



Parâmetros genéticos de famílias $F_{2,3}$ de tomateiro para resistência à *Ralstonia pseudosolanacearum* e *Ralstonia solanacearum*

*Genetic parameters of tomato families $F_{2,3}$ in resistance to *Ralstonia pseudosolanacearum* and *Ralstonia solanacearum**

Kleyton Danilo da Silva Costa¹, Tâmara Rebecca Albuquerque de Oliveira^{2*}, Ana Maria Maciel dos Santos³, Maxwel Rodrigues Nascimento⁴, Adriano Márcio Freire Silva⁵; José Luiz Sandes de Carvalho Filho⁶

Resumo: O tomateiro (*Solanum lycopersicum*) é uma cultura de grande importância para o Brasil, no entanto se mostra suscetível a várias bacterioses. Objetivou-se estudar os parâmetros genéticos de 43 famílias $F_{2,3}$ de tomateiro na resistência à *R. pseudosolanacearum* e *R. solanacearum*. As famílias foram obtidas a partir do cruzamento entre as cultivares Yoshimatsu (resistente) e IPA-7 (susceptível). Foram conduzidos dois experimentos em casa de vegetação da Universidade Federal Rural de Pernambuco, sendo um para cada espécie. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e 45 tratamentos. Avaliou-se a incidência e severidade da murcha bacteriana, por meio de escala discritiva de notas, aos 10 e 20 dias após a inoculação. Observou-se menor influência do ambiente, e maior variabilidade para *R. pseudosolanacearum* do que para *R. solanacearum*, tanto entre quanto dentro de famílias. Para *R. pseudosolanacearum* recomenda-se priorizar a seleção com 20 dias entre e dentro de famílias; para *R. solanacearum* deve-se selecionar apenas aos 20 dias, entre famílias. Foram identificadas maiores quantidades de plantas resistentes para *R. pseudosolanacearum* em qualquer época de avaliação do que para *R. solanacearum*.

Palavras-chave: Severidade; Murcha bacteriana; *Solanum Lycopersicum*

Abstract: The tomato (*Solanum lycopersicum*) is an important crop in Brazil, however, it is susceptible to different types of bacteria races. The objective was to study the genetic parameters of 43 $F_{2,3}$ families of tomato in resistance to *R. pseudosolanacearum* and *R. solanacearum*. The families were obtained from the cross between the cultivars Yoshimatsu (resistant) and IPA-7 (susceptible). Two experiments were carried out in a greenhouse at Universidade Federal Rural de Pernambuco, one for each species of the genus *R. spp.* A randomized block design was used with four replications and 45 treatments. There is less influence of the environment, and greater variability for *R. pseudosolanacearum* than for *R. solanacearum*, both among and within families. For *R. pseudosolanacearum* it is recommended to select 10 days between families, and 20 days between and within families. *R. solanacearum* should be selected from families only at 20 days. Larger amounts of resistant plants were identified for *R. pseudosolanacearum* at any time of evaluation than for *R. solanacearum*.

Key words: Severity; Bacterial wilt; *Solanum Lycopersicum*

*Autor para correspondência

Recebido para publicação em 09/10/2017; aprovado em 12/18/2017

¹Dr. Professor no Instituto Federal de Alagoas kd.agro@gmail.com.

²Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, tamara_rebecca@hotmail.com

³Doutoranda em Melhoramento Genético de Plantas, Universidade Federal Rural de Pernambuco, agrom1960@yahoo.com.br

⁴Doutoradno em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, maxwel.m88@gmail.com

⁵Pós-Doutorado em Fitobacteriologia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, adrianomfsilva@yahoo.com.br

⁶Dr. Professor na Universidade Federal Rural de Pernambuco, joseluiz.ufrpe@yahoo.com.br



INTRODUÇÃO

O tomateiro é uma hortaliça de importância econômica e social para o Brasil. Durante seu ciclo esta planta sofre bastante devido a ocorrência de várias doenças, dentre elas as várias bacterioses, com destaque para a murcha bacteriana causada por *R. pseudosolanacearum* e *R. solanacearum* (SANTIAGO et al., 2016).

