



ARTIGO CIENTÍFICO

Identificação de famílias $F_{2:3}$ de tomateiro homocigotas resistentes à *Ralstonia pseudosolanacearum* e *Ralstonia solanacearum*

Identification of families $F_{2:3}$ of homozygous tomatoes resistant to *Ralstonia pseudosolanacearum* e *Ralstonia solanacearum*

Kleyton Danilo da Silva Costa^{1*}, Ana Maria Maciel dos Santos², Paulo Ricardo dos Santos³, Adriano Márcio Freire Silva⁴, Eduardo Pereira de Sousa Neto⁵, José Luiz Sandes de Carvalho Filho⁶

Resumo: Objetivou-se identificar famílias $F_{2:3}$ de tomateiro homocigotas resistentes a *Ralstonia pseudosolanacearum* e *Ralstonia solanacearum*. Foram conduzidos dois experimentos em casa de vegetação da Universidade Federal Rural de Pernambuco sendo um para cada patógeno. Foram avaliados 45 tratamentos compostos pelas cultivares parentais Yoshimatsu (resistente) e IPA-7 (susceptível) e 43 famílias $F_{2:3}$ obtidas a partir da geração F_2 . Cada tratamento foi constituído por 16 plantas. Foram avaliadas a incidência de murcha bacteriana por meio de uma escala descritiva de notas aos 20 dias após a inoculação. As famílias foram comparadas com os parentais de acordo com a frequência de plantas obtidas para cada nota. Foi realizado o teste qui quadrado (χ^2_c) obtendo-se a significância em relação a cada um dos genitores. Para a espécie *R. pseudosolanacearum* foram identificadas três famílias homocigotas resistentes: Família $F_{2:3}$ #04, Família $F_{2:3}$ #29 e Família $F_{2:3}$ #31. Com relação a espécie *R. solanacearum* foram identificadas duas famílias homocigotas resistentes: Família $F_{2:3}$ #41 e Família $F_{2:3}$ #42. Estas famílias indicam a possibilidade de novas linhagens resistentes que poderão ser utilizadas em programas de melhoramento.

Palavras-chave: Murcha bacteriana; Seleção; *Solanum lycopersicum* L.

Abstract: The objective of this work was to identify homozygous $F_{2:3}$ tomato families resistant to *Ralstonia pseudosolanacearum* and *Ralstonia solanacearum*. Two experiments were carried out under greenhouse conditions at the Federal Rural University of Pernambuco, one for each pathogen. We evaluated 45 treatments composed of Yoshimatsu (resistant) and IPA-7 (susceptible) and 43 families $F_{2:3}$ obtained from generation F_2 . Each treatment consisted of 16 plants. The incidence of bacterial wilt was evaluated by means of a descriptive scale of notes at 20 days after inoculation. The families were compared with the parents according to the frequency of plants obtained for each note. The chi-square test (χ^2_c) was obtained, obtaining the significance of each of the parents. For the species *R. pseudosolanacearum* three homozygous resistant families were identified: Family $F_{2:3}$ # 04, Family $F_{2:3}$ # 29 and Family $F_{2:3}$ # 31. Regarding *R. solanacearum* species, two homozygous resistant families were identified: Family $F_{2:3}$ # 41 and Family $F_{2:3}$ # 42. These families indicate the possibility of new resistant strains that can be used in breeding programs.

Keywords: Bacterial wilt; Selection; *Solanum lycopersicum* L.

*Autor para correspondência

Recebido para publicação em 27/11/2017; aprovado em 22/05/2017

¹Professor Doutor - Laboratório de Melhoramento Vegetal, Instituto Federal de Alagoas, Campus Piranhas, Piranhas, Alagoas; kd.agro@gmail.com

²Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, Pernambuco; agrom1960@yahoo.com.br

³Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Estadual do Norte Fluminense, Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro; prs_ufal@hotmail.com

⁴Doutor em Fitopatologia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, Pernambuco; adrianomfsilva@yahoo.com.br

⁵Engenheiro Agrônomo, Universidade Federal Rural do Semi-Árido; eduardo.pereirasn@gmail.com

⁶Professor Adjunto, Departamento de Agronomia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, Pernambuco; joseluiz.ufrpe@yahoo.com.br



INTRODUÇÃO

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) é uma das hortaliças mais cultivadas do mundo, sendo superada apenas pela batata inglesa (FAOSTAT, 2015). É uma das plantas de maior importância econômica, sendo destinada para mesa ou indústria. Na indústria, possui vários subprodutos, a exemplo do ketchup, extrato, polpa e pasta de tomate. Pode ser cultivada em diversos sistemas de cultivo a depender do destino da produção e dos recursos financeiros (MOREIRA et al., 2013).

