



**UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS  
GENÉTICOS VEGETAIS**



**CLISNEIDE COELHO DE AMORIM**

**VARIABILIDADE GENÉTICA NO GERMOPLASMA DE  
MELÃO DA AGRICULTURA TRADICIONAL DO NORDESTE  
BRASILEIRO**

Feira de Santana - BA

2021

**CLISNEIDE COELHO DE AMORIM**

**VARIABILIDADE GENÉTICA NO GERMOPLASMA DE  
MELÃO DA AGRICULTURA TRADICIONAL DO NORDESTE  
BRASILEIRO**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, da Universidade Estadual de Feira de Santana como requisito parcial para obtenção do título de Doutora em Recursos Genéticos Vegetais.

Orientador: Prof<sup>o</sup>. PhD. Manoel Abilio de Queiróz

Feira de Santana – BA

2021

**Ficha catalográfica - Biblioteca Central Julieta Carteado - UEFS**

Amorim, Clisneide Coelho de  
A543v Variabilidade genética no germoplasma de melão da agricultura  
tradicional do nordeste brasileiro / Clisneide Coelho de Amorim. - 2021.  
81f. : il.

Orientador: Manoel Abilio de Queiróz

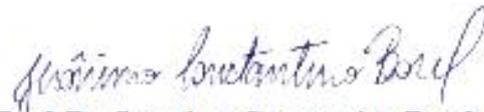
Tese (doutorado) - Universidade Estadual de Feira de Santana.  
Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, 2021.

1. Cucumis melo. 2. Germoplasma. 3. Variabilidade. 4. Métodos  
estatísticos. 5. Agricultura tradicional. I. Queiróz, Manoel Abilio de,  
orient. II. Universidade Estadual de Feira de Santana. III. Título.

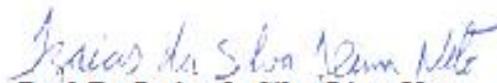
CDU: 582.98

Rejane Maria Rosa Ribeiro – Bibliotecária CRB-5/695

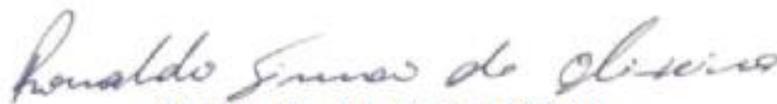
**BANCA EXAMINADORA**



**Prof. Dr. Jeronimo Constantino Borel**  
(Universidade Federal do Vale do São Francisco -UNIVASF Petrolina)



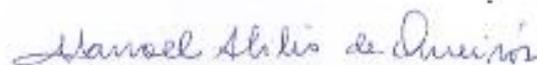
**Prof. Dr. Izaias da Silva Lima Neto**  
(Universidade Federal do Vale do São Francisco -UNIVASF Petrolina)



**Prof. Dr. Ronaldo Simão de Oliveira**  
(Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Baiano – IFBaiano)



**Prof. Dr. Luiz Cláudio Costa Silva**  
(Universidade Estadual de Feira de Santana - UEFS)



**Prof. Dr. Manoel Abilio de Queiróz**  
(Universidade do Estado da Bahia - UNEB)  
Orientador e Presidente da Banca

Ao meu pai **Eluzimar N. Amorim** e minha mãe **Ednete C. Amorim**

Com todo amor e carinho, Dedico

## AGRADECIMENTOS

- ✓ A **DEUS**, pelo dom da vida, por ser meu amparo e refúgio, por todas as graças alcançadas, por conceder as forças necessárias para conquistá-las e por me manter firme na fé.
- ✓ Aos meus pais, **Ednete e Eluzimar**, pela educação, dedicação, amor, apoio e incentivo em minhas escolhas.
- ✓ Ao meu esposo, **José Timóteo**, pela ajuda, amizade, paciência, pelo apoio, incentivo, companheirismo e o amor incondicional.
- ✓ A meus irmãos **Clebson, Clebismar e Jakson**, pelo incentivo, apoio e descontração.
- ✓ Aos meus sobrinhos(as) **Milena, Mikaelly, Daniel e Jadson** pelo carinho.
- ✓ As minhas cunhadas Sandra, Arlandia e Adelande pelo apoio e incentivo.
- ✓ Ao meu orientador, **Manoel Abilio de Queiróz**, pela confiança, sábia orientação, disponibilidade, incentivo e pelos seus ensinamentos pessoais e profissionais.
- ✓ À equipe do laboratório de Biologia da UNEB (Barbara, Milena, Evelyn, Rana, Alessandro e Graziela) pela ajuda e apoio na condução dos experimentos.
- ✓ À Barbara, pela amizade e disponibilidade sempre que precisei.
- ✓ À Universidade Estadual de Feira de Santana e ao programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais pela oportunidade de realizar o curso.
- ✓ Aos professores do RGV pelas contribuições científicas e pelo conhecimento adquirido.
- ✓ À UNEB de Juazeiro-BA, pelo espaço para a realização dos experimentos e aos funcionários e colaboradores dos trabalhos de campo, muito obrigada.
- ✓ À Embrapa Semiárido, em nome de Dr Diógenes Batista, pela parceria e orientação e à equipe (Cicero, Iandra e José) pelo apoio no desenvolvimento dos experimentos.
- ✓ À Univasf, em nome de Mariana e Prof. Dr. Izaias, pela parceria e orientação.
- ✓ "O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001"
- ✓ À todos aqueles que de forma direta ou indireta contribuíram para o sucesso deste trabalho, o meu **MUITO OBRIGADA!**

"Lutar sempre, vencer talvez, desistir jamais."

# VARIABILIDADE GENÉTICA NO GERMOPLASMA DE MELÃO DA AGRICULTURA TRADICIONAL DO NORDESTE BRASILEIRO

## RESUMO GERAL

O presente trabalho objetivou estudar a diversidade genética de subacessos de meloeiro (gerações S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>) da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, usando descritores morfológicos e diferentes métodos estatísticos, bem como estimar parâmetros genéticos visando à seleção de genótipos. Foram avaliados subacessos de melão da agricultura familiar em Delineamento em Blocos Casualizados (DBC) com três repetições e cinco plantas por parcela. Para a caracterização do germoplasma foram utilizados 12 descritores quantitativos e 11 qualitativos. Inicialmente testou-se as pressuposições da ANOVA, para os descritores quantitativos. Em seguida, realizou-se a análise de variância individual e a análise conjunta e o agrupamento das médias pelo teste de Scott Knott a 5% de significância. Para os agrupamentos os métodos UPGMA, Tocher e Ward-MLM foram utilizados. Assim, foi possível notar ampla variabilidade entre e dentro dos subacessos avaliados para todas as características em ambas as gerações e ambientes, revelando o potencial de alguns subacessos que poderão ser inseridos em programas de melhoramento que busquem obter frutos pequenos, boa prolificidade, elevado teor de sólidos solúveis, precocidade e aumentar o tamanho dos frutos. Os métodos UPGMA e Tocher foram mais eficientes em estimar a diversidade genética presente na amostra, conseguindo uma melhor distinção das variedades botânicas.

**Palavras chaves:** *Cucumis melo*. Germoplasma. Variabilidade. Métodos estatísticos. Agricultura tradicional.

# GENETIC VARIABILITY IN THE MELON GERMOPLOSM OF TRADITIONAL AGRICULTURE IN NORTHEAST BRAZIL

## ABSTRACT

The present work aimed to study the genetic diversity of melon subaccesses (generations S1 and S2) of traditional agriculture in Northeast Brazil, using morphological descriptors and different statistical methods, as well as to estimate genetic parameters aiming at the selection of genotypes. Family farming melon sub-accessions were evaluated in a Randomized Block Design (DBC) with three replicates and five plants per plot. For the characterization of the germplasm, 12 quantitative and 11 qualitative descriptors were used. Initially, the assumptions of the ANOVA were tested for the quantitative descriptors. Then, individual variance analysis and joint analysis and grouping of averages were performed using the Scott Knott test at 5% significance and using the UPGMA, Tocher and Ward-MLM methods. Thus, it was possible to notice wide variability among and within the sub-accessions evaluated for all characteristics in both generations and environments, revealing the potential of some sub-accessions that can be inserted in breeding programs that seek to obtain small fruits, good prolificacy, high content of soluble solids, earliness and increase the size of the fruits. The UPGMA and Tocher methods were more efficient in estimating the genetic diversity present in the sample, achieving a better distinction among botanical varieties.

**Key words:** *Cucumis melo*, Germplasm, Variability, Statistical methods, Traditional agriculture.

## LISTA DE FIGURAS

**Figura 1:** Variabilidade observada para alguns descritores qualitativos nos 35 subacessos de melão provenientes da agricultura familiar do Nordeste brasileiro.

**Figura 2:** Representação do agrupamento pelo método de Otimização de Tocher 38 com base na dissimilaridade entre os 23 subacessos de melão das gerações  $S_1$  e  $S_2$ , da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro.

**Figura 3:** Representação do agrupamento pelo método comparativo UPGMA com 40 base na dissimilaridade entre os 23 subacessos de melão das gerações  $S_1$  (A) e  $S_2$  (B), da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro.

## LISTA DE TABELAS

### CAPITULO I

**Tabela 1.** Dados de passaporte dos subacessos de *Cucumis melo* do BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro que foram usados nos experimentos. 28

**Tabela 2.** Médias dos descritores número de dias para aparecimento da primeira flor masculina e feminina (NFM e NFF); massa do fruto (MF); diâmetro e comprimento do fruto (DF e CF); diâmetro e comprimento da cavidade (DC e CC); espessura de polpa lado direito, esquerda, superior e inferior (EPD, EPE, EPS e EPI); e sólidos solúveis, (°Brix), avaliados nos subacessos de melão, gerações S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>, da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro. 31

**Tabela 3.** Agrupamento dos subacessos das gerações S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>, da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, com base no procedimento do Ward-MLM. 36

**Tabela 4.** Média das 13 variáveis em cada grupo e contribuição dos caracteres para as variáveis canônicas (CAN1) e (CAN2) dos subacessos das gerações S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>, da agricultura familiar do Nordeste brasileiro. 37

**Tabela 5:** Contribuição de cada característica para divergência genética pelo critério de Singh (1981) entre os subacessos das gerações S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub> de melão da agricultura tradicional, para os métodos UPGMA e Tocher. 41

### CAPITULO II

**Tabela 1.** Dados de passaporte dos subacessos de *Cucumis melo* do BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro que foram usados nos experimentos. 49

**Tabela 2:** Teste de médias para nove caracteres avaliados em subacessos de melão da agricultura familiar do Nordeste brasileiro, em duas épocas. 51

**Tabela 3:** Análise de variância conjunta entre subacessos de melão da agricultura familiar. 53

**Tabela 4:** Parâmetros genéticos para os diversos caracteres avaliados nos subacessos de melão da agricultura familiar do Nordeste brasileiro. 55

## SUMÁRIO

<b>1. INTRODUÇÃO GERAL</b>	11
<b>2. REFERENCIAL TEÓRICO</b>	12
<b>2.1 Origem, domesticação e dispersão</b>	12
<b>2.2 Taxonomia e classificação botânica</b>	13
<b>2.3 Importância econômica da cultura</b>	14
<b>2.4 Estimativa de parâmetros genéticos</b>	15
<b>2.5 Banco de germoplasma</b>	16
<b>2.6 Caracterização de germoplasma</b>	17
<b>3. REFERÊNCIAS</b>	20
<b>CAPÍTULO I- VARIABILIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE MELOEIRO UTILIZANDO DIFERENTES MÉTODOS ESTATÍSTICOS</b>	24
<b>RESUMO</b>	25
<b>ABSTRACT</b>	26
<b>INTRODUÇÃO</b>	27
<b>MATERIAIS E MÉTODOS</b>	28
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b>	30
<b>CONCLUSÃO</b>	42
<b>REFERÊNCIAS</b>	43
<b>CAPÍTULO II- PARÂMETROS GENÉTICOS EM SUBACESSOS DE MELÃO DA AGRICULTURA FAMILIAR</b>	45
<b>RESUMO</b>	46
<b>ABSTRACT</b>	47
<b>INTRODUÇÃO</b>	48
<b>MATERIAIS E MÉTODOS</b>	49
<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b>	50
<b>CONCLUSÕES</b>	56
<b>REFERÊNCIAS</b>	57
<b>CONSIDERAÇÕES FINAIS</b>	59

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

O melão (*Cucumis melo* L.), é uma hortaliça que possui uma grande expressão econômica, sendo apreciada nos mercados internos e externos. No Brasil seu cultivo vem aumentando significativamente nos últimos anos, sendo praticado em cerca de 22,3 mil hectares, produzindo 587,7 mil toneladas, sendo o 10º maior produtor mundial do melão (GUIMARÃES; ARAGÃO, 2019), com destaque para a região Nordeste que foi responsável por 95,3% da produção brasileira (IBGE, 2019).

A região Nordeste possui uma riqueza de espécies de cucurbitáceas introduzidas há vários anos e cultivadas até hoje na agricultura tradicional em pequenos estabelecimentos agrícolas, originando inúmeras populações tradicionais (QUEIRÓZ, 2004) que estão susceptíveis a perdas por diversas razões (secas prolongadas, êxodo rural, substituição por cultivares melhoradas, entre outras). Desse modo, é vital a conservação dessas populações em curto, médio e longo prazo.

A fim de evitar a perda dessa variabilidade, acessos de melão foram coletados na agricultura tradicional no Estado do Maranhão entre 1991 e 1998 e armazenados no Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, localizado na Embrapa Semiárido, Petrolina-PE, em câmara fria de 10 °C e 40% de umidade relativa. Estes acessos passaram por um processo de autofecundação para obtenção de progênies endogâmicas e foram divididos em subacessos de acordo com as variações observadas dentro dos acessos; em seguida as variedades botânicas foram identificadas, conforme características morfológicas (AMORIM et al., 2016; MACÊDO et al., 2017).

Contudo, estes acessos da agricultura tradicional ainda não foram suficientemente avaliados quanto ao seu desempenho morfoagronômico, tornando-se importante a alocação de esforços para a caracterização dos mesmos quanto às características de importância econômica, visando identificar acessos promissores, seja para uso direto pelos agricultores e consumidores, seja para uso indireto em programas de melhoramento, tanto dos melões comerciais como nos melões da agricultura tradicional.

Assim, o presente trabalho teve como objetivo estudar a diversidade genética de subacessos de meloeiro da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, usando descritores morfológicos e diferentes métodos estatísticos, bem como estimar parâmetros genéticos visando o auxílio em estratégias eficientes de seleção.

## 2. REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 Origem, domesticação e dispersão

O meloeiro não possui uma origem bem definida. Alguns autores dizem que os tipos silvestres de *C. melo* podem ser encontrados no leste da África tropical (WHITAKER; BEMIS, 1976; AKASHI et al., 2002; LUAN et al., 2008; BURGUER et al., 2010). Segundo os relatos de Mallick e Massui (1986), o melão originou-se na África e a ocorrência dessas plantas em diferentes partes do mundo pode ser o resultado de dispersão por pássaros, animais e pelo homem. Sebastian et al. (2010) com base em sequências de DNA dos cloroplastos e marcadores nucleares propuseram que o melão é de origem asiática e possui numerosos parentes na Austrália e em torno do Oceano Índico. Já Pitrat (2013) relatou que os melões silvestres podem ser observados na África e na Ásia.