Estes patógenos estão amplamente distribuídos em regiões tropicais, subtropicais e temperadas (ELPHINSTONE, 2005; DENNY, 2006). No Brasil, estas bactérias causam sérios danos ao tomateiro, principalmente nas regiões Norte e Nordeste. Estes patógenos habitam o solo e invadem o sistema radicular por meio de ferimentos, multiplicam-se rapidamente dentro do xilema e por meio deste se distribui por toda a planta. Os principais sintomas são o escurecimento dos vasos do xilema e a murcha repentina sem alteração da coloração verde (WICKER et al., 2007).

O controle destes patógenos dependem da adoção de medidas preventivas integradas. Dentre outros métodos de prevenção, o genético é o mais adequado, porém não há cultivares de tomate com adequado grau de resistência e com frutos de boa qualidade agrônômica. As cultivares que apresentam resistência exibem frutos rachados, pequenos ou de baixa consistência (LOPES; BOITEUX, 2012). Dessa forma é preciso realizar estudos voltados para o desenvolvimento de novas cultivares.

Segundo Nick e Silva (2016), a cultivar Yoshimatsu é resistente a murcha bacteriana, no entanto exibe frutos que não tem boa aceitação no mercado. A cultivar IPA-7, que apresenta frutos de qualidade, é susceptível a murcha. Acredita-se que é possível selecionar famílias $F_{2,3}$ que podem dar origem a genótipos resistentes e com bons frutos, a partir do cruzamento destas cultivares, por meio dos estudos dos parâmetros genéticos para cada espécie causadora da murcha.

Os parâmetros genéticos possibilitam aumentar a eficiência na estimativa da potencialidade de populações para

Tabela 1. Características das cultivares utilizadas como genitores.

Cultivar	Porte	Formato de fruto	Reação	Empresa
Yoshimatsu	Indeterminado	Tamanho médios, pluriloculados, vermelhos e não atrativo ao mercado	Resistente	INPA
IPA-7	Determinado	Tamanho médio a grandes, vermelhos e boa aceitação no mercado	Suscetível	IPA

Tabela 2. Características dos isolados utilizados nos experimentos com as famílias $F_{2,3}$.

Isolado	Espécie	Hospedeiro	Região	Biovar	Filotipo/ Sequevar
CRMrs74	<i>R. pseudosolanacearum</i>	Jiló	Chã Grande/PE	3	I/18
CRMrs185	<i>R. solanacearum</i>	Tomate	Petrolina/ PE	1	IIA/50

O delineamento utilizando foi o de blocos casualizados com quatro repetições, resultando em 180 parcelas experimentais. Cada unidade experimental foi composta por 4 plantas, totalizando 16 plantas por família em todo experimento.

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

Aos 21 dias da semeadura as mudas foram transplantadas para vasos plásticos de 500 ml, contendo substrato a base de uma mistura de solo e húmus na proporção de 3:1, nesta ordem. As plantas com 30 dias da

o melhoramento, com base nos componentes de média e de variância. Estes parâmetros são de grande utilidade ao fitomelhorista, pois possibilitam classificar os genótipos candidatos a serem lançados como cultivares comerciais, permite prever os ganhos oriundos, fornecendo bases para estabelecer estratégias eficazes de seleção, como variabilidade genética e o grau de expressão de um caráter de uma geração para outra (CARVALHO, 2017).

No caso de populações segregantes, como famílias $F_{2,3}$, observa-se variância significativa entre e dentro destas, portanto os dados obtidos para a estimativas dos parâmetros devem ser a nível de planta dentro das parcelas.

Diante do exposto, objetivou-se estudar os parâmetros genéticos de 43 famílias $F_{2,3}$ de tomateiro para resistência à *R. pseudosolanacearum* e *R. solanacearum*.

MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação, localizada no departamento de agronomia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, situada na latitude de 8°01'02"S e longitude de 34°56'41"O. 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%.

Inicialmente foram realizados cruzamentos manuais entre os genitores Yoshimatsu e IPA-7 (Tabela 1). A partir de então, obteve-se as populações F_1 e F_2 , onde 43 destas foram utilizadas neste estudo.

As 43 famílias $F_{2,3}$, juntamente com os genitores, constituíram 45 tratamentos. Estes foram avaliados para verificação da resistência a espécie *R. pseudosolanacearum* e *R. solanacearum*, utilizando os isolados CRMrs74 e CRMrs185 (Tabela 2), respectivamente.

semeadura foram inoculadas pelo método do corte de raízes, fazendo-se com auxílio de um bisturi um corte semicircular no substrato perto do caule da planta, no qual foram depositados 15 ml da suspensão bacteriana (5×10^8 UFC ml⁻¹) (FELIX et al., 2012).

Após a inoculação, as irrigações foram realizadas em recipientes plásticos localizados sob os vasos de 500ml, afim de não drenar o inoculo e de sempre manter o substrato úmido.

Para o preparo da suspensão de inoculo, primeiramente os isolados bacterianos utilizados foram extraídos de um meio de conservação em água. Posteriormente foram cultivados em meio TZC modificado (tetracloro de trifênol tetrazólio) (KELMAN, 1954), por 48h na temperatura de 30°C ± 2°C, sendo transferida para meio ágar nutritivo-dextrose-extrato de levedura (NYDA) (10g dextrose, 3g extrato de carne, 5g

extrato de levedura, 3g peptona e 18g ágar l⁻¹), suspensa em água destilada esterilizada (ADE). A suspensão foi ajustada para a concentração de 5x10⁸ UFC ml⁻¹ utilizando-se um fotocolorímetro (Analyser 500 M, Brasil).

As avaliações foram realizadas utilizando os dados do 10° e 20° dia após a inoculação. A incidência e severidade da doença foi mensurada com o auxílio de escala de notas descritiva de 1 a 5, adaptada de Nielsen e Haynes (1960), em que: 1= ausência de sintomas, 2= plantas com até 1/3 das folhas murchas, 3= plantas com até 2/3 das folhas murchas, 4= plantas totalmente murchas e 5= plantas mortas.

As variáveis mensuradas foram submetidas à análise de variância com base na equação 1.

$$y = Xr + Za + Wp + e \quad (\text{Eq. 01})$$

Em que: y= vetor de dados; r= vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados a média geral; a= vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios); p= vetor dos efeitos de parcelas (aleatórios); e= vetor dos erros ou resíduos (aleatórios); Letras maiúsculas X,

Z, W= representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

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

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As notas de murcha bacteriana, aos 10 e 20 dias após a inoculação, evidenciou diferença significativa entre as famílias F_{2,3} para *R. solanacearum* e *R. pseudosolanacearum* (Tabela 3). Estes resultados indicam a existência de variabilidade genética nas famílias, sendo favorável a realização de melhoramento nas duas condições. Os coeficientes de variação experimental apresentaram valores de 13,53% aos 10 dias e de 13,29% aos 20 dias, indicando boa precisão experimental, segundo Ferreira (2000).

Tabela 3. Análise de variância, parâmetros genéticos e fenotípicos de 43 famílias F_{2,3} de tomateiro e seus respectivos parentais em relação as notas para murcha bacteriana causada por *R. solanacearum* e *R. pseudosolanacearum*, aos 10 e 20 dias após a inoculação.