Durante seu ciclo esta cultura é atacada por várias bacterioses, com destaque no Brasil para a murcha bacteriana causada por *Ralstonia pseudosolanacearum* e *Ralstonia solanacearum* (SANTIAGO et al., 2016). A nível mundial existem três espécies, além das duas citadas anteriormente, *R. syzigii* subsp. *Indonesiensis* que não ocorre no Brasil (PRIOR et al., 2016; ZHANG; QIU, 2016). A murcha bacteriana é uma das doenças mais destrutivas do tomateiro, podendo causar até 100% de perdas na produção. As espécies que causam esta doença apresentam uma ampla gama de hospedeiros e distribuição geográfica. Os métodos de controle consistem em evitar áreas infestadas e de microflora nativa; evitar transporte de partículas do solo contaminadas em calçados, implementos, ferramentas e na água de irrigação contaminada; incineração de plantas hospedeiras; rotação de culturas; aplicação de esterco e o controle genético. A utilização de cultivares resistentes é a melhor forma de controle por ser de menor custo, eficiente e ecologicamente menos impactante (DENNY, 2006; KIM et al., 2016).

Os resultados de estudos de herança disponíveis na literatura indicam que a natureza da resistência as espécies que causam a murcha bacteriana podem ser monogênica ou até mesmo poligênica (SHARMA; SHARMA, 2015). Há divergência de resultados também em relação ao grau médio de dominância e a interação entre os genes (MONMA et al., 1997; OLIVEIRA et al., 1999; LIMA NETO et al., 2002). Isso ocorre devido o uso de diferentes fontes de resistência, espécies e isolados dos patógenos, ambientes e interação entre estes fatores (LEBEAU et al., 2011). Os diferentes resultados influenciam na dificuldade para o desenvolvimento de novas cultivares.

A cultivar de tomateiro Yoshimatsu é resistente a murcha bacteriana mas tem frutos com baixa aceitação no mercado, e a cultivar IPA-7 é suscetível a murcha bacteriana mas apresenta frutos de qualidade (CAMPOS et al., 1998). Segundo Fiorini et al. (2007) é possível identificar famílias homozigotas resistentes e promissoras a partir de um cruzamento contrastante. Assim, a identificação preliminar de famílias $F_{2,3}$ homozigotas resistentes para cada espécie causadora da murcha bacteriana, pode fornecer base para a possível seleção de linhagens que combinem resistência e qualidade de frutos.

Nesse contexto objetivou-se com este trabalho identificar famílias $F_{2,3}$ de tomateiro homozigotas resistentes a *R. pseudosolanacearum* e *R. solanacearum*.

Tabela 1. Isolados utilizados nos experimentos.

Isolado	Espécie	Hospedeiro	Região	Biovar	Filotipo/ Sequevar
CRMRS74	<i>R. pseudosolanacearum</i>	Jiló	Chã Grande/PE	3	I/18
RMRs185	<i>R. solanacearum</i>	Tomate	Petrolina/ PE	1	IIA/50

Estes isolados são representativos para o Estado de Pernambuco. Em cada experimento foram avaliadas 16 plantas por família.

MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação situada na latitude de 8°01'02"S e longitude de 34°56'41"O, localizada no Departamento de Agronomia da Universidade Federal Rural de Pernambuco (DEPA/UFRPE). O primeiro experimento foi realizado de 28/09/2016 a 26/11/2016, com temperatura média de 26,77°C e umidade relativa média de 70,12%. O segundo experimento foi realizado de 26/10/2016 a 12/12/2016, com temperatura média 27,38 °C e umidade relativa média de 69,78%.

As famílias $F_{2,3}$ foram obtidas na estação experimental do Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA), localizada no município de Belém de São Francisco, Pernambuco, por meio de cruzamentos manuais entre genitores contrastantes em relação à resistência a murcha bacteriana. O genitor Yoshimatsu é 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, não sendo atrativos ao mercado. Apresenta resistência a murcha bacteriana (NICK; SILVA, 2016).

O genitor suscetível, IPA-7 é uma cultivar desenvolvida pelo IPA a partir de seleções realizadas na cultivar IPA-6. As plantas são de porte determinado, com frutos de médio a grandes, vermelhos e de boa aceitação no mercado. É suscetível a murcha bacteriana.