O processo de domesticação foi conduzido pela humanidade buscando adaptar as plantas às necessidades humanas. As plantas domesticadas distinguem-se geneticamente de seus ancestrais silvestres, tornando-se dependentes da humanidade para sua sobrevivência, pois não conseguem sobreviver na competição com ervas daninhas na agricultura e a humanidade, por conseguinte, é dependente de plantas domesticadas para sua alimentação (GROSS; OLSEN, 2010; PITRAT, 2013). Pitrat (2013) também relata sobre as diferenças entre os melões silvestres e cultivados, onde diz que os melões silvestres se caracterizam por apresentar pequenas folhas, flores, frutos (20 a 50 g) e sementes. Já nos melões cultivados foram observados frutos e sementes maiores, diversos formatos, coloração de polpa laranja, sendo esses fatores resultantes da seleção realizada ao longo do tempo.

O melão foi para a Europa no declínio do Império Romano (PURSEGLOVE, 1977) sendo dispersado para as Américas por diferentes caminhos (CORREA, 2010). Possivelmente, dentro das rotas de introdução do melão no Brasil estejam os escravos africanos e os imigrantes europeus, tendo como porta de entrada o Sul e Sudeste do Brasil (QUEIRÓZ, 2011) e se estabeleceu na agricultura tradicional em pequenos estabelecimentos agrícolas, onde os agricultores usam suas próprias sementes para os novos plantios, originando inúmeras populações tradicionais no Nordeste brasileiro e no Sul do Brasil, onde parte da diversidade foi coletada para a formação de bancos de germoplasma (QUEIRÓZ, 2004; PRIORI et al., 2010).

## 2.2 Taxonomia e classificação botânica

O meloeiro pertence à classe das Dicotyledoneae, ordem das Cucurbitales, família das Cucurbitaceae, ao gênero *Cucumis*, subgênero *Melo* e a espécie *Cucumis melo* L. (JEFFREY, 1990). É uma herbácea, que apresenta caule de crescimento rasteiro ou prostrado, folhas de tamanho e forma variadas e flores que podem ser hermafroditas, femininas ou, na sua maioria, masculinas e hermafroditas (FONTES; PUIATTI, 2005), indicando que alguns acessos de melão tem um sistema misto de reprodução que traz fortes consequências para se usar essas plantas em programas de melhoramento.

A cultura do meloeiro apresenta uma grande variação principalmente nas características relacionadas ao fruto e, conseqüentemente, esse polimorfismo é de suma relevância para a identificação das variedades botânicas. Atualmente, existem diversas classificações, valendo destacar a de Munger e Robinson (1991), onde os autores consideram que a espécie *Cucumis melo* L. possui sete grupos botânicos, sendo um silvestre (var. *agrestis*) e seis cultivados (*cantalupensis*, *inodorus*, *flexuosus*, *conomom*, *dudaim* e *chito*). Em seguida, Robinson e Decker-Walters (1997) propuseram seis grupos para a espécie de melão (*cantalupensis*, *inodorus*, *conomom*, *dudaim*, *flexuosus* e *momordica*). Pitrat et al. (2000) levam em consideração que a espécie *C. melo* compreende duas subespécies (JEFFREY, 1980; KIRKBRIDE, 1993), sendo *C. melo* ssp. *agrestis* (com tricomas curtos e adensados no ovário), compreendendo cinco grupos botânicos (*conomon* Thumberg, *makuwa* Makino, *chinensis* Palango, *momordica* Roxburgh e *acidulus* Naudin) e *C. melo* ssp. *melo* (com tricomas longos e dispersos no ovário) abrangendo onze grupos botânicos (*cantalupensis* Naudin, *reticulatus* Séringe, *adana* Palango, *chandalak* Palango, *ameri* Palango, *inodorus* Jacquin, *flexuosus* Linnén, *chate* Hasselquist, *tibish* Mohamed, *dudaim* Linné e *chito* Morren).

Recentemente, Pitrat (2016) em seu estudo com base em caracteres fenotípicos, propôs 19 grupos para a espécie *Cucumis melo* L., sendo alguns deles divididos em subgrupos. Os grupos e subgrupos são os seguintes: *agrestis*, *kachri*, *chito*, *tibish*, *acidulus*, *momordica*, *conomon*, *makuwa* (subgrupo ogon, nashi-uri, yuki, kanro, ginmakuwa e seikan), *chinensis*, *flexuosus* (sub-grupo adjour, tara e arya), *chate*, *dudaim*, *chandalak* (sub-grupo zami, tachmi, garma e bucharici), *indicus*, *ameri* (sub-grupo ananas, maculati, bargi e mashhadi), *cassaba* (sub-grupo kirkagac, hassanbey e kuscular), *ibericus* (sub-grupo pele de sapo, amarillo, tendral, rochet e branco), *inodorus* (sub-grupo honeydew e earl's) e *cantalupensis* (sub-grupo prescott, saccharinus, charentais, ogen, american western e american eastern), cada um com suas características específicas.

Trabalhando com acessos de melão da agricultura tradicional do Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas do Nordeste brasileiro, utilizando a classificação botânica proposta por Pitrat et al. (2000), Amorim et al. (2016) e Macedo et al. (2017) observaram progênies da subespécie *agrestis* (*momordica*, *makuwa* e *conomon*) e da subespécie *melo* (*cantalupensis* e *chandalak*), além disso, estabeleceram o conceito de subacessos para designar as variações encontradas dentro dos acessos.

### **2.3 Importância econômica da cultura**

O melão é uma hortaliça cultivada e apreciada mundialmente, sendo a China o maior produtor mundial, com uma produção de aproximadamente 17 milhões de toneladas, seguida do Irã, Turquia, Egito e Índia. E o Brasil ocupa a 10<sup>o</sup> posição no ranking de produção e 3<sup>o</sup> exportador mundial (GUIMARÃES; ARAGÃO, 2019). No Brasil, a produção do melão é de cerca de 587,7 mil toneladas, cultivada em uma área com mais de 22,3 mil hectares. A região Nordeste é responsável por um pouco mais de 20,1 mil hectares da área plantada apresentando uma produção de 563,4 mil toneladas, representando 95,9% da produção, sendo os 4,1% restantes estão distribuídos nas diversas regiões do país. Dentre os estados do Nordeste brasileiro, pode-se destacar o Rio Grande do Norte com uma produção de 356.705 (63,3%) e Ceará com 68.866 (12,2%), acompanhados pela Bahia com 56.888 (10,1%) e Pernambuco com 54.481 (9,7%), totalizando, 95,3% da produção de melão do Nordeste brasileiro, gerando um valor de produção da cultura no Brasil estimado em R\$ 578,7 milhões de reais (IBGE, 2019).

A produção do melão na região do Nordeste brasileiro ocorre devido ao potencial produtivo do mesmo nos cultivos irrigados e à boa localização da região em relação aos portos para atender aos mercados internacionais. Além disso, as condições climáticas como temperaturas elevadas, altos níveis de insolação, precipitação reduzida durante a maior parte do ano e alto nível tecnológico são responsáveis pelo destaque nacional da região, além do uso de sementes melhoradas no cultivo empresarial (MAIA et al., 2013). Um outro fator importante é que o auge da safra brasileira coincide com a entressafra mundial (SENAR, 2007). Entretanto, vale a pena destacar que a maior parte dessa produção é destinada ao mercado externo, sendo a Espanha o país que ocupa o primeiro lugar no *ranking* das exportações brasileiras de melão (AGRIANUAL, 2019). Porém, o melão também é comercializado nacionalmente em supermercados e feiras livres.

As cultivares de melão mais produzidas no Brasil são do grupo botânico *inodorus*, tipo “amarelo”. Os melões pertencentes ao grupo botânico *inodorus* caracterizam-se por apresentar frutos sem aroma, não climatéricos, bem resistentes ao transporte e possuem uma vida útil pós-colheita elevada (MAIA et al., 2013). Entretanto, há uma crescente demanda de mercado por melões do grupo *cantalupensis*, aromáticos, de polpa salmão e maior teor de sólidos solúveis (°Brix). Além destes, outros tipos de melão também são cultivados: “*Pele de Sapo*”, “*Gália*” e “*Charentais*” (COSTA, 2008). Porém, os produtos oriundos do melhoramento mostram-se bem uniformes para as características de planta e fruto, embora apresentem algumas limitações quanto à tolerância ou resistência a estresses bióticos e abióticos tornando de suma importância a alocação de esforços para encontrar germoplasma com fontes de resistência a fim de inseri-las nos programas de melhoramento para a cultura.

O melão além de possuir uma grande expressão econômica, apresenta em sua composição elementos minerais, como potássio, sódio e fósforo e valor energético relativamente baixo. A porção comestível representa 55% do fruto, podendo ser consumido *in natura*, como ingrediente de saladas e também na forma de suco (SENAR, 2007; COSTA, 2008). É rico em vitaminas A, B, B2, B5 e C; o fruto quando maduro possui propriedades medicinais: calmante, refrescante, diurético e laxante e também tem efeitos terapêuticos, sendo recomendado no controle da gota, reumatismo, obesidade e prisão de ventre (SENAR, 2007). Além disso, existe a possibilidade do uso do óleo das sementes de melão no consumo humano, podendo ser utilizado também na indústria alimentícia, farmacêutica e de cosmético (SILVA, 2017).

#### **2.4 Estimativa de parâmetros genéticos**

A estimativa de parâmetros genéticos é fundamental para o melhoramento de plantas, pois permite conhecer a estrutura genética das populações para fins de seleção, e a determinação das estimativas de herdabilidade fornece subsídios para definição das estratégias de seleção e auxiliam a predição de ganhos obtidos (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Contudo, faz-se necessário entender as magnitudes das variâncias de origem genética frente às variâncias devido aos fatores ambientais (FALCONER, 1987).

Dentre os parâmetros genéticos e fenotípicos estimados em uma população, pode-se destacar: O coeficiente de variação genético (CVg), coeficiente de variação ambiental (CVe), razão do coeficiente de variação genético/coeficiente da variação ambiental (CVg/CVe) e a herdabilidade (MIRANDA et al., 1988).

A herdabilidade é um dos parâmetros genéticos fundamentais para o melhorista, pois indica a confiabilidade do valor fenotípico em expressar o valor genético (CRUZ; CARNEIRO, 2006), evidenciando a possibilidade de sucesso com a seleção para determinada característica (BRUZI et al., 2007). O CV<sub>g</sub>, é definido pela razão entre o desvio padrão genético e a média dos genótipos, sendo expresso em porcentagem. Indica a presença de variabilidade genética e a possibilidade de obtenção de mudanças, por meio de seleção, para uma determinada característica (RODRIGUES et al., 1998).

O CV<sub>e</sub> mede a precisão do experimento e é obtido pela razão entre o desvio padrão e a média do experimento, sendo normalmente expresso em porcentagem. O CV<sub>g</sub>/CV<sub>e</sub> é a relação entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação ambiental. Esta razão avalia a proporção da variância genética em relação à variância ambiental. Segundo, CRUZ et al. (2012) quando o valor da razão coeficiente de variação genético/coeficiente da variação ambiental atinge valor igual ou superior a unidade na experimentação, indica condições favoráveis para a seleção.

## **2.5 Banco de germoplasma**

O termo germoplasma foi definido por Allard (1960) como a soma total dos materiais hereditários de uma espécie. Segundo Querol (1993), a palavra germoplasma, do ponto de vista etimológico é composta de duas partes: *germo* (de origem latina), que significa “princípio rudimentar de um novo ser orgânico”; e *plasma* (de origem grega), que significa “formação”. Portanto, germoplasma compreende a matéria onde se encontra um princípio que pode crescer e se desenvolver. Para Torres Filho (2008), o germoplasma compõe a base física da herança, sendo transmitido de uma geração para outra.

Um banco de germoplasma compreende um reservatório de alelos onde o germoplasma de uma espécie fica armazenado, podendo ser composto por parentes silvestres da espécie, cultivares locais (*landraces*), linhagens melhoradas e cultivares atuais (QUEROL, 1993). Ainda segundo o autor, as atividades de um banco de germoplasma abrangem a coleta/introdução, multiplicação/regeneração, caracterização, avaliação, documentação, conservação/preservação e uso. A obtenção do material genético pode ser proveniente de lavouras familiares, hortas e pomares caseiros, mercados, feiras e habitats silvestres (QUEROL, 1993). De acordo com Dominguez et al. (2000), as variedades tradicionais mantidas pelos pequenos produtores constituem uma das importantes fontes de germoplasma.

No Brasil, os bancos de germoplasma de cucurbitáceas existentes já possuem cerca de 6.500 acessos, sem considerar as multiplicações. Uma grande parte desta variabilidade não foi caracterizada nem avaliada, contudo, existe uma vasta possibilidade de identificar novos alelos úteis para o melhoramento das espécies de cucurbitáceas que foram resgatadas (QUEIRÓZ, 2011). Ainda segundo o autor, dentre os bancos de germoplasma existentes no Brasil pode-se destacar o banco de germoplasma de hortaliças estabelecido na Universidade Federal de Viçosa, MG, o da Embrapa Clima Temperado, em Pelotas- RS, o da Embrapa Hortaliças, Brasília- DF e o da Embrapa Semiárido em Petrolina- PE.

O Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, localizado na Embrapa Semiárido em Petrolina – PE, teve início em 1985 (QUEIRÓZ, 2004). Este BAG é composto, principalmente, por acessos que foram coletados em áreas de produtores, feiras-livres e CEASAs em 112 municípios dos estados da Bahia, Rio Grande do Norte, Pernambuco, Piauí, Paraíba, Sergipe, Minas Gerais, Maranhão, Ceará, Rio Grande do Sul e Rondônia. O BAG ainda é composto por acessos oriundos de outros países (Estados Unidos da América, Espanha, Portugal, Quirguistão, Suíça, Moçambique e México) e por cultivares comerciais, sendo que 157 são da espécie *Cucumis melo* (DIAS et al., 2013)

O trabalho de coleta, multiplicação e caracterização de acessos é essencial, tendo em vista a conservação da variabilidade genética existente na agricultura tradicional, evitando, conseqüentemente, a erosão genética através do êxodo rural, secas prolongadas ou pela introdução de cultivares melhoradas. Além disso, as variedades tradicionais constituem fontes de alelos e a partir de informações geradas por meio da caracterização e avaliação desse germoplasma é possível encontrar genitores com fenótipos desejáveis com resistência aos principais patógenos da cultura, alto teor de sólidos solúveis e longa vida pós-colheita (MAIA et al., 2013).

## **2.6 Caracterização de germoplasma**

As atividades de caracterização e avaliação do germoplasma de uma espécie são relevantes, a fim de torná-los úteis para os programas de melhoramento. Para que seja realizado o processo de caracterização e avaliação são necessárias cinco etapas: a correta identificação botânica; registro dos dados de passaporte de acessos; caracterização propriamente dita; avaliação preliminar e avaliação aprofundada (HAWKES, 1982; VALLS, 1998). Nesse âmbito, vale a pena destacar a importância do papel do curador para essas

atividades, uma vez que as informações sobre os acessos do banco de germoplasma compreendem uma de suas atribuições.

Entretanto, para que sejam realizados estudos de caracterização de germoplasma é imprescindível a sistematização de descritores compreendendo os principais caracteres da espécie de interesse. O Instituto Internacional de Recursos Genéticos Vegetais (IPGRI, 2003), hoje Bioversity International, publicou uma lista de descritores para a cultura do meloeiro, na qual, estão presentes os descritores de caracterização morfológica, mensurados a partir de dados quantitativos e qualitativos, e que partes destes foram utilizados nessa pesquisa.