Fator de variação	Grau de liberdade	<i>R. solanacearum</i>		<i>R. pseudosolanacearum</i>	
		Notas aos 10 dias	Notas aos 20 dias	Notas aos 10 dias	Notas aos 20 dias
Blocos	3	0,75	3,65	0,34	0,75
Famílias	44	1,54**	4,75**	2,06**	6,60**
Entre famílias	132	0,87	1,86	0,70	1,65
Dentro de famílias	540	0,42	0,77	0,32	0,94
Média		1,51	2,63	1,39	2,62
V _F total		0,57	1,23	0,50	1,42
V _F dentro de famílias		0,42	0,77	0,32	0,94
V _G entre famílias		0,04	0,18	0,09	0,31
V _G dentro de famílias		0,02	0,09	0,05	0,15
V _E ambiental		0,11	0,27	0,09	0,18
h ² média da família (%)		43,22	60,81	66,17	75,01
h ² dentro de família (%)		5,00	11,78	13,19	16,54
h ² indivíduo bloco/exp. (%)		10,91	22,19	25,48	32,60
CV _e % experimental		30,87	25,96	29,95	24,54
CV _e % experimental (√x)		14,74	14,07	13,53	13,29
CV _{ee} % experimental entre		22,35	19,91	21,94	16,15
CV _{ge} % genético entre		13,47	16,17	20,94	21,26
CV _{gd} % genético dentro		9,52	11,43	14,81	15,03
e entre famílias		0,60	0,81	0,95	1,31
e dentro de famílias		0,42	0,57	0,67	0,93

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

Os componentes de média e estimativas de variâncias permitem obter informações que auxiliam no direcionamento do programa de melhoramento, auxiliando na seleção e recomendação de genótipos (MAIA et al., 2009). E segundo Fiorini (2007) e Ramalho et al., (2012) a avaliação de progênies F_{2,3} permite o estudo de herança.

Observa-se, para as duas espécies de bactéria, que a média e os valores estimados de variâncias fenotípicas total, variâncias fenotípicas dentro de famílias e variância ambiental foram maiores aos 20 dias. Desta forma, os resultados obtidos mostram que, apesar de existir variabilidade para permitir o melhoramento nas duas condições, de maneira geral, o melhoramento feito aos 20 dias se mostrou mais eficiente, o que pode ser explicado pelo maior tempo para manifestação da doença no experimento.

Monma e Sakata (1992) afirmam que a diferença no padrão de resistência e a metodologia utilizada influência no estudo de herança. Assim sendo, apesar das médias serem muito próximas entre as espécies estudadas, pode-se observar que a variabilidade para *R. pseudosolanacearum* é maior, tanto entre famílias quanto dentro de famílias. Além disso a variância ambiental teve menor estimativa, não afetando de maneira significativa os parâmetros que auxiliam na seleção. Sendo assim, a *R. pseudosolanacearum* se destacou e obteve maior estimativa de variância genética entre famílias (0,18) e dentro de famílias (0,09). A variância genética é a porção que orienta os programas de melhoramento, podendo ser usada para orientar as pesquisas, sendo assim o conhecimento da magnitude dos componentes da resistência a murcha bacteriana são de fundamental importância (FERREIRA et al., 2003; SOUZA et al., 2012).

Com base na importância da herdabilidade para o processo de seleção, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade em nível de média de famílias superaram aquelas dentro de família e em nível de plantas dentro de blocos e dentro de experimentos, para as duas espécies. Dessa forma fica evidente que a seleção baseada em famílias é mais eficiente do que em plantas individuais dentro de família.

O índice ε representa a relação entre o coeficiente de variação genético pelo coeficiente de variação experimental. Segundo Vencovsky (1987), os parâmetros de ε entre famílias e dentro de famílias apresentam boa variabilidade para se obter ganhos genéticos com a seleção, principalmente aos 20 dias. Entretanto, ao contrário da *R. pseudosolanacearum*, a

seleção dentro de famílias não se mostrou eficiente para a espécie *R. solanacearum*.

Para *R. pseudosolanacearum*, quando a avaliação foi aos 10 dias após a inoculação, houve diferenças significativas, havendo a formação de três grupos (Tabela 4). O primeiro foi formado pela cultivar Yoshimatsu e 40 famílias (2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43) que apresentaram maior resistência ao patógeno (nota 1). Corroborando com Monma et al., (1997) que observou em seus trabalhos resultados satisfatórios na seleção de progênies que combinam alelos favoráveis para as características de interesse.

