzamentos interespecíficos visando obtenção de haploides em meloeiro**. 2018. 81 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza. Disponível em: <https://repositorio.ufc.br/handle/riufc/39074>. Acesso em: 18 nov. 2024.

OUMOULOU, A.; EL-OTMANI, M.; CHIKH-ROUHO, H.; GARCÉS CLAVER, A.; GONZÁLEZ TORRES, R.; PERL-TREVES, R.; ÁLVARES, J.M.A. Breeding melon for resistance to Fusarium wilt: recent developments. **Euphytica**, v. 192, n.1, p. 155-169, 2013. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10681-013-0904-4>. Acesso em: 18 nov. 2024.

PITRAT, M. **Melons, concombres et pasteques**. Histoires de légumes. Paris: INRA, 2003. Disponível em: <https://agris.fao.org/search/en/providers/122439/records/647472a779cbb2c2c1b2a1bd>. Acesso em: 19 nov. 2024.

PITRAT, M. Melon. In: PROHENS, J.; NUEZ, F. (org.). **Handbook of plant breeding**. New York: Springer, 2008. p. 283-315.

PITRAT, M. Phenotypic diversity in wild and cultivated melons (*Cucumis melo*). **Plant Biotechnology** 30, 273-278, 2013.

PITRAT, M.; HANELT, P.; HAMMER, K. Some comments on infra-specific classification of cultivars of melon. In: KATZIR, N.; PARIS, H. S. (org.). **Acta Horticulturae**, v. 510, p. 29-36, 2000. Disponível em: https://www.actahort.org/books/510/510_4.htm. Acesso em: 20 out. 2024.

POUDEL, B. et al. Hidden diversity of *Macrophomina* associated with broadacre and horticultural crops in Australia. **European Journal of Plant Pathology**, v. 161, p. 1-23, 2021. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10658-021-02300-0>. Acesso em: 29 jul. 2024.

PORTO, M. A. F. *et al.* Interaction of *Fusarium solani*, *Macrophomina phaseolina* and *Rhizoctonia solani* as root rot pathogens of *Cucumis melo*. **Summa Phytopathol**, v. 45, n. 4, p. 355-360, 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/sp/a/LztxWtPZfq7WHwR3zxMd73B/pdf/>. Acesso em: 11 mar. 2025.

PORTO, M. A. F. **Associação de *Fusarium solani*, *Macrophomina phaseolina* e *Rhizoctonia solani* causando podridão radicular em meloeiro sob efeito de adubos verdes**. 2015. 72 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFERSA, Mossoró, 2015. Disponível em: <https://repositorio.ufersa.edu.br/items/8357cf5d-9826-4930-9cbd-2430e26a0b9a>. Acesso em: 11 mar. 2025.

R CORE TEAM. **R**: A Language and Environment for Statistical Computing. Versão 4.5.2. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acesso em: 15 jun. 2025.

RAVF, B. A.; AHMAD, I. Estudos sobre a correlação da infecção de sementes com a incidência em campo de *Alternaria alternata* e *Macrophomina phaseolina* em girassol. In: 13º CONGRESSO IRANIANO DE PROTEÇÃO DE PLANTAS, 1998, Karaj. **Anais...** Karaj: [s.n.], 1998. p. 113.

ROBINSON, R. W.; DECKER-WALTERS, D. S. **Cucurbits**. Oxon (GB): CAB International. 1997.

SHARMA, A.; KATOCH, V. & RANA, C. Important diseases of cucurbitaceous crops and their management. In: PESSARAKLI, M. (org.). **Handbook of cucurbits**: Growth, cultural practices, and physiology. CRC Press, 2016. p. 574.

SARR, M. P. *et al.* Genetic diversity in *Macrophomina phaseolina*, the causal agent of charcoal rot. **Phytopathologia Mediterranea**, v. 53, p. 250-268, 2014.

SALES JÚNIOR, R. *et al.* Pathogenicity of *Macrophomina* species collected from weeds in cowpea. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 33, p. 395-401, 2020. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rcaat/a/NbsffLTMZnnLWX9Zzxx9rxc/?lang=en>. Acesso em: 23 maio 2025.

SALES JÚNIOR, R.; NUNES, G. H. S.; SILVA, K. J. P.; COSTA, G. G.; GUIMARÃES, I. M.; MICHEREFF, S. J. Caracterização morfológica de fontes de resistência de meloeiro a *Rhizoctonia solani*. **Horticultura Brasileira**, Vitória da conquista, v. 33, n. 2, p. 196-202, 2015. Disponível em: <https://pdfs.semanticscholar.org/77bb/612810a3d99f97a25ac91463958a22292c0a.pdf>. Acesso em: 23 maio 2025.