No entanto, existem poucos estudos desenvolvidos com germoplasma de melão da agricultura tradicional visando encontrar genótipos com caracteres favoráveis de interesse agrônomo, seja para o uso direto ou para inseri-los em programas de melhoramento. Torres Filho et al. (2009) caracterizaram morfológicamente 42 acessos de meloeiro da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro e notaram uma grande variação entre os acessos estudados. Neitzke et al. (2009) em seu estudo com variedades crioulas de melão do Sul do Brasil, observaram uma grande variabilidade genética para os 14 acessos analisados. Aragão et al. (2013) caracterizaram molecularmente os acessos estudados por Torres Filho et al. (2009) e confirmaram a ampla variabilidade entre os acessos. Porém, nesses estudos os diversos autores estudaram a variação entre os acessos, sem considerar a possível variação dentro dos acessos.

Recentemente, Amorim et al. (2016) e Macêdo et al. (2017), estudando gerações sequenciais de acessos de melão, estabeleceram o conceito de subacesso para designar a variação entre plantas dentro dos acessos e observaram uma grande diversidade genética entre e dentro de acessos de melão coletados na agricultura tradicional do Maranhão, sendo observadas progênies de melão da subespécie *agrestis* com as variedades botânicas *momordica*, *makuwa* e *conomom* e da subespécie *melo* com as variedades botânicas *cantalupensis* e *chandalak*, seguindo a classificação proposta por Pitrat et al. (2000). Ainda segundo os autores, alguns acessos não foram classificados devido a provável introgressão de alelos de diferentes variedades. Vale a pena destacar que Dogimont (2011), ressaltou que algumas variedades pertencentes à subespécie *agrestis* encerram genes de resistência a estresses.

Alguns estudos já foram desenvolvidos com acessos conservados no Banco Ativo de Cucurbitácea do Nordeste brasileiro. Já se observou alto nível de variabilidade genética e fontes de resistência entre e dentro dos acessos estudados para o oídio - *Podosphaera xanthii* (SANTOS, 2011), fontes de resistência ao ataque dos vírus PRSV-W, ZYMV e ao WMV

(PAIVA et al., 2003; RABELO FILHO et al., 2010), resistência à mosca-minadora (NUNES et al., 2013) e fontes de resistência para *Pseudoperonospora cubensis* causador do míldio (ALBUQUERQUE et al., 2015). Assim, o germoplasma mantido pelos pequenos agricultores constitui importante fonte de alelos, uma vez que dentre os poucos acessos que foram estudados foi possível notar uma ampla variação entre e dentre de acessos e progênies, assim como diferentes variedades botânicas.

### 3. REFERÊNCIAS

- AGRIANAUL. Anuário da agricultura brasileira. **Cultura do melão**. 2019.
- AKASHI, Y. et al. Genetic variation and phylogenetic relationships in East and South Asian melons, *Cucumis melo* L., based on the analysis of five isozymes. **Euphytica**, v. 125, p. 385–396, 2002.
- ALBUQUERQUE, L. B et al. Caracterização morfológica de fontes de resistência de meloeiro a *Pseudoperonospora cubensis*. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 28, n. 3, p. 100 – 107, 2015.
- ALLARD, R.W. **Principles of Plant Breeding**. New York: John Willey, 1960. 485 p.
- AMORIM, C. A. et al. Morphological diversity and identification of accessions of melon. **African Journal of Agricultural Research**, v.11, n. 38, p. 3622-3632, 2016.
- ARAGÃO, F. A. S. et al. Genetic divergence among accessions of melon from traditional agriculture of the Brazilian Northeast. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, n.4, p. 6356-6371, 2013.
- BURGER, Y. et al. Genetic Diversity of *Cucumis melo*. **Horticultural Reviews**, v. 36 p.165-198, 2010.
- BRUZI, A. T.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B. Desempenho de famílias do cruzamento entre linhagens de feijões andinos e mesoamericanos em produtividade e resistência a *Phaeoisariopsis griseola*. **Ciência Agropecuária**, Lavras, v. 31, n. 3, p. 650-655. 2007.
- CORREA, S. M. S. Africanidades na paisagem brasileira. **Revista Internacional Interdiscinar Interthesis**, v.7, n.1, p. 96-116, 2010.
- COSTA, N. D. **A cultura do melão/ Embrapa Semi- Árido**; 2. Ed. Versão Ampliada- Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008, p 18-20.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, v.2, 2006, 585p.
- DIAS, R. C. S. et al. Banco ativo de germoplasma de cucurbitáceas para o nordeste brasileiro. **Magistra**, Cruz das Almas-BA, v. 25, 2013.
- DOGIMONT, C. Gene list for melon. **Cucurbit Genet Coop**. Rep 104-133, 2011.
- DOMINGUEZ, O. et al. **Sistema informal de sementes: causas, consequências e alternativas**. Pelotas: UFPel, 2000. 270p.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. De Silva, M. A.; Silva, J. L. Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 1987.

FONTES, P.C.R.; PUIATTI, M; Cultura do melão. **In:** FONTES, P. C. R. Olericultura: teoria e prática. Viçosa–MG: UFV, cap.26. p.407-428, 2005.

GROSS, B. L.; OLSEN, K. M. Genetic perspectives on crop domestication. **Trends Plant Science**, v. 15, p. 529–537, 2010.

GUIMARÃES, M. A.; ARAGÃO, F. A. S. **Produção de Melão**. Viçosa – MG: UFV, 2019. 424 p.

HAWKES, J. G. Germplasm collection, preservation and use. **In:** FREY, K. J., (ed.) **Plant breeding II**. Ames: Iowa State University Press, 1982. p. 57-83.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Produção agrícola municipal**. Brasília: IBGE, 2018. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br>>. Acesso em: 08 jan. 2020.

IPGRI. **Descriptors for melon (*Cucumis melo* L.)**. Rome: IPGRI. 65 p., 2003.

JEFFREY, C. Further notes on Cucurbitaceae: V. The Cucurbitaceae of the Indian subcontinent. **Kew Bull**, v. 34, p. 789–809, 1980.

JEFFREY, C. Systematics of the Cucurbitaceae: an overview. **In:** BATES, D.M.; ROBINSON, R. W.; JEFFREY C., Eds., **Biology and Utilization of the Cucurbitaceae**, Cornell University Press, Ithaca, NY. p. 449–463, 1990.

KIRKBRIDE, J. H. Jr. **Biosystematic monograph of the genus *Cucumis* (Cucurbitaceae)**. Parkway Publishers, Boone, North Carolina, 1993.

LUAN, F.; DELANNAY, I.; STAUB, J. E. Chinese melon (*Cucumis melo* L.) diversity analyses provide strategies for germplasm curation, genetic improvement, and evidentiary support of domestication patterns. **Euphytica** v. 164, p. 445–461, August, 2008.

MACÊDO, S. S. et al. Botanical identification and genetic diversity in melons from family farming in the state of Maranhão. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 30, n. 3, p. 602 – 613, jul. – set., 2017.

MAIA, L. K. R; LIMA, R. E. M; LIMA, J. S. Importância do meloeiro e aspectos relacionados à resistência a *Rhizoctonia solani*. **Enciclopédia Biosfera**, Goiânia, v.9, n. 17, p. 1609, 2013.

MALLICK, M.F.R. e MASUI, M. Origin, distribution and taxonomy of melons. **Scientia Horticulture**, v. 28, p. 251–261, 1986.

MIRANDA, J. E. C.; COSTA, C. P.; CRUZ, C. D. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre caracteres de fruto e planta de pimentão (*Capsicum annuum* L.). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11, p.457-468, 1988.

MUNGER, H. M.; ROBINSON, R.W. Nomenclature of *Cucumis melo* L. Cucurbit **Cucurbits Genetic Cooperative**, v.14, p. 43–44, 1991.

NEITZKE, R.S. et al. Caracterização morfológica e dissimilaridade genética entre variedades crioulas de melão. **Horticultura Brasileira**, v. 27, p. 534-538, 2009.

NUNES, G. H. S. et al. Resistência de acessos de meloeiro à mosca-minadora *Liriomyza* spp. (Diptera: Agromyzidae). **Revista Brasileira Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 35, n. 3, p. 746-754, 2013.

PAIVA, W.O. et al. Melão Tupã: produtividade, qualidade do fruto e resistência a viroses. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v 21, n. 3, p. 539-544, 2003

PITRAT, M.; HANELT. P.; HAMMER K. Some comments on interspecific classification of cultivars of melon. **Acta Horticulturae**, v. 510, p. 29-36, 2000.

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

PITRAT, M. Melon Genetic Resources: Phenotypic Diversity and Horticultural Taxonomy. In: GRUMET, R.; KATZIR, N.; GARCIA-MAS, J. (Eds.), **Genetics and Genomics of Cucurbitaceae, Plant Genetics and Genomics: Crops and Models**. V. 20. Springer, Switzerland, 2016. P. 25-60.

PRIORI, D. et al. (2010) Acervo do Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas da Embrapa Clima Temperado — 2002 a 2010. (Documentos/Embrapa Clima Temperado, ISSN 1806-9193; 295). Disponível em: <[http://www.cpact.embrapa.br/publicacoes/catalogo/tipo/online\\_documento.php](http://www.cpact.embrapa.br/publicacoes/catalogo/tipo/online_documento.php)> Purseglove, J. W. 1977. Tropical corps. In: Dicotyledons. Longman, London, p. 273-276. Acesso em: 01 de abril de 2020.

PURSEGLOVE, J. W. **Tropical corps**. London, 1977. p. 273-276.

QUEIRÓZ, M. A. Germplasm of Cucurbitaceae in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, p. 377-383, 2004.

QUEIRÓZ, M. A. Germoplasma de Cucurbitáceas no Brasil. In: LI Congresso Brasileiro de Olericultura. **Anais...Viçosa: UFV**, 2011. p. 5946-5954.

QUEROL, D. **Recursos genéticos, nosso tesouro esquecido**. Tradução Joselita Wasniewski. Rio de Janeiro: ASPTA, 1993. 206 p.

RABELO FILHO, F. A. C. et al. Fontes de resistência em melancia e meloeiro a vírus do gênero Potyvirus. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v 5, n 2, p. 187-191, 2010.

ROBINSON, R.W.; DECKER-WALTERS. DS. **Cucurbits**. CAB International. Oxon (GB). 1997. 226 p.

RODRIGUES, R. E. S. et al. Estimativa de parâmetros genéticos e resposta à seleção nas populações de arroz irrigado CNA-IRAT 4PR e CNA-IRAT 4 ME. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33(6): 685-691. 1998.

SANTOS, A. S. **Reação de acessos de melão do BAG de cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro ao oídio**. 2011. 49 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Horticultura Irrigada) – Universidade do Estado da Bahia -UNEB, Juazeiro, Bahia.

SEBASTIAN, P et al. Cucumber (*Cucumis sativus*) and melon (*C. melo*) have numerous wild relatives in Asia and Australia, and the sister species of melon is from Australia. **Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 107, p. 14269–14273, 2010.

SERVIÇO NACIONAL DE APRENDIZAGEM RURAL - SENAR. **Cultivo de melão: manejo, colheita, pós-colheita e comercialização**. Brasília, DF, 2007. 104 p.

SILVA, F. P. **Perfil químico e caracterização físico-química do óleo de sementes das cultivares de melão: Valeciano Amarelo e Pele de Sapo (Cucurbitacea) cultivado em Boa Vista**. 2017. 83 p. Dissertação. (Mestrado em Química) – Universidade Federal de Roraima – UFRR, Roraima - RR.

TORRES FILHO, J. **Caracterização morfo-agronômica de acessos de meloeiro coletados no nordeste brasileiro**. 2008. 150 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFRSA, Mossoró – Rio Grande do Norte.

TORRES FILHO, J. et al. Caracterização morfológica de acessos de meloeiro coletados no nordeste brasileiro. **Revista Caatinga**, v. 22, n. 3, p.174-181, 2009.

VALLS, J.F.M. Caracterização morfológica, reprodutiva e bioquímica de germoplasma vegetal. In: ENCONTRO SOBRE RECURSOS GENETICOS, 1., Jaboticabal, 1988. **Anais...** Jaboticabal, FCAV/UNESP, 1988. p. 106-128.

VIANA, F. M. P et al. **Recomendações para o controle das principais doenças que afetam a cultura do melão na Região Nordeste**. Circular Técnica 12, EMBRAPA, Fortaleza, CE. 2001.

WHITAKER, T. W.; W. P. BEMIS. Cucurbits. pp. 64–69. In: N. W. Simmonds (ed.), **Evolution of crop plants**. Longman, London, 1976.

## **CAPÍTULO I**

# **VARIABILIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE MELOEIRO UTILIZANDO DIFERENTES MÉTODOS ESTATÍSTICOS**

## VARIABILIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE MELOEIRO UTILIZANDO DIFERENTES MÉTODOS ESTATÍSTICOS

### RESUMO

A agricultura tradicional, no Brasil, é uma rica fonte de germoplasma, entretanto, existe poucas informações sobre a variabilidade genética existente nesse tipo de cultivo, inclusive no germoplasma de melão (*Cucumis melo* L.) da agricultura familiar que está armazenado no Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro. Assim, o objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética entre o germoplasma de melão, empregando-se diferentes técnicas de análise multivariada. Foram avaliados 23 subacessos, em dois experimentos de campo, em blocos casualizados completos com três repetições obtendo-se progênies  $S_1$  e  $S_2$ . Para a caracterização foram utilizados 12 descritores quantitativos e 11 qualitativos. As médias dos descritores quantitativos foram agrupadas pelo teste de Scott Knott a 5% de significância e a partir dos dados conjuntos (descritores quantitativos e qualitativos) formou-se a matriz de dissimilaridade e, em seguida, procedeu-se o agrupamento dos dados pelos métodos UPGMA, Tocher e Ward-MLM. Observou-se diferença significativa ao nível de  $p < 0,01$ , para todos os descritores quantitativos analisados, com exceção para a espessura de polpa na parte direita do fruto. Para os dois tipos de progênies e os três métodos estatísticos aplicados houve a formação de grupos (10 deles) que separaram as três variedades botânicas. Existe variabilidade entre e dentro dos subacessos estudados, porém, os métodos UPGMA e Tocher foram mais eficientes para estimar a diversidade genética entre acessos de melão da agricultura familiar.

**Palavras chaves:** *Cucumis melo*. L., germoplasma. Diversidade. UPGMA. Tocher. Ward-MLM.

## GENETIC VARIABILITY IN MELON ACCESSIONS USING DIFFERENT STATISTICAL METHODS

### ABSTRACT

Traditional agriculture in Brazil is a rich source of germplasm, however, there is little information about the genetic variability that exists in this type of cultivation, including the germplasm of melon (*Cucumis melo* L.) from family farming that is stored in the Active Germplasm Bank of Cucurbits for Northeastern Brazil. Thus, the objective of this work was to estimate the genetic diversity among the melon germplasm, using different multivariate analysis techniques. Twenty sub-accessions were evaluated, in two field experiments, in randomized complete blocks with three replications, obtaining progenies S<sub>1</sub> and S<sub>2</sub>. For the characterization, 12 quantitative and 11 qualitative descriptors were used. The means of the quantitative descriptors were grouped by the Scott Knott test at 5% significance and from the joint data (quantitative and qualitative descriptors) the dissimilarity matrix was formed and, then, the data were grouped by the methods UPGMA, Tocher and Ward-MLM. There was a significant difference at the level of  $p < 0.01$ , for all quantitative descriptors analyzed, except for the thickness of the fruit pulp in the right side. For the two types of progenies and the three applied statistical methods, groups (10 of them) were formed that separated the three botanical varieties. There is variability among and within the studied sub-accessions and the UPGMA and Tocher methods were more efficient in estimating the genetic diversity between melon accessions in family farming.