A técnica de cruzamento utilizada foi a mesma adotada pelo Instituto Agrônomo de Pernambuco, onde o pólen do genitor masculino (IPA-7) 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 botão floral (um dia antes da antese), com uma pinça, retirando-se a corola com o cone de anteras, onde o cálice em geral também tem suas sépalas removidas (para servir de marcador). Após estas etapas poliniza-se e identifica-se cada flor individualmente.

De posse das sementes da geração F_1 , foram plantadas em campo na estação 200 plantas para obter por autofecundação natural a geração F_2 . Com as sementes, foram plantadas 500 plantas F_2 , colhendo-se 500 famílias $F_{2,3}$, destas 43 foram utilizadas nos dois experimentos. Os frutos provenientes dos cruzamentos e das autofecundações foram colhidos maduros, as sementes foram extraídas manualmente, sendo lavadas em água corrente, secas à sombra e armazenadas em tubos falcon devidamente identificados.

Avaliação das famílias $F_{2,3}$

As 43 famílias $F_{2,3}$, juntamente com os genitores Yoshimatsu (Resistente) e IPA-7 (Suscetível) constituindo 45 tratamentos, foram avaliados para verificação da resistência a espécie *R. Pseudosolanacearum* em um primeiro experimento, e a resistência a *R. solanacearum* em um segundo experimento, utilizando os isolados CRMRS74 e CRMRS185 (Tabela 1), respectivamente.

A semeadura foi realizada em bandejas de poliestireno expandido de 128 células, contendo substrato comercial. Cada célula possui o volume aproximado de 40 mL. Foram

realizadas irrigações e fertirrigações de acordo com a necessidade para a formação de mudas de qualidade. Aos 21 dias após a semeadura as plantas foram transplantadas para vasos plásticos de 500 mL contendo substrato a base de uma mistura de solo e húmus na proporção de 3:1, respectivamente.

Para o preparo da suspensão bacteriana, os isolados foram recuperados da preservação em água e cultivados em meio TZC (tetracloroeto de trifenil tetrazólio) (KELMAN, 1954) por 48h, a 30 °C ± 2 °C. A suspensão bacteriana foi ajustada em fotocolorímetro (Analyser 500 M, Brasil) para A₅₇₀ = 0,54 que corresponde a 1x10⁸ UFC mL⁻¹.

Aos 30 dias após a semeadura (DAS), as plantas foram inoculadas pelo método do corte de raízes com deposição do inóculo, fazendo-se com auxílio de um bisturi um corte semicircular na mistura de solo próximo ao colo da planta, no qual foram depositados 15 ml da suspensão bacteriana (FELIX et al., 2012). Após a inoculação, as irrigações foram realizadas pelo método de subirrigação, que consiste em depositar água em recipientes plásticos localizados sob os vasos de 500 mL, a fim de não lixiviar o inóculo e de sempre manter o solo úmido. Foram mantidos dois turnos de rega, pela manhã e pela tarde.

As avaliações foram realizadas no 20º dia após a inoculação. A presença de incidência da doença foi mensurada com o auxílio de uma escala descritiva de notas variando 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.

Por meio do ponto de truncagem (PT), as plantas de cada família e de cada genitor foram divididas em duas

Tabela 2. Distribuições de frequências de plantas para cada nota e classe de murcha bacteriana causada por *R. pseudosolanacearum* nas cultivares Yoshimatsu, IPA-7 e 43 famílias F_{2:3} aos 20 dias após a inoculação, bem como valores de qui quadrado (χ^2) em relação aos genitores.

classes: a primeira foi representada pelas plantas com notas de murcha bacteriana aos 20 dias após a inoculação abaixo ou iguais ao ponto de truncagem e a segunda foi representada pelas plantas com notas acima ou iguais a este ponto, classificando-as como resistentes e suscetíveis, respectivamente.

A frequência de plantas para cada classe de cada família foi comparada com a frequência de plantas para cada classe dos genitores, através do teste não paramétrico qui quadrado (χ^2) a 5% de probabilidade, utilizando a equação a seguir:

$$\chi^2_c = \sum_{i=1}^k \frac{(Fo_i - Fe_i)^2}{Fe_i}$$

Em que: Fo_i= frequência observada; Fe_i= frequência esperada.

