

Manejo de nematoides do gênero *Meloidogyne* no cultivo do tomateiro via resistência genética: Avanços, obstáculos e perspectivas

Leonardo S. Boiteux, Jadir B. Pinheiro e Maria Esther de Noronha Fonseca
Centro Nacional de Pesquisa de Hortaliças, Embrapa Hortaliças, Brasília, DF.
E-mail: leonardo.boiteux@embrapa.br

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) é uma das hortaliças relatadas como importantes hospedeiras dos nematoides das galhas. Esses parasitas englobam espécies e raças classificadas dentro do gênero *Meloidogyne* Goeldi (Tylenchida: Meloidogynidae) 1887. O ataque desses nematoides no cultivo do tomate pode ocasionar, dependendo das condições ambientais, tipo de solo e suscetibilidade da variedade, perdas na produção na ordem de 85–100%. Os sintomas se caracterizam por clorose e nanismo da parte aérea e por galhas radiculares e, dependendo da espécie de *Meloidogyne*, de necrose radicular. *Meloidogyne incognita*, *M. javanica* e *M. arenaria* são as espécies de mais ampla distribuição geográfica em cultivos de tomateiro no mundo.

No Brasil, levantamentos conduzidos com amostras de populações coletadas em diferentes regiões produtoras e analisadas empregando aspectos morfológicos e o sistema enzimático Esterase (EST) indicaram a presença das seguintes espécies infectando o tomateiro: *M. javanica*, *M. incognita* (EST I1 e I2), *M. ethiopica*, *M. enterolobii* (= *M. mayaguensis*) e *M. morocciensis*. Foi observada a predominância das espécies *M. javanica* (≈ 50% das amostras). *Meloidogyne incognita*, *M. ethiopica*, *M. enterolobii* e *M. morocciensis* foram observadas em 28,5%, 14,2%, 7,14% e 3,57% das amostras, respectivamente. Foram também detectadas misturas populacionais de *M. incognita* com *M. javanica* e de *M. enterolobii* com *M. javanica*. A resistência genética se constitui na estratégia mais eficiente e de maior sustentabilidade para o controle dos nematoides das galhas no tomateiro.

Atualmente, a resistência disponível para o melhoramento genético do tomateiro é baseada em um gene dominante (denominado *Mi-1.2*) que foi introgridido do acesso da espécie selvagem *S. peruvianum* ‘PI 128657’. Esse gene se localiza no braço curto do cromossomo 6 e tem sido amplamente empregado em cultivares e híbridos comerciais uma vez que confere resistência a distintas populações/raças de *M. incognita*, *M. javanica* e *M. arenaria*. Populações desses nematoides-das-galhas

penetram nas raízes até alcançar o sistema vascular tanto em plantas resistentes quanto nas suscetíveis. No entanto, nas plantas resistentes, ocorre uma reação de hipersensibilidade caracterizada por uma necrose localizada na circunvizinhança do sítio de alimentação. Essa reação evita a formação das “células gigantes”, impedindo a alimentação e a consequente exploração do tecido hospedeiro pelo patógeno.

Genes de resistência a doenças em plantas (genes R) são classificados em diferentes famílias de acordo com elementos conservados na estrutura das proteínas codificadas. A maioria das proteínas R contem uma região do tipo *nucleotide-binding site* (NB) e um domínio C-terminal do tipo LRR (= *leucine rich repeat*). Um subconjunto destas famílias gênicas também apresenta um domínio do tipo *coiled-coil* (CC) na região 5' terminal. A clonagem posicional (*map-based cloning*) identificou o gene *Mi-1.2* com sendo membro de uma família de proteínas R caracterizada pela presença combinada dos elementos conservados CC–NB–LRR. Análises genômicas adicionais indicaram que o gene *Mi-1.2* faz parte de um *cluster* de sete cópias homólogas que estão presentes nos genomas de acessos suscetíveis e resistentes. Todos os membros do *cluster* do gene *Mi-1.2* são classificados na família de genes R contendo os elementos conservados CC–NB–LRR. No entanto, a função destes outros genes homólogos do *cluster* permanece ainda por ser elucidada.

Marcadores moleculares co-dominantes ligados ao locus *Mi-1.2* foram desenvolvidos e estão sendo empregados em sistemas aplicados de seleção assistida e para checagem de pureza genética de híbridos. O gene *Mi-1.2* apresenta um interessante efeito pleiotrópico, controlando resistência também contra populações do afídeo *Macrosiphum euphorbiae* e da mosca-branca *Bemisia tabaci*. Outro aspecto positivo associado ao locus contendo o gene *Mi-1.2* é a presença de uma estreita ligação como os genes *Cf-2* e *Cf-5* (que controlam resistência contra algumas raças do fungo *Cladosporium*). Entretanto, o gene *Mi-1.2* não é efetivo em temperaturas acima de 28° C e também não tem efeito contra populações de *M. hapla* e contra alguns isolados virulentos de *M. incognita* e *M. javanica*. Além disso, o gene *Mi-1.2* se encontra em uma região genômica em forte repulsão com o gene dominante *Ty-1* e o gene recessivo *tcm-1* (que controlam resistência a diferentes espécies de *Begomovirus*), dificultando, desta forma, a obtenção de linhagens puras contendo esses fatores em homozigose.

Recentemente, linhagens contendo raros eventos de recombinação entre *Ty-1* e *Mi-1.2* foram identificadas e estão em processo de caracterização fenotípica e molecular. Mais recentemente, um novo gene de resistência denominado de *Mi-9* (que

foi introgridido da espécie selvagem *S. arcanum* ‘LA 2157’) foi clonado e caracterizado. O gene *Mi-9* é um homólogo do gene *Mi-1.2* e está também localizado no cromossomo 6. Um aspecto diferencial do *Mi-9* é o fato desse gene apresentar maior estabilidade térmica que o gene *Mi-1.2*. Ensaio envolvendo a avaliação de germoplasma de *Solanum* (secção *Lycopersicon*) para novos nematoides emergentes tais como *M. enterolobii*, *M. morocciensis* e *M. ethiopica* estão em andamento. No entanto, *M. enterolobii* é, sem dúvida, a mais importante ameaça para o cultivo do tomateiro no Brasil devido a sua recente expansão geográfica e pela sua capacidade de “quebrar” a resistência conferida pelo gene *Mi-1.2*. Ensaio iniciais envolvendo a avaliação de mais de 200 acessos de germoplasma de *Solanum* (secção *Lycopersicon*) para a reação à *M. enterolobii* não se mostraram promissores. Todos os acessos avaliados apresentaram níveis variáveis de suscetibilidade, dependendo do método de inoculação e/ou da população do patógeno. Neste contexto, buscas por novas fontes de resistência que sejam efetivas contra populações destas espécies emergentes devem ser intensificadas, ganhando o status de prioridade dentro dos programas de melhoramento genético do tomateiro para as condições brasileiras.