**Keywords:** *Cucumis melo*, L., germplasm, diversity, UPGMA, Tocher and Ward-MLM

## INTRODUÇÃO

O cultivo do melão (*Cucumis melo* L.) no Brasil ocupa cerca de 22,3 mil hectares com uma produção de 587,7 mil toneladas, sendo que a região Nordeste se destaca com um pouco mais de 20,1 mil hectares, produzindo cerca de 563,4 mil toneladas, representando 95,9% da produção brasileira (IBGE, 2019). A região Sul tem o cultivo de melão caipira e na região Sudeste, basicamente são cultivados os melões nobres em cultivo protegido (OLIVEIRA et al. 2017). Porém, no Nordeste brasileiro, ao lado de cultivos comerciais existem em alguns estados, notadamente no Maranhão, a agricultura tradicional onde os agricultores usam suas próprias sementes todos os anos para realizar seus cultivos e, assim, esses materiais são submetidos à seleção natural e artificial (QUEIRÓZ et al. 2015), resultando em uma grande diversidade de tipos.

Alguns estudos foram desenvolvidos com o germoplasma de melão da agricultura tradicional (TORRES FILHO et al. 2009; ARAGÃO et al. 2013; ANDRADE et al. 2019), levando-se em consideração, a variação entre acessos. Amorim et al. (2016) e Macêdo et al. (2017), utilizando a classificação do melão de acordo com Pitrat et al. (2000) introduziram o conceito de subacesso para indicar a variação entre plantas dentro dos acessos atendo-se apenas aos aspectos botânicos, tendo sido encontradas progênies de melão da subespécie *agrestis* com as variedades botânicas *momordica*, *makuwa* e *conomom* e da subespécie *melo* com as variedades botânicas *cantalupensis* e *chandalak*.

No entanto, além de avaliar a variação existente dentro de acessos, é importante usar ferramentas estatísticas que sejam capazes de quantificar a divergência genética em germoplasma a partir de dados morfoagronômicos, e dessa forma as técnicas de análise multivariada são utilizadas, visando encontrar o/os método(s) que melhor se adequem aos dados obtidos a partir da cultura do meloeiro. Dentre os métodos utilizados estão os métodos hierárquicos, como UPGMA, que agrupa os indivíduos de acordo com a similaridade, utilizando médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, evitando caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (máximo ou mínimo) entre os genótipos considerados. Neste método, os indivíduos mais similares são agrupados inicialmente e assim, sucessivamente, até os indivíduos ou grupos mais distantes (CRUZ et al., 2012).

O Ward-MLM, é um método que agrupa os indivíduos a partir das soma dos quadrados dos desvios entre acessos ou, alternativamente, a partir do quadrado da distância Euclidiana (CRUZ et al., 2012), e o método de otimização de Tocher, que requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, onde se adota que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada

grupo deve ser menor que a distância média entre os grupos, sobre o qual é identificado o par de genótipos mais similar, que constituirá o grupo inicial. Após a formação desse grupo inicial, é avaliada a possibilidade de inclusão dos outros genótipos, adotando-se o critério anteriormente citado (CRUZ et al., 2012).

Assim, o objetivo do presente trabalho foi estudar a divergência genética em dois tipos de progênes de melão ( $S_1$  e  $S_2$ ), usando descritores morfoagronômicos e diferentes técnicas de análise multivariada no agrupamento dos subacessos.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 23 subacessos de meloeiro provenientes da agricultura tradicional do estado do Maranhão (Tabela 1), cujas sementes encontram-se armazenadas no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, em câmara fria a 10 °C e 40% de umidade relativa.

**Tabela 1.** Dados de passaporte dos subacessos de *Cucumis melo* do BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro que foram usados nos experimentos.

Subacesso	Subespécie	Variedade botânica*	Município de coleta
BGMEL 66.0	<i>agrestis</i>	<i>makuwa</i>	Colinas
BGMEL 67.0	<i>agrestis</i>	<i>makuwa</i>	Colinas
BGMEL 68.1	<i>agrestis</i>	<i>momordica</i>	Colinas
BGMEL 68.2	<i>agrestis</i>	ND	Colinas
BGMEL 68.3	ND	ND	Colinas
BGMEL 78.0	<i>melo</i>	<i>cantalupensis</i>	Codó
BGMEL 79.0	<i>agrestis</i>	<i>makuwa</i>	Itapecuru Mirim
BGMEL 86.1	<i>melo</i>	<i>cantalupensis</i>	Codó
BGMEL 86.2	<i>agrestis</i>	ND	Codó
BGMEL 86.3	<i>melo</i>	ND	Codó
BGMEL 87.1	<i>agrestis</i>	<i>momordica</i>	São Luis Gonzaga do Maranhão
BGMEL 87.2	<i>melo</i>	<i>cantalupensis</i>	São Luis Gonzaga do Maranhão
BGMEL 87.3	ND	ND	São Luis Gonzaga do Maranhão
BGMEL 97.1	<i>melo</i>	<i>cantalupensis</i>	Caxias
BGMEL 97.2	<i>melo</i>	ND	Caxias
BGMEL 103.1	<i>melo</i>	<i>cantalupensis</i>	Caxias
BGMEL 103.2	ND	ND	Caxias
BGMEL 108.1	<i>agrestis</i>	<i>makuwa</i>	Caxias
BGMEL 108.3	<i>agrestis</i>	ND	Caxias
BGMEL 108.4	ND	ND	Caxias
BGMEL 111.0	<i>agrestis</i>	<i>makuwa</i>	Colinas
BGMEL 112.0	<i>agrestis</i>	<i>makuwa</i>	Colinas
BGMEL 115.0	<i>agrestis</i>	<i>makuwa</i>	São Vicente Ferrer

\* Classificação botânica de acordo com Amorim et al. (2016).

- ND: variedade não definida.

Para a produção das mudas foram semeadas 30 sementes de cada subacesso em bandejas plásticas preenchidas com substrato comercial em casa de vegetação coberta com sombrite de 50% de luminosidade, sendo irrigadas diariamente. Após 15 dias da semeadura, as mudas foram transplantadas para o campo em solo previamente preparado com aração e gradagem. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados completos com três repetições e cinco plantas por parcela num espaçamento de 2,5 m entre fileiras e 0,8 m entre plantas, mantidas sob irrigação por sulcos para o primeiro experimento e localizada do tipo gotejamento no segundo experimento.

Para a implantação do primeiro experimento foram utilizadas sementes dos subacessos provenientes da geração S<sub>1</sub> e no segundo experimento utilizou-se as sementes da geração S<sub>2</sub>. As progênies foram obtidas através de polinizações controladas (autofecundação), conforme descrito em Amorim et al. (2016).

O processo de avaliação nos dois experimentos foi realizado utilizando-se descritores quantitativos e qualitativos de planta e fruto (IPGRI, 2003; PITRAT et al. 2000). Os descritores quantitativos foram: Número de dias para aparecimento da primeira flor masculina e feminina (NFM e NFF, em dias); massa de fruto (MF, em kg); diâmetro e comprimento do fruto (DF e CF, em cm); diâmetro e comprimento da cavidade interna (DC e CC, em cm); espessura da polpa – direita, esquerda, superior e inferior (EPD, EPE, EPS e EPI, em cm); sólidos solúveis em uma amostra composta da polpa homogeneizada em processador caseiro (SS, em °Brix).

Os descritores qualitativos multicategóricos e binominais mensurados foram: formato do fruto (FF) (globular, achatado, elíptico, piriforme, oval, alongado, bolota); cor da epiderme do fruto (CEF) (amarelo-claro, amarelo, amarelo-esverdeado, amarelo-intenso, verde-claro e verde-escuro); cor das listas no fruto - CLF (ausente, verde-claro, verde-médio e verde-escuro); grau dos gomos no fruto - GGF (ausente, superficial, médio e profundo); rachadura da epiderme do fruto - REF (presente e ausente); rugosidade do fruto - RF (ausente, fraca, média e forte); rendimento – RN (ausente, fraca, média e forte); cor da polpa do fruto - CPF (branca, creme, esverdeada, alaranjada); desprendimento do pedúnculo - DP (ausente, presente); pilosidade no ovário - PO (curtos, longos) e expressão sexual - ES (monoica, andromonóica).

Os dados quantitativos, foram submetidos à estatística descritiva, pressuposições da ANOVA e em seguida realizou-se a análise de variância e o agrupamento das médias, que foi obtido pelo teste de Scott Knott a  $p > 0,05$  de significância. Para os dados qualitativos, realizou-se análise de diversidade genética utilizando-se o índice:

$\sqrt{\frac{1}{v} \sum (b + c) / (a + b + c + d)}$  (CRUZ, 2013) e para os descritores quantitativos foi utilizada a distância de Mahalanobis. Para determinar a matriz de distância da análise conjunta (descritores quantitativos e qualitativos) realizou-se a padronização dos valores  $d$  e  $D^2$  obtendo-se  $(D^2)'$  e  $d'$  seguida da simples soma. A partir dessa matriz de dissimilaridade foi realizado o agrupamento pelo método de otimização de Tocher e pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages*). A fim de validar os agrupamentos gerados, o coeficiente de correlação cofenético (CCC) foi estimado a partir do coeficiente de correlação de Pearson entre a matriz de distância e a matriz cofenética (matriz de distância entre os genótipos) (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Todos estes procedimentos foram realizados com o auxílio dos programas Genes (CRUZ, 2013) e R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2019). Além dos métodos de Tocher e UPGMA, realizou-se a análise de agrupamento dos subacessos pelo método Ward-MLM utilizando descritores quantitativo e qualitativos por meio do Software SAS versão 9.1.3 (SAS 2003).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Todos os descritores quantitativos apresentaram variação significativa ao nível de  $p < 0,01$ , exceto para a EPD na geração  $S_1$  que não apresentou significância. Desta maneira, observou-se pela análise univariada que houve variação fenotípica entre os subacessos avaliados nas duas gerações. O agrupamento das médias pelo teste de Scott-Knott formou de dois a quatro grupos para todos os descritores significativos nas respectivas gerações (Tabela 2).

Quando se observou os coeficientes de variação dos dados da geração  $S_1$ , o descritor CC foi o que apresentou o maior valor, seguido do CF, EPI e SS. Para a geração  $S_2$  os maiores coeficientes foram notados para EPI e EPS, MF e o SS, enquanto o NFM apresentou a menor variação. Embora o coeficiente de variação seja utilizado como medida de precisão experimental para a caracterização e avaliação dos recursos genéticos vegetais (RGV's), estes valores elevados de CV estão associados a grande variação entre plantas dentro dos subacessos para os descritores avaliados, uma vez que os genótipos utilizados são provenientes da agricultura familiar e não passaram por nenhum programa formal de melhoramento genético (Tabela 2).

**Tabela 2:** Médias dos descritores número de dias para aparecimento da primeira flor masculina e feminina (NFM e NFF); massa do fruto (MF); diâmetro e comprimento do fruto (DF e CF); diâmetro e comprimento da cavidade (DC e CC); espessura de polpa lado direito, esquerda, superior e inferior (EPD, EPE, EPS e EPI); e SS: sólidos solúveis (°Brix), avaliados nos subacessos de melão, gerações S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>, da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro.

Subacessos	Médias											
	NFM		NFF		MF		DF		CF		DC	
	S <sub>1</sub>	S <sub>2</sub>	S <sub>1</sub>	S <sub>2</sub>								
BGMEL66.0 <sup>mk</sup>	31,92b	21,98b	34,72b	25,09b	0,47c	0,39c	8,54d	8,00b	13,68c	11,67d	4,39b	4,43c
BGMEL67.0 <sup>mk</sup>	35,08a	23,66b	38,00a	27,73b	0,49c	0,56c	8,95d	9,35b	13,05c	13,27c	4,52b	5,03c
BGMEL68.1 <sup>m</sup>	27,10c	25,73a	37,10b	31,47a	0,89b	1,19b	10,40c	11,20a	21,40b	24,94a	5,05a	5,79b
BGMEL68.2	27,83c	23,40b	32,58b	28,13b	0,62c	0,84b	9,20d	10,88a	17,35c	17,89b	4,77b	6,03b
BGMEL68.3	28,42c	27,20a	36,03b	33,47a	1,28b	0,59c	10,29c	8,16b	24,04a	18,42b	5,81a	3,84c
BGMEL78.0 <sup>c</sup>	30,61b	27,40a	40,30a	37,17a	1,05b	1,17b	11,06c	10,68a	19,64b	20,64b	5,09a	5,21c
BGMEL79.0 <sup>mk</sup>	30,56b	22,89b	33,21b	26,21b	0,41c	0,43c	8,33d	8,62b	11,93c	11,79d	4,21b	4,73c
BGMEL86.1 <sup>c</sup>	30,85b	25,53a	33,06b	32,53a	0,79b	0,59c	11,47c	9,26b	14,85c	14,09c	6,00a	4,87c
BGMEL86.2	28,45c	25,05a	33,31b	28,00b	0,68c	0,44c	9,47d	9,44b	16,42c	8,96d	4,78b	5,20c
BGMEL86.3	25,30c	24,15b	34,40b	27,00b	0,86b	0,51c	10,85c	9,28b	15,70c	12,33d	5,10 <sup>a</sup>	5,48b
BGMEL87.1 <sup>m</sup>	31,13b	25,63a	43,76a	28,37b	1,85a	0,93b	12,35b	11,08a	28,00a	19,60b	6,00a	5,06c
BGMEL87.2 <sup>c</sup>	33,80a	26,33a	41,75a	34,50a	2,09a	1,43a	14,60a	11,70a	22,10b	18,85b	6,30a	4,67c
BGMEL87.3	29,50c	26,60a	35,35b	32,35a	1,13b	1,56a	10,46c	12,79a	19,61b	22,34a	4,70b	6,16b
BGMEL97.1 <sup>c</sup>	30,26b	26,42a	36,64b	33,40a	0,60c	0,89b	9,82c	11,82a	14,35c	14,48c	5,52a	7,35a
BGMEL97.2	35,07a	27,43a	38,58a	33,03a	0,68c	0,66c	10,00c	9,73b	14,01c	13,98c	4,87b	5,28c
BGMEL103.1 <sup>c</sup>	32,66b	27,80a	36,87b	39,40a	0,86b	0,42c	10,70c	8,40b	15,50c	11,85d	5,40a	4,85c

BGMEL103.2	32,02b	26,78a	35,50b	34,49a	0,86b	0,43c	10,55c	8,52b	15,12c	11,27d	5,77a	4,55c
BGMEL108.1 <sup>mk</sup>	31,50b	22,00b	35,75b	26,28b	0,47c	0,50c	8,33d	8,86b	13,10c	13,41c	4,20b	4,88c
BGMEL108.3	31,19b	24,47b	34,71b	28,93b	0,62c	0,36c	8,60d	7,76b	15,23c	11,49d	4,34b	4,36c
BGMEL108.4	32,80b	23,93b	39,75a	27,27b	0,90b	0,54c	10,65c	9,14b	18,20b	14,08c	5,32a	4,54c
BGMEL111.0 <sup>mk</sup>	28,33c	22,10b	33,40b	25,80b	0,32c	0,38c	7,12d	8,18b	10,52c	11,57d	3,70b	4,60c
BGMEL112.0 <sup>mk</sup>	30,43b	22,57b	33,30b	25,80b	0,36c	0,33c	8,11d	8,09b	11,18c	11,64d	4,37b	4,45c
BGMEL115.0 <sup>mk</sup>	34,50a	23,60b	37,25b	29,03b	0,28c	0,43c	7,05d	8,32b	9,90c	12,31d	3,75b	4,62c
<b>Mínimo</b>	25,00	19,60	30,80	23,60	0,24	0,26	6,40	6,87	9,05	8,80	3,55	3,57
<b>Máximo</b>	37,00	29,00	45,20	51,00	2,51	2,31	14,6	14,25	32,50	29,98	7,00	8,70
<b>Média</b>	30,84	24,90	36,32	30,24	0,81	0,68	9,86	9,53	16,30	14,82	4,96	5,04
<b>Fc</b>	4,96**	4,78**	3,73**	2,73**	4,78**	6,69**	5,55**	5,09**	5,83**	13,64**	3,00**	4,55**
<b>CV(%)</b>	5,24	6,07	5,99	6,40	10,47	14,71	10,40	11,58	16,16	6,13	11,98	5,84