A família foi considerada homozigota resistente quando o teste apresentou resultado não significativo relativo ao ‘Yoshimatsu’ e significativo em relação ao ‘IPA-7’ indicou que a família era suscetível. A família segregante foi caracterizada pela significância do teste tanto para ‘Yoshimatsu’ quanto para ‘IPA-7’.

Para realizar os qui quadrado (χ^2) foi utilizado o software GraphPad InStat versão 3.10 (INSTAT, 2009).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As distribuições de frequências de plantas e classes para famílias F_{2:3} e de cada um dos seus genitores em relação a nota de murcha bacteriana causada por *R. pseudosolanacearum* estão apresentadas na Tabela 2.

Tratamentos	Frequência de plantas para cada nota					Frequência de classe		Valores de χ^2_c em relação a	
	1	2	3	4	5	≤2	≥3	IPA-7	Yos.
IPA-7	0	0	0	6	10	0	16		
Yoshimatsu	16	0	0	0	0	16	0		
Família F _{2:3} # 01	0	2	4	5	5	2	14	2,13 ^{ns}	24,88*
Família F _{2:3} # 02	3	7	3	3	0	10	6	14,54*	7,38*
Família F _{2:3} # 03	2	2	5	5	2	4	12	4,57*	19,20*
Família F _{2:3} # 04	9	4	3	0	0	13	3	21,89*	3,31 ^{ns}
Família F _{2:3} # 05	1	3	5	6	1	4	12	4,57*	19,20*
Família F _{2:3} # 06	5	3	5	1	2	8	8	10,66*	10,66*
Família F _{2:3} # 07	2	4	9	0	1	6	10	7,38*	14,54*
Família F _{2:3} # 08	0	1	7	5	3	1	15	1,03 ^{ns}	28,23*
Família F _{2:3} # 09	2	8	4	2	0	10	6	14,54*	7,38*
Família F _{2:3} # 10	4	7	4	1	0	11	5	16,76*	5,92*
Família F _{2:3} # 11	7	3	3	2	1	10	6	14,54*	7,38*
Família F _{2:3} # 12	3	6	1	4	2	9	7	12,52*	8,96*
Família F _{2:3} # 13	3	5	6	1	1	8	8	10,66*	10,66*
Família F _{2:3} # 14	5	3	4	4	0	8	8	10,66*	10,66*
Família F _{2:3} # 15	1	3	7	3	2	4	12	4,57*	19,20*
Família F _{2:3} # 16	0	3	3	4	6	3	13	3,31 ^{ns}	21,89*
Família F _{2:3} # 17	5	2	2	7	0	7	9	8,96*	12,52*
Família F _{2:3} # 18	2	9	3	1	1	11	5	16,76*	5,92*
Família F _{2:3} # 19	2	8	4	2	0	10	6	14,54*	7,38*
Família F _{2:3} # 20	4	8	3	0	1	12	4	19,20*	4,57*
Família F _{2:3} # 21	3	6	6	1	0	9	7	12,52*	8,96*
Família F _{2:3} # 22	8	3	2	3	0	11	5	16,76*	5,92*
Família F _{2:3} # 23	3	3	8	2	0	6	10	7,38*	14,54*

Família F _{2,3} # 24	3	2	8	3	0	5	11	5,92*	16,76*
Família F _{2,3} # 25	1	5	8	2	0	6	10	7,38*	14,54*
Família F _{2,3} # 26	2	8	4	1	1	10	6	14,54*	7,38*
Família F _{2,3} # 27	1	5	7	3	0	6	10	7,38*	14,54*
Família F _{2,3} # 28	4	6	2	3	1	10	6	14,54*	7,38*
Família F _{2,3} # 29	7	6	0	3	0	13	3	21,89*	3,31 ^{ns}
Família F _{2,3} # 30	3	5	2	4	2	8	8	10,66*	10,66*
Família F _{2,3} # 31	5	8	0	2	1	13	3	21,89*	3,31 ^{ns}
Família F _{2,3} # 32	3	8	5	0	0	11	5	16,76*	5,92*
Família F _{2,3} # 33	1	8	6	1	0	9	7	12,52*	8,96*
Família F _{2,3} # 34	3	6	3	4	0	9	7	12,52*	8,96*
Família F _{2,3} # 35	0	1	4	6	5	1	15	1,03 ^{ns}	28,23*
Família F _{2,3} # 36	2	7	6	1	0	9	7	12,52*	8,96*
Família F _{2,3} # 37	3	6	5	2	0	9	7	12,52*	8,96*
Família F _{2,3} # 38	0	4	9	3	0	4	12	4,57*	19,20*
Família F _{2,3} # 39	4	4	5	3	0	8	8	10,66*	10,66*
Família F _{2,3} # 40	2	5	6	2	1	7	9	8,96*	12,52*
Família F _{2,3} # 41	5	6	2	1	2	11	5	16,76*	5,92*
Família F _{2,3} # 42	3	8	3	2	0	11	5	16,76*	5,92*
Família F _{2,3} # 43	0	4	5	1	6	4	12	4,57*	19,20*

*=Significativo a 5% de probabilidade pelo teste qui quadrado (χ^2_c). ^{ns}= Não significativo a 5% de probabilidade.