Tabela 4. Agrupamento de médias em relação a notas para murcha bacteriana causada por *R. pseudosolanacearum* e *R. solanacearum* aos 10 e 20 dias após a inoculação em 43 famílias F_{2:3} de tomateiro e seus respectivos parentais.

Tratamentos	<i>R. pseudosolanacearum</i>		<i>R. solanacearum</i>	
	Notas aos 10 dias	Notas aos 20 dias	Notas aos 10 dias	Notas aos 20 dias
IPA-7	3,06 c	4,62 b	2,50 a	4,43 b
Yoshimatsu	1,00 a	1,00 a	1,00 a	1,00 a
Família F _{2:3} # 1	2,06 b	3,81 b	1,50 a	2,75 b
Família F _{2:3} # 2	1,12 a	2,37 a	1,43 a	2,62 a
Família F _{2:3} # 3	1,25 a	3,18 b	1,18 a	2,18 a
Família F _{2:3} # 4	1,00 a	1,62 a	1,93 a	3,18 b
Família F _{2:3} # 5	1,50 a	3,18 b	1,50 a	2,75 b
Família F _{2:3} # 6	1,31 a	2,50 a	1,93 a	3,31 b
Família F _{2:3} # 7	1,25 a	2,62 a	1,50 a	3,12 b
Família F _{2:3} # 8	1,75 b	3,62 b	1,37 a	2,50 a
Família F _{2:3} # 9	1,00 a	2,37 a	1,75 a	3,37 b
Família F _{2:3} # 10	1,31 a	2,12 a	1,50 a	3,12 b
Família F _{2:3} # 11	1,43 a	2,18 a	1,50 a	2,62 a
Família F _{2:3} # 12	1,37 a	2,75 a	1,00 a	1,87 a
Família F _{2:3} # 13	1,56 a	2,43 a	1,56 a	2,56 a
Família F _{2:3} # 14	1,43 a	2,43 a	1,68 a	2,87 b
Família F _{2:3} # 15	1,43 a	3,12 b	1,43 a	2,50 a
Família F _{2:3} # 16	1,81 b	3,81 b	1,50 a	2,50 a
Família F _{2:3} # 17	1,25 a	2,18 a	1,81 a	3,25 b
Família F _{2:3} # 18	1,37 a	2,37 a	1,81 a	3,12 b
Família F _{2:3} # 19	1,50 a	2,37 a	1,43 a	2,31 a
Família F _{2:3} # 20	1,31 a	2,12 a	2,06 a	2,93 b
Família F _{2:3} # 21	1,00 a	2,31 a	1,25 a	2,25 a
Família F _{2:3} # 22	1,00 a	2,00 a	1,62 a	2,75 b
Família F _{2:3} # 23	1,31 a	2,56 a	1,37 a	2,56 a
Família F _{2:3} # 24	1,50 a	2,68 a	1,56 a	2,93 b
Família F _{2:3} # 25	1,37 a	2,68 a	1,75 a	2,75 b
Família F _{2:3} # 26	1,37 a	2,43 a	1,68 a	2,87 b
Família F _{2:3} # 27	1,18 a	2,75 a	2,06 a	3,00 b
Família F _{2:3} # 28	1,31 a	2,43 a	1,25 a	2,18 a
Família F _{2:3} # 29	1,12 a	1,93 a	1,56 a	2,43 a
Família F _{2:3} # 30	1,62 a	2,81 a	1,18 a	2,06 a
Família F _{2:3} # 31	1,18 a	2,12 a	1,37 a	3,31 b
Família F _{2:3} # 32	1,12 a	2,12 a	1,06 a	2,12 a
Família F _{2:3} # 33	1,37 a	2,43 a	1,56 a	2,93 b
Família F _{2:3} # 34	1,43 a	2,50 a	1,75 a	2,18 a
Família F _{2:3} # 35	2,12 b	3,93 b	1,68 a	2,68 b
Família F _{2:3} # 36	1,12 a	2,37 a	1,56 a	2,75 b
Família F _{2:3} # 37	1,12 a	2,37 a	1,62 a	2,37 a
Família F _{2:3} # 38	1,50 a	2,87 a	1,37 a	2,31 a
Família F _{2:3} # 39	1,12 a	2,43 a	1,00 a	2,31 a
Família F _{2:3} # 40	1,31 a	2,68 a	1,37 a	2,18 a
Família F _{2:3} # 41	1,37 a	2,31 a	1,12 a	1,81 a
Família F _{2:3} # 42	1,31 a	2,50 a	1,18 a	2,06 a
Família F _{2:3} # 43	1,62 a	3,56 b	1,18 a	2,37 a