## Médias

Subacesso	CC		EPD		EPE		EPS		EPI		SS	
	S <sub>1</sub>	S <sub>2</sub>										
BGMEL66.0 <sup>mk</sup>	10,72c	9,13d	2,12a	1,73c	2,08b	1,74c	1,67d	1,36c	1,22c	1,07d	8,82a	8,67a
BGMEL67.0 <sup>mk</sup>	10,62c	9,93d	2,27a	2,14c	2,12b	2,01c	1,75d	1,59c	0,95c	1,11d	7,10a	7,51b
BGMEL68.1 <sup>m</sup>	17,55b	20,52a	2,60a	2,61b	2,75a	2,73b	2,15c	2,46b	1,90b	1,88b	6,45a	4,36d
BGMEL68.2	14,62c	14,40c	2,20a	2,41c	2,20b	2,41c	1,37d	2,29b	1,42b	1,45c	6,95a	6,13c
BGMEL68.3	22,10a	15,57c	2,95a	2,13c	3,10a	2,05c	3,05b	1,46c	1,80b	1,43c	4,33b	4,11d
BGMEL78.0 <sup>c</sup>	14,49c	15,66c	2,85a	2,69b	2,77a	2,77b	2,94b	3,02a	1,77b	2,15a	4,65b	6,09c
BGMEL79.0 <sup>mk</sup>	9,16c	9,40d	2,14a	1,95c	2,08b	1,79c	1,54d	1,51c	0,92c	1,00d	6,93a	7,44b
BGMEL86.1 <sup>c</sup>	9,67c	10,03d	2,75a	2,24c	2,80a	2,08c	2,90b	2,23b	1,80b	1,90b	6,57a	6,48c

BGMEL86.2	13,14c	6,29d	2,48a	2,02c	2,29b	2,11c	1,88d	1,82c	1,34c	0,96d	6,01a	4,20d
BGMEL86.3	11,35c	8,95d	2,80a	1,85c	2,75a	1,82c	1,85d	1,53c	1,70b	1,85b	4,95b	5,43c
BGMEL87.1 <sup>m</sup>	24,00a	16,83b	3,30a	2,32c	3,00a	2,6b	2,85b	1,97c	1,80b	1,81b	6,25a	4,87d
BGMEL87.2 <sup>c</sup>	17,00b	13,70c	4,10a	3,85a	3,30a	3,50a	4,00a	2,80a	2,00b	2,48a	4,17b	6,00c
BGMEL87.3	15,68b	17,47b	2,90a	2,92b	2,93a	3,05b	2,16c	2,62a	1,85b	2,33a	5,71b	4,71d
BGMEL97.1 <sup>c</sup>	10,92c	11,03d	2,12a	2,18c	2,45a	2,25c	1,65d	2,15b	1,70b	1,15d	3,47b	4,70d
BGMEL97.2	10,38c	10,90d	2,63a	2,21c	2,53a	2,13c	2,12c	1,65c	1,63b	1,27c	4,60b	3,50d
BGMEL103.1 <sup>c</sup>	11,40c	8,35d	2,40a	1,68c	3,00a	1,75c	2,40c	1,83c	1,80b	1,73b	3,90b	5,50c
BGMEL103.2	10,87c	8,23d	2,15a	1,93c	2,65a	1,94c	2,07c	1,56c	1,60b	1,29c	5,80b	5,31c
BGMEL108.1 <sup>mk</sup>	10,80c	10,61d	2,15a	1,88c	1,90b	1,90c	1,65d	1,65c	0,90c	1,19d	7,35a	10,44a
BGMEL108.3	12,16c	8,71d	2,16a	1,98c	2,04b	1,91c	1,84d	1,36c	1,48b	1,51c	4,49b	3,82d
BGMEL108.4	13,07c	10,58d	2,45a	2,31c	2,75a	2,39c	2,37c	1,57c	2,67a	1,94b	5,32b	5,91c
BGMEL111.0 <sup>mk</sup>	8,15c	9,04d	1,75a	1,68c	1,70b	1,81c	1,37d	1,44c	0,85c	0,86d	5,60b	9,58a
BGMEL112.0	8,64c	9,08d	1,75a	1,77c	1,95b	1,91c	1,44d	1,46c	0,87c	0,97d	8,17a	9,27a
BGMEL115.0 <sup>mk</sup>	7,75c	9,63d	1,60a	1,76c	1,75b	1,81c	1,35d	1,48c	0,90c	1,04d	4,70b	7,55b
<b>Mínimo</b>	6,85	6,0	1,55	1,35	1,15	1,4	1,10	1,07	0,60	0,60	2,20	2,93
<b>Máximo</b>	28,50	24,85	4,10	5,95	3,57	4,1	4,00	3,75	2,90	2,80	9,72	11,53
<b>Média</b>	12,79	11,48	2,46	2,18	2,47	2,19	2,10	1,86	1,52	1,49	5,75	6,15
<b>Fc</b>	5,63**	14,75**	5,17 <sup>ns</sup>	2,88**	4,39**	7,85**	10,89**	7,45**	8,77**	10,39**	5,77**	14,07**
<b>CV(%)</b>	19,47	6,68	13,91	9,91	12,66	13,02	13,62	16,73	14,59	17,08	14,33	14,57

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância; “MÍNIMO” e “MÁXIMO” na linha, se refere aos valores dos descritores entre plantas e dá a variação dentro do subacesso; Fc: Estimativa F de Snedecor. \*\*: Significativo ao nível de 1%; *m*, *mk* e *c* indicam as variedades *momordica*, *makuwa* e *cantalupensis*; os demais subacessos sem expoente são não identificados.

No que tange à precocidade medida pelo número de dias para o aparecimento da primeira flor masculina ou feminina, as variedades *momordica*, *makuwa*, *cantalupensis* e o grupo de subacessos não definidos mostraram resultados concordantes nos experimentos nas gerações S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>, respectivamente (Tabela 2). Resultados semelhantes foram observados por Valadares et al. (2017) ao estudarem acessos de melão da variedade *momordica*.

Vale ressaltar, a grande variação observada entre os subacessos para a massa do fruto (Tabela 2), com valores mínimos de 0,24 e 0,26 kg e máximo de 2,51 e 2,31 kg para gerações S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>, respectivamente, indicando a existência de variabilidade na amostra de germoplasma estudada e o potencial de acessos para serem inseridos em programa de melhoramento da cultura. Entre os destaques pode-se citar os subacessos de *makuwa* que apresentaram frutos de menor massa e podem ser considerados, caso se deseje frutos menores, sendo que os subacessos das variedades *momordica* e *cantalupensis* mostraram frutos de maior massa, resultados estes semelhantes já visualizados em outra amostra de melões da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro (TORRES FILHO et al., 2009). Resultados superiores foram observados em acessos de variedades crioulas de melão do sul do Brasil, com valores médios de 0,86 a 3,5 kg (NEITZKE et al. 2009), porém, nesses estudos não se fez nenhuma alusão às variedades botânicas.

Quanto aos descritores comprimento e diâmetro do fruto, bem como, comprimento e diâmetro da cavidade (Tabela 2), foram observados valores bem característicos para as diferentes variedades botânicas como descrito por Amorim et al. (2016). Já Madalena et al. (2015), obtiveram uma variação de 8,00 a 14,85 cm e 9,03 a 13,46 cm para o diâmetro longitudinal e transversal, respectivamente. No entanto, vale destacar que além dos genótipos e ambientes serem diferentes, existe a interação genótipo x ambiente que pode contribuir para essa diferenciação no desempenho dos genótipos.

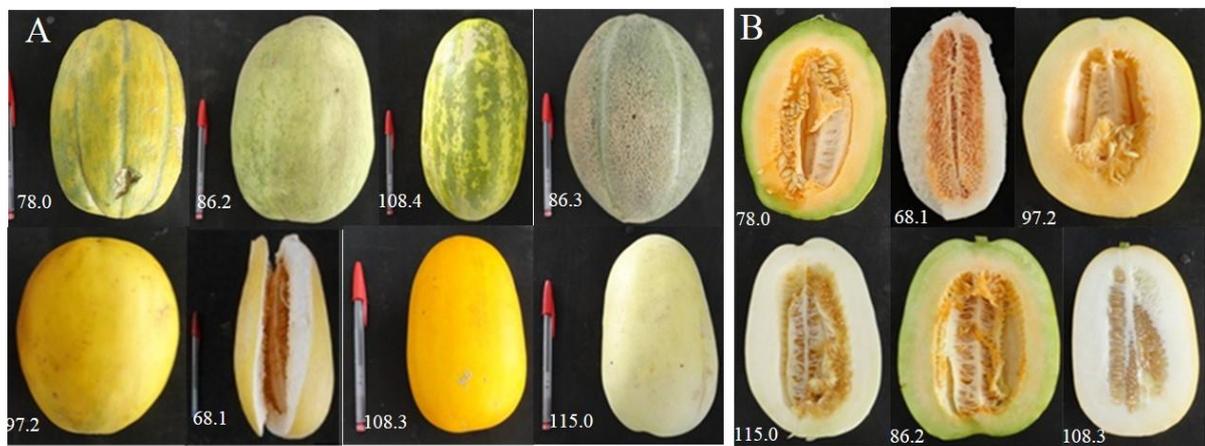
Do ponto de vista comercial é preferível ter uma maior espessura de polpa, pois compreende a parte comestível do fruto e o subacesso BGME 87.2 (variedade *cantalupensis*) se destacou para essa característica nas diversas partes do fruto (Tabela 2) indicando potencial de seleção deste subacesso para programas de melhoramento visando a obtenção de progênies com polpa espessa, a partir da formação de populações segregantes.

O teor de sólidos solúveis (°Brix), é um dos descritores de maior importância para determinar a qualidade do melão, sendo considerada em vários países como principal guia de aceitação dos frutos do meloeiro (NUNES et al. 2011). Neste estudo, verificou-se teores médios entre os subacessos de 3,4 a 8,8 para a primeira geração e de 3,5 a 10,4 na segunda (Tabela 2). Observou-se que as progênies da variedade botânica *makuwa* apresentaram os

maiores teores de sólidos solúveis, porém, é notório a grande variação entre os subacessos dessa variedade, pois alguns apresentaram médias acima de 8,0 °Brix (BGMEL 66.0, 112.0, 108.1, 111.0 e 112.0), enquanto outros mostraram médias inferiores a 8,0 °Brix (BGMEL 67.0, 79.0, 115.0). Valores extremos foram observados entre plantas dentro dos subacessos, pois na geração S<sub>1</sub> variou de 2,2 a 9,72 e 2,93 a 11,53 °Brix na geração S<sub>2</sub> indicando que é possível selecionar progênies com elevado teor de sólidos solúveis.

Resultados semelhantes foram observados por Torres Filho et al. (2009) e Aragão et al. (2013), com uma variação média de 3,3 a 10,1 e 3,3 a 8,0 °Brix, respectivamente. Já Madalena et al. (2015), obtiveram resultados superiores, com uma variação de 6,40 a 15,05, ao caracterizarem 50 famílias de meios-irmãos de melão.

No tocante aos descritores qualitativos, observou-se uma grande variação existente no germoplasma estudado, podendo-se ressaltar as diferenças na coloração da epiderme do fruto, formato do fruto, presença de sulcos, presença de listras, rachaduras (Figura 1A) e diferenças na coloração de polpa (Figura 1B). O diâmetro e comprimento da cavidade e a espessura de polpa dos frutos são descritores que apresentaram grande variação (Figura 1B). Esses dados corroboram com os obtidos por Andrade et al. (2019), onde foi observada uma grande variação entre as características externas de frutos em acessos de melão.



**Figura 1:** Variabilidade observada para alguns descritores qualitativos nos subacessos de melão provenientes da agricultura familiar do Nordeste brasileiro.

A variação encontrada entre os subacessos de melão identificada na análise das características de fruto é determinante no processo de classificação dos diversos tipos existentes (PITRAT 2016) e reflete a alta variabilidade na espécie *C. melo*, demonstrada em estudos de caracterização morfológica anteriores realizados em acessos da agricultura tradicional de melão de diferentes partes do mundo (NEITZKE et al. 2009; FERGANY et al.

2011; TRIMECH et al. 2013; YILDIZ et al. 2014; AMORIM et al. 2016; MACÊDO et al. 2017). Além disso, reforça o grande potencial em termos de variabilidade presente nos germoplasmas de melão cultivados na agricultura familiar no Nordeste brasileiro.

Ao quantificar a diversidade genética entre os subacessos pelo método de Ward-MLM percebeu-se a formação de três grupos para ambas as gerações S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub> (Tabela 3). Comparando os dados das duas gerações foi possível inferir que os agrupamentos na geração S<sub>1</sub> conseguiram separar as variedades botânicas quando essas foram identificadas.

**Tabela 3:** Agrupamento dos subacessos das gerações S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>, da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, com base no procedimento do Ward-MLM.

Geração S <sub>1</sub>			Geração S <sub>2</sub>		
Grupo	Subacesso	Variedade	Grupo	Subacesso	Variedade
I	BGMEL68.1	<i>momordica</i>	I	BGMEL66.0	<i>makuwa</i>
	BGMEL68.2	ND		BGMEL67.0	<i>makuwa</i>
	BGMEL68.3	ND		BGMEL79.0	<i>makuwa</i>
	BGMEL86.2	ND		BGMEL108.1	<i>makuwa</i>
	BGMEL87.1	<i>momordica</i>		BGMEL108.3	ND
	BGMEL87.3	ND		BGMEL108.4	ND
II	BGMEL66.0	<i>makuwa</i>	II	BGMEL115.0	<i>makuwa</i>
	BGMEL67.0	<i>makuwa</i>		BGMEL68.1	<i>momordica</i>
	BGMEL79.0	<i>makuwa</i>		BGMEL68.2	ND
	BGMEL108.1	<i>makuwa</i>		BGMEL78.0	<i>cantalupensis</i>
	BGMEL108.3	ND		BGMEL87.1	<i>momordica</i>
	BGMEL108.4	ND		BGMEL87.2	<i>cantalupensis</i>
	BGMEL111.0	<i>makuwa</i>		BGMEL87.3	ND
	BGMEL112.0	<i>makuwa</i>		BGMEL68.3	ND
III	BGMEL115.0	<i>makuwa</i>	III	BGMEL86.1	<i>cantalupensis</i>
	BGMEL78.0	<i>cantalupensis</i>		BGMEL86.2	ND
	BGMEL86.1	<i>cantalupensis</i>		BGMEL86.3	ND
	BGMEL86.3	ND		BGMEL97.1	<i>cantalupensis</i>
	BGMEL87.2	<i>cantalupensis</i>		BGMEL97.2	ND
	BGMEL97.1	<i>cantalupensis</i>		BGMEL103.1	<i>cantalupensis</i>
BGMEL97.2	ND	BGMEL103.2	ND		

BGMEL103.1	<i>cantalupensis</i>	BGMEL111.0	<i>makuwa</i>
BGMEL103.2	ND	BGMEL112.0	<i>makuwa</i>

ND= não definido

No entanto, quando se observou os agrupamentos da geração S<sub>2</sub> verificou-se uma mistura dos subacessos da variedade *momordica* e *cantalupensis* no grupo II, sendo esse composto pelos subacessos que apresentaram os maiores frutos. Provavelmente, esses caracteres foram responsáveis pela junção desses subacessos em um mesmo grupo, uma vez que os caracteres que mais contribuíram para a divergência foram: MF, CF, CC, EPE e EPS (Tabela 4) e de *cantalupensis* e *makuwa* no grupo III, prevalecendo frutos de tamanho médio.