A cultivar Yoshimatsu se apresentou imune a doença com as 16 plantas tendo nota 1. A cultivar IPA-7 teve um alto padrão de susceptibilidade com 6 plantas de nota 4, estando totalmente murchas, e 10 plantas com nota 5, mortas. Dessa forma observa-se o quanto os genitores são extremamente contrastantes, auxiliando assim na identificação das famílias. Alta resistência da cultivar Yoshimatsu também foi relatada por Souza e Gentil (2013) utilizando a mesma como porta enxertos.

As quarenta e três famílias F_{2,3} avaliadas, permitem observar uma alta variabilidade no número de plantas obtidas para cada classe. Por meio do ponto de truncagem que foi a nota 2, para notas menores ou iguais a estas, o número mínimo de plantas foi de 1 nas Família F_{2,3}#08 e Família F_{2,3}#35, a um máximo de 13 plantas nas Família F_{2,3}#04, Família F_{2,3}#29 e Família F_{2,3}#31. Para plantas com notas maiores ou iguais a 3, ou seja, as que foram classificadas como susceptíveis, o número mínimo de plantas foi de 3 nas Família F_{2,3}#04, Família F_{2,3}#29 e Família F_{2,3}#31, a um máximo de 15 plantas nas Família F_{2,3}#8 e Família F_{2,3}#35.

Por meio da comparação das frequências de classes utilizando-se o teste não paramétrico qui quadrado (χ^2_c) a 5% de probabilidade observou-se 3 famílias homozigotas resistentes, que foram identificadas por não diferirem da cultivar Yoshimatsu e diferirem da cultivar IPA-7, são estas: Família F_{2,3}#04, Família F_{2,3}#29 e Família F_{2,3}#31. Também foram identificadas 4 famílias homozigotas susceptíveis por não diferirem da cultivar IPA-7 e diferirem da cultivar Yoshimatsu, são estas: Família F_{2,3}#1, Família F_{2,3}#8, Família F_{2,3}#16 e Família F_{2,3}#35. As demais 36 famílias por diferirem significativamente de ambas as cultivares (Yoshimatsu e IPA-7), foram classificadas como segregantes para o caráter resistência a murcha bacteriana causada por *R. pseudosolanacearum*.

Na Tabela 3 encontram-se as distribuições de frequências de plantas e classes para famílias F_{2,3} e de cada um dos seus genitores em relação a nota de murcha bacteriana causada por *R. solanacearum*.

Para esta espécie os genitores continuaram sendo bastante contrastantes, em que a cultivar Yoshimatsu se

apresentou imune a doença com as 16 plantas com nota 1; e a cultivar IPA-7 continuou bem susceptível com 1 planta de nota 3, 7 plantas de nota 4, e 8 plantas com nota 5. *R. pseudosolanacearum* foi um pouco mais agressiva que *R. solanacearum*, pela observação das notas na cultivar IPA-7.

Também identificou-se variabilidade no número de plantas obtidas para cada classe nas quarenta e três famílias F_{2,3} avaliadas. Por meio do ponto de truncagem que foi a nota 2, para notas menores ou iguais a estas o número mínimo de plantas foi de 1 nas Família F_{2,3}#18, a um máximo de 13 plantas nas Família F_{2,3}#41 e Família F_{2,3}#42. Para plantas classificadas como susceptíveis, ou seja, as que obtiveram notas maiores ou iguais a 3, o número mínimo de plantas foi de 3 nas Família F_{2,3}#41 e Família F_{2,3}#42, a um máximo de 15 plantas apenas na Família F_{2,3}#18.