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

O segundo grupo foi formado por 4 famílias (1, 8, 16, 35), com desempenho intermediário, e o terceiro apenas pela cultivar IPA-7 (nota 3,06).

Na observação realizada aos 20 dias após a inoculação, formou-se apenas dois grupos. O primeiro, apresentando maior resistência (nota 1), formado pela cultivar Yoshimatsu e 35 famílias (2, 4, 6, 7, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42). Este resultado corrobora com Nick e Silva (2016) que afirmaram que a Yoshimatsu apresenta alta resistência. O segundo grupo, considerado susceptível, foi formado pela cultivar IPA-7 e demais famílias (1, 3, 5, 8, 15, 16, 35, 43).

Em relação ao experimento com *R. solanacearum*, para a análise feita aos 10 dias após a inoculação, não houve diferenças significativas entre as 43 famílias e seus respectivos parentais. Este resultado reforça a recomendação da seleção apenas aos 20 dias após a inoculação para esta espécie.

Na análise realizada aos 20 dias após a inoculação, formou-se dois grupos. O primeiro, formado pela cultivar Yoshimatsu e 23 famílias (2, 3, 8, 11, 12, 13, 15, 16, 19, 21, 23, 28, 29, 30, 32, 34, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43), apresentou maior resistência (nota 1). O segundo grupo, susceptível, foi formado pela cultivar IPA-7 (4,43) e as outras 20 famílias (1, 4, 5, 6, 7, 9, 10, 14, 17, 18, 20, 22, 24, 25, 26, 27, 31, 33, 35, 36). A cultivar Yoshimatsu e suas progênies também apresentaram resistência a *R. solanacearum*, em estudos realizados por Pena et al. (2010) e Souza et al. (2013).

Identificou-se maior quantidade de famílias resistentes para *R. pseudosolanacearum*, em qualquer época de avaliação, do que para *R. solanacearum*.

CONCLUSÕES

As famílias apresentaram médias de notas de murcha muito próximas aos 10 e 20 dias após a inoculação, para as duas espécies.

Existe menor influência do ambiente e maior variabilidade para *R. pseudosolanacearum* do que para *R. solanacearum*, tanto entre quanto dentro de famílias.

Para *R. pseudosolanacearum*, recomenda-se selecionar com 10 dias entre famílias e com 20 dias entre e dentro de famílias. Para *R. solanacearum* deve-se selecionar entre famílias apenas aos 20 dias.

REFERÊNCIAS

CARVALHO, A. D. F.; NOGUEIRA, M. T. M.; SILVA, G. O.; LUZ, J. M. Q.; MACIEL, G.M.; RABELO, P. G. Seleção de genótipos de cenoura para caracteres fenotípicos de raiz. Horticultura Brasileira, Vitória da Conquista, v.35, n.1, p.97-102, 2017.

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

DENNY, T. Plant pathogenic *R.* species. In: GNANAMANICKAM, S. S. (eds.). Plant-Associated Bacteria. New York: Springer, 2006, p.573-644.