**Tabela 4.** Média das 13 variáveis em cada grupo e contribuição dos caracteres para as variáveis canônicas (CAN1) e (CAN2) dos subacessos das gerações S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub>, da agricultura familiar do Nordeste brasileiro.

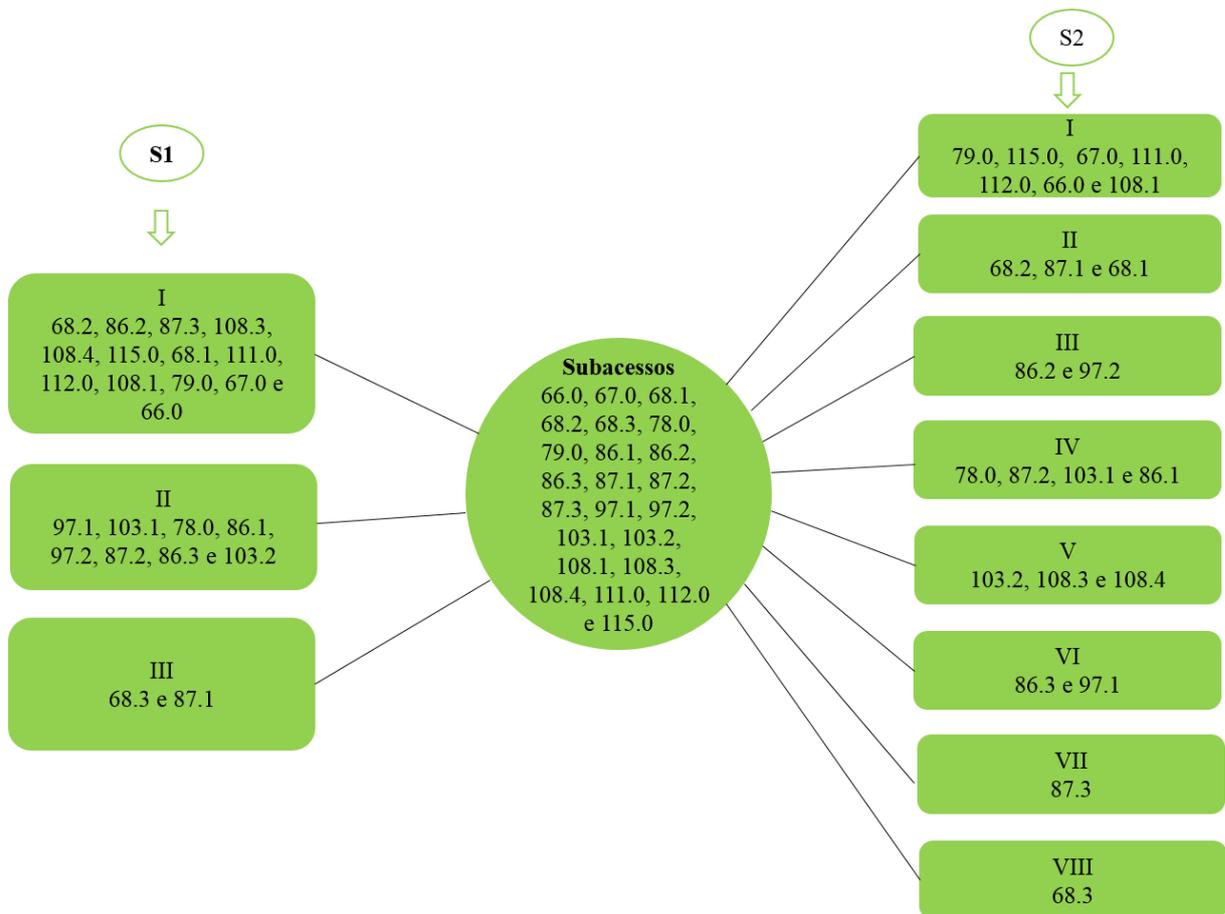
Caracteres	I		II		III		CAN1		CAN2	
	S1	S2								
FM	28,74	23,22	31,81	25,85	31,32	25,50	0,16	0,25	-0,53	0,75
FF	36,36	27,22	35,57	32,00	37,14	31,29	0,21	0,22	0,12	0,65
MF	1,08	0,46	0,48	1,19	0,97	0,52	0,28	0,88	0,58	0,25
DF	10,36	8,58	8,41	11,39	11,13	9,09	0,57	0,78	0,51	0,33
CF	21,14	12,57	12,98	20,71	16,41	12,86	0,00	0,88	0,79	0,18
DC	5,19	4,65	4,31	5,49	5,51	5,05	0,59	0,34	0,54	0,37
CC	17,85	9,71	10,12	16,43	12,01	9,75	-0,16	0,85	0,81	0,14
EPD	2,74	1,96	2,05	2,80	2,73	1,97	0,36	0,78	0,55	0,13
EPE	2,71	1,93	2,04	2,84	2,78	1,98	0,51	0,87	0,64	0,20
EPS	2,25	1,50	1,67	2,53	2,49	1,71	0,45	0,82	0,39	0,38
EPI	1,69	1,26	1,20	2,02	1,75	1,34	0,39	0,67	0,47	0,20
SS	5,95	7,33	6,50	5,36	4,77	5,81	-0,55	-0,21	-0,18	-0,50
N	6	7	9	6	8	10	-	-	-	-

Número de dias para aparecimento da primeira flor masculina e feminina (NFM e NFF); massa do fruto (MF); diâmetro e comprimento do fruto (DF e CF); diâmetro e comprimento da cavidade (DC e CC); espessura de polpa lado direito, esquerda, superior e inferior (EPD, EPE, EPS e EPI); e SS: sólidos solúveis (°Brix).

Mesmo sendo de variedades botânicas diferentes, os subacessos que compuseram esse grupo mantiveram valores médios semelhantes para as características que mais contribuíram

para a separação dos grupos (Tabelas 2 e 4), ou até mesmo devido à introgressão de alelos de diferentes variedades botânicas (AMORIM et al. 2016; MACEDO et al. 2017), pois não existem barreiras de cruzamentos entre diferentes variedades botânicas de melão. Situação semelhante foi observada por Andrade et al. (2019) em seu estudo com 42 acessos de melão.

Ao aplicar o método de otimização de Tocher, observou-se a formação de três grupos para os dados da geração  $S_1$  e oito grupos para geração  $S_2$  (Figura 2). Para os dados da geração  $S_1$ , o grupo I foi composto por 13 subacessos sendo sete da variedade *makuwa*, um *momordica* e cinco ND. O grupo II compreendeu a oito subacessos, cinco da variedade *cantalupensis* e três ND e no terceiro grupo ficaram alocados apenas dois subacessos, um da variedade *momordica* e um ND. Entretanto, foi possível notar que os grupos I e III foram compostos predominantemente pelos subacessos da subespécie *agrestis* e o segundo com a subespécie *melo*, quando esses foram definidos.



**Figura 2:** Representação do agrupamento pelo método de Otimização de Tocher com base na dissimilaridade entre os 23 subacessos de melão das gerações  $S_1$  e  $S_2$ , da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro.

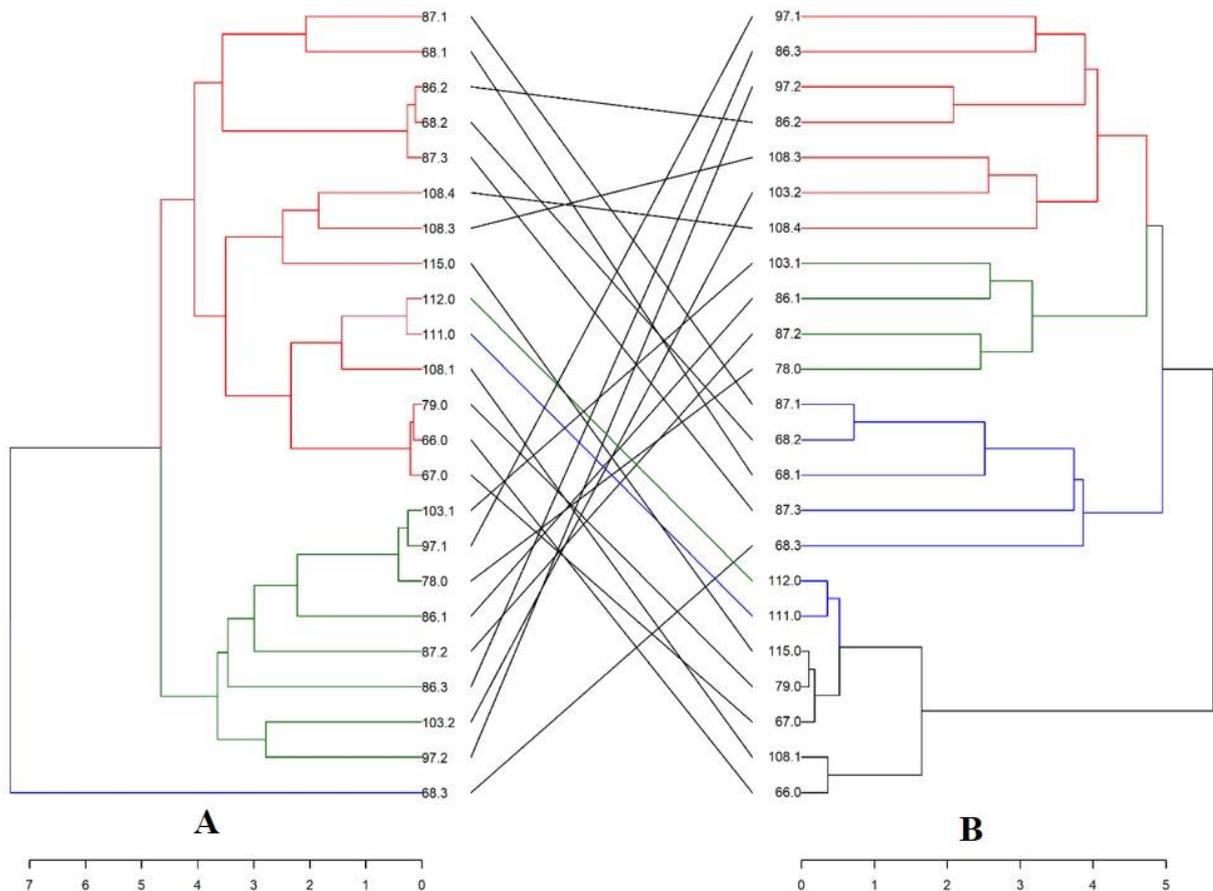
Já para os dados da geração S<sub>2</sub>, o grupo I foi composto por sete subacessos todos da variedade *makuwa*. Esses caracterizam-se por apresentar plantas andromonóicas, fruto com grande variação no formato podendo ser achatado, redondo, oval ou piriforme, epiderme lisa e fina com uma coloração branca, amarelo brilhante ou verde claro, polpa branca e doce, maturação precoce e sementes pequenas (PITRAT et al. 2000).

No grupo II ficaram dois subacessos da variedade *momordica* e um ND; esses apresentaram características semelhantes a variedade *momordica*, porém, não apresentou rachadura. Os frutos da variedade *momordica* apresentam rachaduras na epiderme dos frutos quando maduro, polpa branca, formato do fruto achatado a alongado e baixo teor de açúcar (PITRAT et al. 2000; FERGANY et al. 2011); no grupo III foram alocados dois subacessos ND.

O grupo IV alocou quatro subacessos da variedade *cantalupensis*, que se caracterizam pela presença de gomos médios a forte, polpa doce e alaranjada (às vezes, verde) e por ser aromático (PITRAT et al. 2000); no quinto grupo foram alocados três ND; no sexto um *cantalupensis* e um ND e; o sétimo e oitavo grupos foram compostos por apenas um subacesso cada, ambos ND (Figura 2). Entretanto, é notória a distinção dos subacessos em grupos diferentes quando esses tiveram suas variedades botânicas definidas.

Com base nos agrupamentos obtidos através do método UPGMA notou-se a formação de três e quatro agrupamentos para as gerações S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub> (Figura 3). O coeficiente de correlação cofenético encontrado foi de 0,88 para S<sub>1</sub> e de 0,82 para S<sub>2</sub>, indicando uma boa representação (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Na geração S<sub>1</sub>, o primeiro grupo foi composto por 14 subacessos da subespécie *agrestis*, sendo dois pertencentes a variedade botânica *momordica* BGMEEL (87.1 e 68.1), sete a variedade *makuwa* BGMEEL (115.0, 112.0, 111.0, 108.1, 79.0, 66.0 e 67.0) e cinco ND BGMEEL (86.2, 68.2, 87.3, 108.4 e 108.3).

Já no grupo II ficaram os subacessos da subespécie *melo*, sendo cinco subacessos da variedade botânica *cantalupensis* BGMEEL (103.1, 97.1, 78.0, 86.1 e 87.2) e três ND (BGMEEL 86.3, 103.2 e 97.2), e o grupo III foi composto por apenas um subacesso ND (BGMEEL 68.3) (Figura 3A). Para essa geração, os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética foram: DF (31,39%), CC (25,55%) e EPI e EPS (10,34 e 9,50%) (Tabela 5).



**Figura 3:** Representação do agrupamento pelo método comparativo UPGMA com base na dissimilaridade entre os 23 subacessos de melão das gerações  $S_1$  (A) e  $S_2$  (B), da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro.

Na geração  $S_2$  o grupo I foi formado por sete subacessos, sendo um da variedade botânica *cantalupensis* BGMEL 97.1 e seis ND BGMEL (86.3, 97.2, 86.2, 108.3, 103.2 e 108.4); no grupo II ficaram quatro subacessos da variedade *cantalupensis* BGMEL (103.1, 86.1, 87.2 e 78.0); no grupo III foram alocados dois subacessos de *momordica* BGMEL (87.1 e 68.1) e três ND (68.2, 87.3 e 68.3) e; no grupo IV sete subacessos da variedade *makuwa* BGMEL (115.0, 112.0, 111.0, 108.1, 79.0, 66.0 e 67.0) (Figura 3B).

Assim, foi possível inferir que o método UPGMA conseguiu separar as variedades botânicas em ambas as gerações quando essas foram identificadas com uma exceção apenas para o subacesso BGMEL 97.1 que pertence a variedade *cantalupensis* e ficou em um grupo separado dos demais pertencentes a mesma variedade. No entanto, é possível que essa separação tenha sido ocasionada devido ao baixo teor de SS e EPI (Tabela 2), pois, as características que mais contribuíram para a divergência foram: SS, EPI, CF, CC e a MF.

**Tabela 5:** Contribuição de cada característica para divergência genética pelo critério de Singh (1981) entre os subacessos das gerações S<sub>1</sub> e S<sub>2</sub> de melão da agricultura tradicional, para os métodos UPGMA e Tocher.