SALES JÚNIOR, R.; OLIVEIRA, O. F.; MEDEIROS, E. V.; GUIMARÃES, I. M.; CORREIA, K. C. Ervas daninhas como hospedeiras alternativas de patógenos causadores do colapso do meloeiro. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 43, n. 1, p. 195-198, 2012. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/gSyrVLyMmVvyKPVLDWtcZ3x/?lang=pt>. Acesso em: 24 maio 2025.

SALARI, M.; PANJEHKEH, N.; NASIRPOOR, Z.; ABKHOO J. Reaction of melon (*Cucumis melo* L.) cultivars to soil-borne plant pathogenic fungi in Iran. **African Journal of Biotechnology**, v. 11, n. p.15324-15329, 2012. Disponível em: <https://www.ajol.info/index.php/ajb/article/view/130322>. Acesso em: 17 jul. 2024.

SANTOS, L. S. **Seleção de genótipos de meloeiro para obtenção de linhagens com resistência à *Didymella bryoniae***. 2016. 91f. Tese (doutorado) – Universidade Estadual Paulista, São Paulo, 2016. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/entities/publication/82ff3b71-d645-456d-9050-1c9a1d545af4>. Acesso em: 21 out. 2024.

SHAHID, S.; KHAN, M. R. Biological control of root-rot on mungbean plants incited by *Macrophomina phaseolina* through microbial antagonists. **Plant Pathology Journal**, v. 15, n.

2, p. 27, 2016. Disponível em: <https://scialert.net/abstract/?doi=ppj.2016.27.39>. Acesso em: 21 out. 2024.

SILVA, J. G. C. **Monogen**: programa para análise de modelos genéticos para máxima verossimilhança. Versão 0.1, 2003.

SILVA, E. S.; PALANGANA, F. C.; GOTO, R.; FURTADO, E. L.; FERNANDES, D. M. Net melon resistance to *Didymella bryoniae* according to grafting and potassium levels. **Summa Phytopathol**, Botucatu, v. 38, n. 2, p. 139-143, 2012. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/sp/a/WWnFCHjBxjHq46FgfSfj77c/?lang=en>. Acesso em: 22 nov. 2025.

SILVA, E. M. D. *et al.* Compatibility of Pathogen-Resistant Melon Rootstocks: Effects on Fruit Yield, Quality, and Biometric Traits. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 38, e12736, 2025. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rcaat/a/gZt7ffZvsmwb7sk6nvshxfP/?lang=en>. Acesso em: 27 jan. 2026.

SIVIERO, A.; FURTADO, E. L.; BOAVA, L. P.; BARBASSO, D. V.; MACHADO, M. A. Avaliação de métodos de inoculação de *Phytophthora* parasita em plântulas e plantas jovens de citrus. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 27, n. 6, p. 574- 580, 2002. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/fb/a/BMwvyQhpbVNPLbCd987bq8C/?lang=pt>. Acesso em: 20 jul. 2025.

SHIRAI, M.; EULGEM, T. Molecular interactions between the soilborne pathogenic fungus *Macrophomina phaseolina* and its host plants. **Frontiers in Plant Science**, v. 14, p. 1264569, 2023. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2023.1264569/full>. Acesso em: 20 jul. 2025.

SOBRINHO, JOSÉ ESPÍNOLA *et al.* Climatologia da precipitação no município de Mossoró-RN. Período: 1900–2010. In: XVII Congresso Brasileiro de Agrometeorologia. **Anais**, 2011.

VILLADA, E. S.; GONZÁLEZ, E. G.; LÓPEZ-SESÉ; CASTIEL, A. F.; GÓMEZ GUILLAMÓN, M. L. Hypersensitive response to *Aphis gossypii* Glover in melon genotypes carrying the Vat gene. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 60, n. 11, p. 3269-3277, 2009. Disponível em: <https://academic.oup.com/jxb/article/60/11/3269/535262>. Acesso em: 21 jul. 2025.

ZHAO, G. *et al.* Resequencing of 297 melon accessions reveals the genomic history of improvement and loci related to fruit traits in melon. **Plant Biotechnology Journal**, 2019. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/pbi.13434>. Acesso em: 22 out. 2025.