Por meio da comparação das frequências de classes utilizando-se o teste não paramétrico qui quadrado (χ^2_c) a 5% de probabilidade observou-se duas famílias homozigotas resistentes, que foram identificadas por não diferirem da cultivar Yoshimatsu e diferirem da cultivar IPA-7, são estas: Família F_{2,3}#41 e Família F_{2,3}#42. Foram identificadas 7 famílias homozigotas susceptíveis por não diferirem da cultivar IPA-7 e diferirem da cultivar Yoshimatsu, são estas: Família F_{2,3}#04, Família F_{2,3}#06, Família F_{2,3}#09, Família F_{2,3}#17, Família F_{2,3}#18, Família F_{2,3}#31 e Família F_{2,3}#33. As 34 famílias restantes foram classificadas como segregantes para o caráter resistência a murcha bacteriana causada por *R. pseudosolanacearum*, por diferirem significativamente de ambas as cultivares (Yoshimatsu e IPA-7).

O número de famílias segregantes para *R. pseudosolanacearum* e *R. solanacearum* 36 e 34 foram respectivamente, muito próximos, da mesma forma aconteceu para homozigotos resistentes com três e duas famílias respectivamente. A pequena diferença está apenas na quantidade de homozigotos susceptíveis, em que *R. solanacearum* apresentou maior quantidade (7). Segundo Sharma e Sharma (2015) diferentes famílias homozigotas resistentes para as duas espécies podem ser explicadas devido ao possível controle genético da doença ser diferente..

Tabela 3. Distribuições de frequências de plantas para cada nota e classe de murcha bacteriana causada por *R. pseudosolanacearum* nas cultivares Yoshimatsu, IPA-7, e 43 famílias F_{2:3} aos 20 dias após a inoculação; e valores de qui quadrado (χ^2) em relação aos genitores.

Tratamentos	Frequência de plantas para cada nota					Frequência de classe		Valores de χ^2_c em relação a	
	1	2	3	4	5	≤2	≥3	IPA-7	Yos.
IPA-7	0	0	1	7	8	0	16		
Yoshimatsu	16	0	0	0	0	16	0		
Família F _{2:3} # 01	1	7	3	5	0	8	8	10,66*	10,66*
Família F _{2:3} # 02	0	7	8	1	0	7	9	8,96*	12,52*
Família F _{2:3} # 03	4	7	3	2	0	11	5	16,76*	5,92*
Família F _{2:3} # 04	0	2	9	5	0	2	14	2,13 ^{ns}	24,88*
Família F _{2:3} # 05	3	4	4	4	1	7	9	8,96*	12,52*
Família F _{2:3} # 06	1	2	5	7	1	3	13	3,31 ^{ns}	21,89*
Família F _{2:3} # 07	1	3	6	5	1	4	12	4,57*	19,20*
Família F _{2:3} # 08	6	1	5	4	0	7	9	8,96*	12,52*
Família F _{2:3} # 09	0	3	6	5	2	3	13	3,31 ^{ns}	21,89*
Família F _{2:3} # 10	1	4	5	4	2	5	11	5,92*	16,76*
Família F _{2:3} # 11	3	3	7	3	0	6	10	7,38*	14,54*
Família F _{2:3} # 12	6	3	7	0	0	9	7	12,52*	8,96*
Família F _{2:3} # 13	3	4	6	3	0	7	9	8,96*	12,52*
Família F _{2:3} # 14	1	4	7	4	0	5	11	5,92*	16,76*
Família F _{2:3} # 15	5	2	5	4	0	7	9	8,96*	12,52*
Família F _{2:3} # 16	2	6	6	2	0	8	8	10,66*	10,66*
Família F _{2:3} # 17	2	1	7	3	3	3	13	3,31 ^{ns}	21,89*
Família F _{2:3} # 18	0	1	12	3	0	1	15	1,03 ^{ns}	28,23*
Família F _{2:3} # 19	3	5	8	0	0	8	8	10,66*	10,66*
Família F _{2:3} # 20	3	1	7	4	1	4	12	4,57*	19,20*
Família F _{2:3} # 21	4	5	6	1	0	9	7	12,52*	8,96*
Família F _{2:3} # 22	4	2	4	6	0	8	8	10,66*	10,66*
Família F _{2:3} # 23	5	4	3	3	1	9	7	12,52*	8,96*
Família F _{2:3} # 24	2	2	8	3	1	4	12	4,57*	19,20*
Família F _{2:3} # 25	3	3	7	1	2	6	10	7,38*	14,54*
Família F _{2:3} # 26	2	5	4	3	2	7	9	8,98*	12,52*
Família F _{2:3} # 27	1	4	5	6	0	5	11	5,92*	16,76*
Família F _{2:3} # 28	2	10	3	1	0	12	4	19,20*	4,57*
Família F _{2:3} # 29	3	5	6	2	0	8	8	10,66*	10,66*
Família F _{2:3} # 30	4	2	4	5	1	6	10	7,38*	14,54*
Família F _{2:3} # 31	0	3	5	8	0	3	13	3,31 ^{ns}	21,89*
Família F _{2:3} # 32	5	6	3	2	0	11	5	16,76*	5,92*
Família F _{2:3} # 33	1	2	10	3	0	3	13	3,31 ^{ns}	21,89*
Família F _{2:3} # 34	1	9	5	1	0	10	6	14,54*	7,38*
Família F _{2:3} # 35	3	3	6	4	0	6	10	7,38*	14,54*
Família F _{2:3} # 36	2	4	6	4	0	6	10	7,38*	14,54*
Família F _{2:3} # 37	5	4	3	4	0	9	7	12,52*	8,96*
Família F _{2:3} # 38	5	1	8	2	0	6	10	7,38*	14,54*
Família F _{2:3} # 39	3	5	8	0	0	8	8	10,66*	10,66*
Família F _{2:3} # 40	6	3	5	2	0	9	7	12,52*	8,96*
Família F _{2:3} # 41	8	5	1	2	0	13	3	21,89*	3,31 ^{ns}
Família F _{2:3} # 42	2	11	3	0	0	13	3	21,89*	3,31 ^{ns}
Família F _{2:3} # 43	1	10	3	2	0	11	5	16,76*	5,92*