Características	Contribuição para divergência genética (%)	
	S <sub>1</sub>	S <sub>2</sub>
Massa do fruto (kg)	0,00	8,57
Diâmetro do fruto (cm)	31,39	0,00
Comprimento do fruto (cm)	0,00	14,58
Diâmetro da cavidade (cm)	0,00	2,26
Comprimento da cavidade (cm)	25,55	13,35
Espessura de polpa lado direito (cm)	0,00	0,00
Espessura de polpa lado esquerdo (cm)	2,23	6,31
Espessura de polpa superior (cm)	9,50	7,86
Espessura de polpa inferior (cm)	10,34	15,63
Sólidos solúveis lateral	9,03	4,69
Sólidos solúveis homogeneizado	7,46	18,76
Número de dias para aparecimento da primeira flor masculina	3,71	2,42
Número de dias para aparecimento da primeira flor feminina	0,75	5,57

Vale destacar a grande semelhança entre os agrupamentos para os dados da geração S<sub>1</sub> entre os grupos I e II para o método do Ward-MLM, I e III para o método de Tocher e UPGMA. Outra semelhança foi observada entre os agrupamentos III do método Ward-MLM e II para Tocher e UPGMA, onde os mesmos subacessos foram alocados nos grupos mencionados acima, sendo clara a distinção das variedades botânicas, com uma exceção apenas para o subacesso BGMEL 87.1 da variedade *momordica*, que a partir do método de otimização de Tocher ficou separado dos demais pertencentes a essa variedade.

Para os dados da geração S<sub>2</sub> houve uma semelhança entre os agrupamentos obtidos através dos métodos de Tocher e UPGMA, onde esses agruparam os subacessos de acordo com as variedades botânicas, quando essas foram identificadas. No entanto, nos agrupamentos obtidos através da estratégia do Ward-MLM houve uma mistura das variedades botânicas dentro de um mesmo grupo, notadamente nos grupos II e III.

Estudos de diversidade realizados em acessos de meloeiro do Nordeste brasileiro, utilizando descritores morfológicos, revelaram que o agrupamento com base no método UPGMA não foi capaz de detectar associação entre os grupos formados em relação às variedades botânicas (ARAGÃO et al. 2013; MACEDO et al. 2017). Esta não associação entre os agrupamentos e as variedades botânicas pode estar relacionada à grande variação

observada entre e dentro dos subacessos e também pode-se associar à introgressão de alelos entre as diferentes variedades botânicas, fato este observado ao identificar as variedades.

Um terceiro fator importante a destacar, é que a distinção entre as subespécies de melão, usadas no presente estudo, é determinada pela pilosidade no ovário da flor (PITRAT, et al., 2000). Contudo, essa classificação foi questionada por Pitrat (2016) que apresentou uma nova classificação para o melão, baseada em grupos e subgrupos, levando em consideração as variações encontradas na pilosidade do ovário e nos caracteres definidores das variedades botânicas, contrastando com a classificação anterior.

No entanto, é necessário estudos moleculares para que possa identificar os subacessos que não se encaixaram em nenhuma variedade botânica e até mesmo auxiliar na explicação da junção de diferentes variedades botânicas em um mesmo grupo.

## **CONCLUSÃO**

Existe uma grande variabilidade entre e dentro dos subacessos de melão da agricultura familiar do Nordeste brasileiro para os diversos caracteres avaliados em ambas as gerações, sendo que os métodos UPGMA e Tocher foram mais eficientes para estimar a diversidade genética entre acessos de melão da agricultura familiar.

## REFERÊNCIAS

- AMORIM, C.C. et al. Morphological diversity and identification of accessions of melon. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 38, p. 3622-3632, 2016. <http://doi:10.5897/AJAR2016.11211>.
- ANDRADE, C.A. et al. Morphoagronomic genetic diversity of Brazilian melon accessions based on fruit traits. **Scientia Horticulturae**, v. 243, p. 514–523, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2018.09.006>.
- ARAGÃO, F.A.S. et al. Genetic divergence among accessions of melon from traditional agriculture of the Brazilian Northeast. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, p. 6356-6371, 2013. <http://dx.doi.org/10.4238/2013>.
- CRUZ, C.D.; REGAZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4. Ed. Viçosa: UFV, 2012. 514p.
- CRUZ, C.D. **Genes**: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 585 p, 2003.
- FERGANY, M. et al. Variation in melon (*Cucumis melo*) landraces adapted to the humid tropics of southern India. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 58, p. 225–243, 2011. <http://doi 10.1007 / s10722-010-9564-6>.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE**. Produção agrícola municipal. Brasília: IBGE, 2019. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457#resultado>. Acesso em: 02 fevereiro 2021.
- IPGRI. **Descriptors for melon (*Cucumis melo* L.)**. Rome: IPGRI. 65 p., 2003.
- MACÊDO, S.S. et al. Botanical identification and genetic diversity in melons from family farming in the state of Maranhão. **Revista Caatinga**, v. 30, p. 602 – 613, 2017. <https://doi.org/10.1590/1983-21252017v30n308rc>.
- MADALENA, J.A.S. Caracterização morfo-agronômica de famílias de meios irmãos de melão. **Agropecuária Científica no Semiárido**, v.11, p. 72-79, 2015. <http://dx.doi.org/10.30969/acsa.v11i1.637>
- NEITZKE, R.S. Caracterização morfológica e dissimilaridade genética entre variedades crioulas de melão. **Horticultura Brasileira**, v. 27, p. 534-538, 2009. <http://doi: 10.1590/S0102-05362009000400021>.
- NUNES, G.H.S. Divergência genética entre linhagens de melão do grupo *inodorus*. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, p. 448-456, 2011. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000200026>

OLIVEIRA, F.I.C. A cultura do melão. In: Figueirêdo, MCB de, Gondim, RS, e Aragão, FAS de. (ed.). **Produção de melão e mudanças climáticas: sistemas conservacionistas de cultivo para redução das pegadas de carbono e hídrica**. Brasília, DF: Embrapa, 2017, p. 17-29.

PITRAT, M.. Melon Genetic Resources: Phenotypic Diversity and Horticultural Taxonomy. In: Grumet, R, Katzir, N e Garcia-Mas, J (Eds.), **Genetics and Genomics of Cucurbitaceae**, Plant Genetics and Genomics: Crops and Models. V. 20. Springer, Switzerland, 2016, p. 25-60.

PITRAT, M., HANELT, P. E HAMMER, K.. Some comments on interspecific classification of cultivars of melon. **Acta Horticulturae**, v. 510, p. 29-36, 2000. <http://doi:10.17660/ActaHortic.2000.510.4>

QUEIRÓZ, M.A., BARBIERI, R.L. E SILVA, R.A.M.. Ocorrência de variabilidade genética em plantas exóticas no Brasil. In: Veiga, RFA e Queiróz, MA (Eds.) **Recursos Fitogenéticos: A base da agricultura sustentável no Brasil** p. 135-147. 1ª Ed. 2015. Brasília, DF: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. A language and environment for statistical computing. Vienna. **R Foundation for Statistical Computing**. 2019.

SAS INSTITUTE. **SAS language and procedures: Usage**. Version SAS 9.1.3 Cary: SAS Institute. 1CD-ROM. 2003.

TORRES FILHO, J. Caracterização morfológica de acessos de meloeiro coletados no Nordeste brasileiro. **Revista Caatinga**, v. 22, p. 174-181, 2009. ISSN 0100-316X.

TRIMECH, R. Genetic variation in Tunisian melon (*Cucumis melo* L.) germplasm as assessed by morphological traits. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 60, p. 1621–1628, 2013. <http://doi:10.1007/s10722-013-9991-2>.

VALADARES, R.N. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações em acessos de melão do grupo *momordica*. **Horticultura Brasileira**, v. 35, p. 557-563, 2017. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620170413>.

YILDIZ, M., AKGUL, N. E SENSOY, S. Morphological and Molecular Characterization of Turkish Landraces of *Cucumis melo* L. **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici**, v. 42, p. 51-58, 2014. ISSN 0255-965X.

**CAPÍTULO II**

**PARÂMETROS GENÉTICOS EM SUBCESSOS DE MELÃO DA AGRICULTURA  
FAMILIAR**

## PARÂMETROS GENÉTICOS EM SUBACESSOS DE MELÃO DA AGRICULTURA FAMILIAR

### RESUMO

A agricultura familiar possui uma grande diversidade de germoplasma de melão, constituindo-se em uma importante fonte de alelos para uso em programas de melhoramento. Assim, o presente estudo objetivou estimar parâmetros genéticos e selecionar genótipos de uma população de subcessos de melão da agricultura familiar pertencentes a diferentes variedades botânicas, com base em caracteres morfológicos. Foram realizados dois experimentos (2019 e 2020), utilizando 27 subcessos de melão (geração S2) provenientes da agricultura familiar e uma variedade comercial, em Delineamento em Bloco Casualizados (DBC) com três repetições e cinco plantas por parcela. Para avaliação foram utilizados nove descritores quantitativos. Inicialmente testou-se as pressuposições da ANOVA e, em seguida, realizou-se a análise de variância individual e a análise conjunta. Com isso, constatou-se diferença significativa entre os subcessos para todos os descritores avaliados, com herdabilidades superiores a 83% e interação G x A significativa para 88,8% das características avaliadas. Assim, percebeu-se a existência de variabilidade genética entre os subcessos, com predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais, sendo possível obter ganhos genéticos para o melhoramento de várias características de interesse agrônomo. Indica-se os subcessos BGMEL66.0, BGMEL111.0 e BGMEL112.0 para serem inseridos em programas de melhoramento visando obter frutos pequenos, com uma boa prolificidade e elevado teor de sólidos solúveis. Já os subcessos BGMEL (108.3 e 108.5) podem fornecer progênies de elevada prolificidade e os subcessos da variedade *momordica* podem ser utilizados para extração de progênies que visem diminuir o ciclo da cultura e aumentar o tamanho do fruto.

**Palavras chaves:** *Cucumis melo*. Diversidade. Herdabilidade. Ganho genético.

## GENETIC PARAMETERS IN FAMILY AGRICULTURE MELON SUBACCESSES

### ABSTRACT

Family farming has a great diversity of melon germplasm, constituting an important source of alleles for use in breeding programs. Thus, the present study aimed to estimate genetic parameters and select genotypes from a population of melon sub-accessions from family farming belonging to different botanical varieties, based on morphological characters. Two experiments were carried out (2019 and 2020), using 27 melon sub-accessions (S2 generation) from family farming and a commercial variety, in a Randomized Block Design (DBC) with three replicates and five plants per plot. For evaluation, nine quantitative descriptors were used. Initially, the assumptions of ANOVA were tested and, then, individual variance analysis and joint analysis were performed. Thus, a significant difference was found among the sub-accessions for all descriptors evaluated, with heritabilities greater than 83% and a significant G x A interaction for 88.8% of the evaluated characteristics. Thus, it was noticed the existence of genetic variability between sub-accessions, with a predominance of genetic effects over environmental ones, being possible to obtain genetic gains for the improvement of several characteristics of agronomic interest. The sub-accessions BGMEL66.0, BGMEL111.0 and BGMEL112.0 are indicated to be inserted in breeding programs aiming to obtain small fruits, with a good prolificacy and high content of soluble solids. The BGMEL sub-accessions (108.3 and 108.5) can provide highly prolific progenies and the sub-accessions of the *momordica* variety can be used to extract progenies that aim to decrease the crop cycle and increase the size of the fruit.

**Key words:** *Cucumis melo*, Diversity, Heritability, Genetic gain.

## INTRODUÇÃO

O melão (*Cucumis melo* L.) é uma cucurbitácea que possui centros de diversidade na África e na Ásia (PITRAT, 2013). No entanto, o Brasil possui uma grande expressão econômica dessa hortaliça com destaque para os melões do grupo *inodorus* e *cantaloupensis*, sendo a região Nordeste responsável por 95,9% da produção brasileira de melão (IBGE, 2019). Por outro lado, tem se observado o cultivo de variedades crioulas em pequenas propriedades rurais, onde os agricultores usam suas próprias sementes para os novos plantios (QUEIRÓZ et al. 2015), resultando numa grande variabilidade.

Estudos anteriores realizados com germoplasma de melão da agricultura familiar demonstraram a existência de grande variabilidade entre os acessos (DANTAS et al. 2012; ARAGÃO et al. 2013; AMORIM et al. 2016; MACÊDO et al. 2017 e ANDRADE et al. 2019). Porém, nos estudos mencionados não foram enfatizados alguns caracteres de importância para o melhoramento do melão, principalmente, considerando-se as características de algumas variedades botânicas (PITRAT et al., 2000), e assim, acredita-se que estes fatores sejam relevantes e devam ser considerados.

O entendimento dos fatores genéticos, constitui um fator essencial para qualquer programa de melhoramento genético, tendo como objetivo, identificar e perpetuar alelos favoráveis (CRUZ et al. 2014). Ainda segundo os autores, a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos é fundamental, pois permite identificar a natureza da ação dos alelos envolvidos no controle dos caracteres e estimar a obtenção de ganho genético no melhoramento.

Os melões da agricultura tradicional podem constituir uma importante fonte de alelos para uso em programas de melhoramento. Entretanto, são poucos ou inexistentes os estudos acerca desse germoplasma visando gerar informação com o objetivo de seleção de genótipos. Assim, é necessário a realização de estudos com o germoplasma de melões da agricultura familiar, através da caracterização morfológica de diferentes variedades botânicas com base nos parâmetros genéticos visando a seleção de genótipos superiores.

Assim, o presente estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e selecionar genótipos de uma população de subacessos de melão da agricultura familiar pertencentes a diferentes variedades botânicas, com base em caracteres morfológicos.

## MATERIAL E MÉTODOS

Foram conduzidos dois experimentos durante os anos de 2019 e 2020, no Campo Experimental do Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais da Universidade do Estado da Bahia (DTCS/UNEB), localizado no município de Juazeiro-BA, situado a 09°25'04,92271''S de latitude e 40°29'04,73710''W de longitude, com uma altitude aproximada de 352 metros. Foram avaliados 27 subacessos de meloeiro (geração S<sub>2</sub>) das variedades botânicas *momordica*, *cantalupensis*, *makuwa* e alguns acessos não definidos, todos provenientes da agricultura tradicional do estado do Maranhão (Tabela 1) e uma variedade comercial (Melão Amarelo) como testemunha.

**Tabela 1.** Dados de passaporte dos subacessos de *Cucumis melo* do BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro que foram usados nos experimentos.