ELPHINSTONE, J. G. The current bacterial wilt situation: a global overview. In: ALLEN, C.; PRIOR, P.; HAYWARD, A. C. (eds.) Bacterial Wilt Disease and the *R. solanacearum* Species Complex. Saint. Paul: American Phytopathological Society Press, p.9-28, 2005.

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, New York, v.40, n.1, p.53-62, 2012.

FERREIRA, P. V. Estatística experimental aplicada a agronomia. 3.ed. Maceió: EDUFAL, 2000. 419p.

FIORINI, C. V. A.; GOMES, L. A. A.; LIBÂNO, R. A.; MALUF, W. R.; CAMPOS, V. P.; LICURSI, V.; MORETTO, P.; SOUZA, L. A.; FIORINI, I. V. A. Identificação de progênies F2:3 de alface homozigotas resistentes aos nematóides das galhas. Horticultura Brasileira, Brasília, v.25, n.4, 509-513, 2007.

KELMAN, A. The relationship of pathogenicity in *Pseudomonas solanacearum* to colony appearance on a tetrazolium medium. Phytopathology, New York, v.44, n.5. p.693-695, 1954.

LOPES, C. A.; BOITEUX, L. S. Melhoramento para resistência a doenças bacterianas. In: Fritse-Neto, R.; Borém, A. (eds.). Melhoramento de plantas para condições de estresses bióticos. Viçosa: UFV, 2012, p.61-88.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos misto. Pesquisa Agropecuária Tropical, Goiânia, v.39, n.1, p. 43-50, 2009.

MONMA, S.; SAKAT, Y. Inheritance of resistance to bacterial wilt in tomato. Bacterial Wilt. ACIAR Proceedings n^o45. Australia, p. 149-153, 1992.

MONMA, S.; SAKATA, Y.; MATSUNAGA, H. Inheritance and selection efficiency of bacterial wilt resistance in tomato. Japan Agricultural Research Quarterly, Japão, v.31, n.3, p. 195-204, 1997.

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

NICK, C.; SILVA, D. J. H. Melhoramento de tomate. In: NICK, C.; BORÉM, A. (eds.). Melhoramento de hortaliças. Viçosa: UFV. p. 396-431, 2016.

PENA, M. A.; NODA, H.; MACHADO, F. M.; PAIVA, M. S. S. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de tomateiro sob cultivo em solos de terra firme e várzea da Amazônia infestados por *Ralstonia solanacearum*. Bragantia, Campinas, v.69, n.1, p.27-37, 2010.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. Genética na Agropecuária. Viçosa: UFV, 2012, p.564.

SANTIAGO, T. R.; LOPES, C. A.; CAETANO-ANOLLES, G.; MIZUBUTI, E. S. G. Phylotype and sequevar variability of *R. solanacearum* in Brazil, an ancient centre of diversity of the pathogen. Plant Pathology, Havana, v. 66, p. 383–392, 2016

SOUZA, N. M.; BLIND, A. D.; SILVA FILHO, D. F.; RODRIGUES, H. S.; NODA, H. Avaliação de linhagens e cultivares de tomate resistentes à murcha bacteriana (*Rasltonia solanacearum*) desenvolvidas na amazonia. Enciclopédia Biosfera, Goiania, v.9, n.16; p.400-410, 2013.

SOUZA, L. M. S.; MELO, P. C. T.; LUDERS, R. R.; MELO, A. M. T. Correlation between yield and fruit quality characteristics of fresh market tomato. Horticultura Brasileira, Vitoria da Conquista, v.30, n.4, 2012.

WICKER, E.; GRASSART, L.; CORANSON-BEAUDU, R.; MIAN, D.; GUILBAUD, C.; FEGAN, M.; PRIOR, P. R. *solanacearum* strains from Martinique (French west indies) exhibiting a new pathogenic potential. Appl Environ Microbiol, Washington, v.73, n.21, p.6790–6801, 2007.