*=Significativo a 5% de probabilidade pelo teste qui quadrado (χ^2_c). ^{ns}= Não significativo a 5% de probabilidade.

Apesar da pequena quantidade de famílias homocigotas resistentes para cada uma das espécies causadoras da murcha bacteriana, estas indicam a possibilidade de novas linhagens que poderão originar novas cultivares a partir do programa de melhoramento. Segundo Huet (2014), existe uma grande diversidade dos patógenos causadores da murcha bacteriana, portanto, a identificação de famílias de tomateiro promissoras é de grande utilidade ao melhorista, uma vez que existe bastante interação patógeno x hospedeiro em relação ao ambiente em que o tomateiro será cultivado. Conforme

Thakur et al. (2004), a herança da resistência a doença é recessiva, dessa forma as famílias indicadas não irão segregar durante os próximos ciclos de seleção. Além das famílias indicadas, existe bastante variabilidade nas que foram consideradas segregantes. Dependendo do controle genético da resistência, estas famílias também podem ser importantes fontes de resistência, principalmente se ocorrer dominância parcial no sentido da resistência como foi relatado por Oliveira et al. (1999) e Lima Neto (2002).

CONCLUSÕES

Para a espécie *R. pseudosolanacearum* foram identificadas três famílias homozigotas resistentes: Família F_{2:3}#04, Família F_{2:3}#29 e Família F_{2:3}#31. Com relação a espécie *R. solanacearum* foram identificadas duas famílias homozigotas resistentes: Família F_{2:3}#41 e Família F_{2:3}#42. Estas famílias indicam a possibilidade de novas linhagens resistentes que poderão ser utilizadas em programas de melhoramento.

REFERÊNCIAS

- CAMPOS, G. A.; SILVEIRA, M. A.; AZEVEDO, S. M.; MALUF, W. R.; RESENDE, J. T. V. Resistência de linhagens de tomateiro à murcha bacteriana no Estado do Tocantins. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v. 16, n. 1, p. 46, 1998.
- DENNY, T. P. Plant pathogenic *Ralstonia* species. In: GNANAMANICKAM, S. S. (Ed.). Dordrecht: Springer Publishing, 2006. p.573-644.
- FAOSTAT. Database Results. 2015. Disponível em: <http://apps.fao.org>. Acesso em: 29 Mar. 2017.
- FELIX, K. C. S., SOUZA, E. B., MICHEREFF, S. J.; E MARIANO R. L. R. Survival of 458 *R. solanacearum* in infected tissues of *Capsicum annuum* and in soils of the 459 state of Pernambuco, Brazil. *Phytoparasitica*, Bet Dagan, v.40, n.1, p.53-62, 2012.
- FIORINI, C. V. A.; GOMES, L. A. A.; LIBÂNIO, R. A.; MALUF, W. R.; CAMPOS, V. P.; LICURSI, V.; MORETTO, P.; SOUZA, L. A.; FIORINI, I. V. A. Identificação de famílias F_{2:3} de alface homozigotas resistentes aos nematóides das galhas. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.25, n.4, p.509-513, 2007.
- HUET, G. Breeding for resistances to *R. solanacearum*. Mini review article. v.5. In: ALLEN, C.; PRIOR, P.; HAYWARD, A. C. (Eds.). *Bacterial wilt disease and the R. solanacearum species complex*. 2 ed. Saint Paul: APS Press, 2014. p.449-461.
- INSTAT. Graphpad Instat Software. Versão 3.10, 32 bit for windons. 2009.
- KELMAN, A. The relationship of pathogenicity in *Pseudomonas solanacearum* to colony appearance on a tetrazolium medium. *Phytopathology*, [S.l.], v.44, p.693-695, 1954.
- KIM, S. G.; HUR, O. R. O. N.; KO, H.; RHEE, J.; SUNG, J. S.; RYU, K.; LEE, S.; BAEK, H. Evaluation 488 of resistance to *Ralstonia solanacearum* in tomato genetic resources at seedling 489 stage. *Plant Pathology Journal*, [S.l.], v.32, n.1, p.58-64, 2016.
- LEBEAU, A.; DAUNAY, M. C.; FRARRY, A.; PALLOIX, A.; WAMG, J. F.; DINTINGER, J.; CHIROLEU, F.; WICKER, E.; PRIOR, P. Bacterial wilt resistance in tomato, pepper, and eggplant: genetic resourcers respond to diverse strains in the *Ralstonia solanacearum* species complex. *Phytopathology*, Saint Paul, v. 101, n. 1, p. 154-165, 2011.
- LIMA NETO, A. F. L.; SILVEIRA, M. A.; SOUZA, R. M.; NOGUEIRA, S. R.; ANDRÉ, C. M. G. Inheritance of bacterial wilt resistance in tomato plants cropped in naturally infested soils of the state of Tocantins. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v.2, n.1, p.25-32, 2002.
- MONMA, S.; SAKATA, Y.; MATSUNAGA, H. Inheritance and selection efficiency of bacterial wilt resistance in tomato. *Japan Agricultural Research Quarterly*, [S.l.], v.31, n.3, p.195-204, 1997.
- MOREIRA, G. R.; SILVA, D. J. H.; CARNEIRO, P. C. S.; PICANÇO, M. C.; VASCONCELOS, A. A.; PINTO, C. M. F. Herança de caracteres de resistência por antixenose de *Solanum pennellii* à traça-do-tomateiro em cruzamento com 'Santa Clara'. *Horticultura Brasileira*, Vitoria da Conquista, v.31, n.4, p.574-581, 2013.
- NICK, C.; SILVA, D. J. H. Melhoramento de tomate. In: NICK, C.; BORÉM, A. (Eds.). *Melhoramento de hortaliças*. Viçosa: UFV, 2016. p.396-431.
- NIELSEN, L. W.; HAYNES, F. L. Resistance in *Solanum tuberosum* to *Pseudomonas 522 solanacearum*. *American Potato Journal*, [S.l.], v.37, p.260-267, 1960.
- OLIVEIRA, W. F.; GIORDANO, L. B.; LOPES, C. A. Herança da resistência em tomateiro à murcha-bacteriana. *Fitopatologia Brasileira*, Brasília, v.24, n.1, p.49-53, 1998.
- 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.
- 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*, [S.l.], v.66, n.3, p.383-392, 2016.
- SHARMA, K. C.; SHARMA, L. K. Genetic studies of arterial wilt resistance in tomato crosses under mid-hill conditions of Himachal Pradesh. *Journal of Hill Agriculture*, [S.l.], v.6, n.1, p.136-137, 2015.
- SOUZA, L. V.; GENTIL, D. F. O. Estaquia da cultivar de tomateiro Yoshimatsu. *Horticultura Brasileira*, Vitória da Conquista, v.31, n.1, p.166-170, 2013.
- THAKUR, A. K; KOHLI, U. K.; KUMAR, M. Inheritance of resistance to bacterial wilt in tomato (*Lycopersicon esculentum Mill.*). *The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, [S.l.], v.64, n.1, p.79-80, 2004.
- ZHANG, Y.; QIU, S. Phylogenomic analysis of the genus *Ralstonia* based on 686 single-copy genes. *Antonie van Leeuwenhoek*, Switzerland, v.109, n.1, p.71-82, 2016.