Subacesso	Variedade*	Município de coleta	Coordenadas da sede do município
BGMEL 10.0	<i>momordica</i>	São João dos Patos	6° 29' 43" Sul, 43° 42' 10" Oeste
BGMEL 66.0	<i>makuwa</i>	Colinas	7° 6' 59" Sul, 46° 15' 26" Oeste
BGMEL 67.0	<i>makuwa</i>	Colinas	7° 6' 59" Sul, 46° 15' 26" Oeste
BGMEL 68.1	<i>momordica</i>	Colinas	7° 6' 59" Sul, 46° 15' 26" Oeste
BGMEL 68.2	ND	Colinas	7° 6' 59" Sul, 46° 15' 26" Oeste
BGMEL 68.3	ND	Colinas	7° 6' 59" Sul, 46° 15' 26" Oeste
BGMEL 77.1	<i>momordica</i>	Coroatá	4° 7' 31" Sul, 44° 7' 49" Oeste
BGMEL 77.3	ND	Coroatá	4° 7' 31" Sul, 44° 7' 49" Oeste
BGMEL 78.0	<i>cantalupensis</i>	Codó	4° 27' 18" Sul, 43° 52' 44" Oeste
BGMEL 82.2	<i>cantalupensis</i>	Itapecuru Mirim	3° 23' 42" Sul, 44° 21' 36" Oeste
BGMEL 83.1	ND	Itapecuru Mirim	3° 23' 42" Sul, 44° 21' 36" Oeste
BGMEL 83.2	ND	Itapecuru Mirim	3° 23' 42" Sul, 44° 21' 36" Oeste
BGMEL 86.1	<i>cantalupensis</i>	Codó	4° 27' 18" Sul, 43° 52' 44" Oeste
BGMEL 86.2	ND	Codó	4° 27' 18" Sul, 43° 52' 44" Oeste
BGMEL 86.3	ND	Codó	4° 27' 18" Sul, 43° 52' 44" Oeste
BGMEL 87.1	<i>momordica</i>	São Luís Gonzaga	4° 22' 51" Sul, 44° 40' 14" Oeste
BGMEL 87.2	<i>cantalupensis</i>	São Luís Gonzaga	4° 22' 51" Sul, 44° 40' 14" Oeste
BGMEL 87.3	ND	São Luís Gonzaga	4° 22' 51" Sul, 44° 40' 14" Oeste
BGMEL 97.1	<i>cantalupensis</i>	Caxias	4° 52' 29" Sul, 43° 20' 49" Oeste
BGMEL 98.0	ND	Caxias	4° 52' 29" Sul, 43° 20' 49" Oeste
BGMEL 108.3	ND	Caxias	4° 52' 29" Sul, 43° 20' 49" Oeste
BGMEL 108.4	ND	Caxias	4° 52' 29" Sul, 43° 20' 49" Oeste
BGMEL 108.5	ND	Caxias	4° 52' 29" Sul, 43° 20' 49" Oeste
BGMEL 109.2	ND	Caxias	4° 52' 29" Sul, 43° 20' 49" Oeste
BGMEL 111.0	<i>makuwa</i>	Colinas	7° 6' 59" Sul, 46° 15' 26" Oeste
BGMEL 112.0	<i>makuwa</i>	Colinas	7° 6' 59" Sul, 46° 15' 26" Oeste
BGMEL 115.0	<i>makuwa</i>	São Vicente Ferrer	2° 53' 44" Sul, 44° 52' 53" Oeste

\* Classificação botânica de acordo com Amorim et al. (2016).

- ND: variedade botânica não definida.

Para a produção das mudas foram semeadas 30 sementes de cada subacesso em bandejas plásticas preenchidas com substrato comercial em casa de vegetação coberta com sombrite de 50% de luminosidade, sendo irrigadas diariamente. Após 15 dias da semeadura, as mudas foram transplantadas para solo previamente preparado com aração e gradagem. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados completos com três repetições e cinco plantas por parcela, estabelecidas no espaçamento de 2,5 m entre fileiras e 0,8 m entre plantas e mantidas sob irrigação localizada do tipo gotejamento. Os experimentos foram realizados aproximadamente nas mesmas datas nos anos de 2019 e 2020 (janeiro a abril). Durante a condução dos experimentos foram realizadas capinas e monitoramento do estado fitossanitário das plantas.

O processo de avaliação foi realizado utilizando-se descritores quantitativos (IPGRI, 2003; PITRAT et al., 2000), sendo eles: massa de fruto (MF, em kg); diâmetro e comprimento do fruto (DF e CF, em cm); diâmetro e comprimento da cavidade interna (DC e CC, em cm); espessura da polpa (EP, em cm); sólidos solúveis em uma amostra composta da polpa homogeneizada em processador caseiro (SS, em °Brix); precocidade (PREC, número de dias do transplante até a colheita) e a prolificidade (PROL, número de frutos por planta, contados no final do ciclo).

Inicialmente testou-se as pressuposições da ANOVA, transformando as variáveis que necessitaram. Em seguida, foi realizada análise de variância individual de cada época para examinar se os subacessos diferiam entre si. Logo após, testou-se a homogeneidade das variâncias (F máximo: relação entre o maior e menor quadrado médio residual para cada descritor). Para a realização da análise conjunta (fatorial simples A x B), utilizou-se o modelo:  $Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{jk} + \epsilon_{ijk}$  em que:  $\mu$ : média geral;  $G_i$ : efeito do i-ésimo genótipo;  $A_j$ : efeito do j-ésimo ambiente;  $GA_{ij}$ : efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo ambiente;  $B/A_{jk}$ : efeito do k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente e  $\epsilon_{ijk}$ : erro aleatório e efeitos: G aleatório e A fixo (CRUZ et al., 2012). Todas as análises genético-estatísticas foram processadas com auxílio do programa Genes (CRUZ, 2013).

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com os dados da análise de variância, constatou-se que houve diferença significativa entre os subacessos de meloeiro da agricultura tradicional para todas as características avaliadas (Tabela 2), evidenciando a existência de variabilidade genética entre os subacessos. Resultados semelhantes foram

**Tabela 2:** Teste de médias para nove caracteres avaliados em subacessos de melão da agricultura familiar do Nordeste brasileiro, em duas épocas.

SUB	PREC		PROL		MF		DF		CF		DC		CC		EP		SS	
	19	20	19	20	19	20	19	20	19	20	19	20	19	20	19	20	19	20
10.0 <sup>mo</sup>	49,94dA	53,55bA	3,26cA	3,86cA	1,18aA	1,31cA	11,32cA	11,58cA	24,16bA	26,04bA	5,91bA	6,11aA	20,07bA	21,38bA	2,39bA	2,49bA	4,4dA	3,7dA
68.1 <sup>mo</sup>	51,77dA	53,66bA	2,73cB	6,63bA	1,18aA	1,30cA	11,20cA	12,21cA	24,93bA	24,50cA	5,79bA	6,43aA	20,51bA	20,09bA	2,42bA	2,65bA	4,3dA	3,7dA
77.1 <sup>mo</sup>	50,33dA	52,11bA	4,33cA	3,60cA	1,38aA	1,45cA	11,65cA	11,79cA	27,96aA	28,51aA	6,47bA	6,21aA	23,72aA	24,11aA	2,53aA	2,68bA	4,4dA	4,2dA
87.1 <sup>mo</sup>	58,89cA	56,00bA	1,80cA	2,25cA	0,92bB	2,19bA	11,07cA	12,62bA	19,60dB	29,90aA	5,06cB	6,47aA	16,83cB	24,80aA	2,18bB	3,00bA	4,8dA	3,8dA
Méd <sup>mo</sup>	52,73	53,83	3,03	4,09	1,17	1,56	11,31	12,05	24,16	27,24	5,81	6,31	20,28	22,60	2,38	2,71	4,48	3,85
66.0 <sup>mk</sup>	54,66dA	55,00bA	3,00cB	6,75bA	0,39cA	0,46fA	8,00eA	8,67dA	11,66eA	12,61fA	4,43cA	5,06bA	9,12eA	10,12eA	1,47cA	1,80cA	8,6aA	8,1aA
67.0 <sup>mk</sup>	55,44cA	53,33bA	2,33cA	4,16cA	0,55cA	0,43fA	9,34dA	8,62dA	13,26eA	12,15fA	5,03cA	4,89bA	9,93eA	9,70eA	1,71cA	1,72dA	7,5bA	6,7aA
111.0 <sup>mk</sup>	54,00dA	54,00bA	1,80cB	7,75bA	0,38cA	0,30fA	8,17eA	7,67eA	11,56eA	10,35fA	4,60cA	4,45bA	9,04eA	8,25eA	1,45cA	1,49dA	9,5aA	7,7aB
112.0 <sup>mk</sup>	55,77cA	54,25bA	3,40cA	5,91bA	0,33cA	0,27fA	8,09eA	7,50eA	11,64eA	10,10fA	4,45cA	4,75bA	9,07eA	8,22eA	1,52cA	1,30dA	9,2aA	7,7aB
115.0 <sup>mk</sup>	56,10cA	55,44bA	2,00cB	5,53bA	0,43cA	0,59eA	8,32eA	9,28dA	12,31eA	13,76eA	4,62cA	5,04bA	9,63eA	11,50dA	1,52cB	2,02cA	7,5bA	5,8bB
Méd <sup>mk</sup>	55,19	54,40	2,51	6,02	0,42	0,41	8,38	8,35	12,09	11,79	4,63	4,84	9,36	9,56	1,53	1,67	8,46	7,20
78.0 <sup>c</sup>	65,89bA	59,61aB	1,60cA	2,50cA	1,17aA	1,50cA	10,67cA	10,82cA	20,64cB	24,15cA	5,21cA	4,97bA	15,65dB	19,89bA	2,65aA	2,73bA	6,0cA	4,3dB
82.2 <sup>c</sup>	63,16bA	55,11bB	1,13cA	3,35cA	0,23cB	0,74eA	7,65eB	9,82dA	7,46fA	14,40eA	4,36cA	4,66bA	5,28fB	11,06dA	1,52cB	2,57bA	7,4bA	5,1cB
86.1 <sup>c</sup>	63,08bA	55,00bB	1,06cA	2,33cA	0,59cA	0,80eA	9,26dA	10,61cA	14,09eA	15,90eA	4,86cA	5,65aA	10,02eA	10,95dA	2,11bA	2,30cA	6,4cA	5,8dA
87.2 <sup>c</sup>	67,66bA	61,00aB	0,53cA	1,00cA	1,43aB	1,92bA	11,70cB	13,70bA	18,85dB	21,95dA	4,66cA	5,25bA	13,70dB	16,90cA	3,15aB	4,12aA	6,0cA	5,7bA
97.1 <sup>c</sup>	71,33aA	59,33aB	0,46cA	1,13cA	0,89bA	0,84eA	11,81cA	10,71cA	14,48eA	15,96eA	7,35aA	5,91aB	11,03eA	12,11dA	1,93cA	2,09cA	4,7dA	4,2dA
Méd <sup>c</sup>	66,22	60,17	0,96	2,06	0,86	1,16	10,22	11,13	15,10	18,47	5,29	5,29	11,14	14,18	2,27	2,76	6,10	5,02
68.2 <sup>nd</sup>	54,11dA	55,11bA	2,66cA	4,28cA	0,84bA	0,86eA	10,87cA	11,15cA	17,89dA	16,58eA	6,03bA	6,10aA	14,40dA	12,96dA	2,14bB	3,00bA	6,1cA	4,6dB
68.3 <sup>nd</sup>	62,44bA	55,00bB	1,53cA	1,91cA	0,58cB	1,03dA	8,15eA	9,08dA	18,42dB	25,68bA	3,84cA	4,23bA	15,56dB	21,66bA	1,77cA	2,21cA	4,1dA	5,0cA
77.3 <sup>nd</sup>	66,83bA	58,66aB	1,90cA	0,93cA	1,44aA	1,00dB	13,21bA	10,46cB	21,82cA	20,20dA	8,15aA	6,36aB	17,21cA	15,83cA	2,36bA	1,91cA	5,8cA	4,4dB
83.1 <sup>nd</sup>	57,64cA	55,00bA	1,53cA	3,66cA	1,33aA	1,08dA	14,82aA	13,35bA	14,49eA	14,67eA	8,45aA	7,10aB	9,90eA	9,95eA	2,81aA	2,71bA	5,8cA	5,3cA
83.2 <sup>nd</sup>	71,66aA	55,33bB	0,53cA	1,20cA	0,38cB	0,78eA	8,70dB	11,31cA	10,48fA	11,53fA	4,41cB	5,83aA	6,48fA	7,75eA	1,90cB	2,57bA	6,0cA	6,9aA
86.2 <sup>nd</sup>	56,33cA	57,00bA	1,26cB	5,11bA	0,43cB	0,85eA	9,43dB	11,36cA	8,95fA	11,55fA	5,20cA	5,60aA	6,29fA	8,61eA	1,73cB	2,61bA	4,2dA	5,3cA
86.3 <sup>nd</sup>	59,66cA	56,00bA	0,53cA	1,64cA	0,51cA	0,69eA	9,28dA	9,92dA	12,33eA	13,30fA	5,47cA	6,05aA	8,95eA	10,12eA	1,76cA	1,82cA	5,4cA	5,9bA
87.3 <sup>nd</sup>	58,55cA	58,50aA	1,53cA	2,10cA	1,56aB	3,12aA	12,78bB	15,65aA	22,34cB	27,15bA	6,15bA	7,00aA	17,46cB	21,10bA	2,73aB	4,20aA	4,7dA	3,4dB
98.0 <sup>nd</sup>	72,00aA	61,00aB	0,73cA	2,06cA	0,34cB	0,77eA	7,88eB	10,46cA	10,81fB	14,33eA	5,03cA	6,10aA	8,06eB	11,36dA	1,40cB	2,13cA	6,1cA	4,3dB
108.3 <sup>nd</sup>	54,33dA	51,00bA	11,53aA	10,93aA	0,36cA	0,36fA	7,76eA	7,67eA	11,49eA	12,56fA	4,35cA	3,71bA	8,71eA	8,74eA	1,69cA	1,92cA	3,8dA	3,8dA
108.4 <sup>nd</sup>	61,19cA	56,50bA	5,26cA	6,91bA	0,53cA	0,67eA	9,14dA	9,57dA	14,07eA	14,47eA	4,54cA	5,11bA	10,58eA	11,32dA	2,05bA	2,10cA	5,9cA	5,3cA
108.5 <sup>nd</sup>	52,50dA	51,33bA	8,06bA	10,80aA	0,22cA	0,30fA	7,20eA	7,71eA	8,29fA	9,83fA	3,93cA	4,39bA	6,10fA	7,77eA	1,39cA	1,61dA	6,4cA	4,2dB
109.2 <sup>nd</sup>	59,00cA	52,83bB	3,20cA	3,83cA	0,27cA	0,40fA	7,08eA	7,95eA	10,76fA	12,86fA	3,76cA	4,00bA	7,88eA	9,53eA	1,47cA	1,89cA	7,2bA	6,8aA
Méd <sup>nd</sup>	60,48	55,64	3,10	4,26	0,68	0,92	9,72	10,43	14,01	15,75	5,33	5,51	10,58	12,05	1,94	2,36	5,50	5,02
Ama	72,33aA	61,00aB	0,60cA	2,11cA	0,51cB	0,94dA	8,90dB	10,63cA	13,83eA	16,61eA	4,50cA	4,81bA	9,75eA	12,00dA	2,11bB	2,78bA	5,6cA	4,4dA
Mín	45,0	49,0	0,2	0,4	0,44	0,25	6,73	7,27	7,1	9,0	3,37	3,47	5,0	6,7	1,2	1,2	2,93	2,87
Máx	76,0	61,0	15,8	16,0	1,52	3,34	15,15	16,7	29,98	32,8	10,15	8,0	24,85	27,2	4,06	4,45	10,4	9,2
Méd	59,88	55,77	2,51	4,08	0,81	0,96	9,77	10,42	15,30	17,20	5,23	5,43	11,82	13,49	1,9	2,37	6,03	5,24
Fc	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**
CV%	6,60	3,53	75,87	45,99	12,81	22,50	11,16	8,04	11,04	11,29	8,77	9,23	3,41	6,97	7,28	14,17	13,82	14,40

Médias seguidas pela mesma letra minúscula na vertical e maiúscula na horizontal não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de Scott Knott, ao nível de 5% de significância. MF: massa do fruto; PREC: precocidade; PROL: prolificidade; DF e CF: diâmetro e comprimento do fruto; DC e CC: diâmetro e comprimento da cavidade; EP: espessura de polpa e SS: sólidos solúveis (°Brix); o “Mín” e o “Máx” se refere aos valores individuais e dá a variação dentro do subacesso; Méd: média; Fc: Estimativa F de Snedecor. \*\*: Significativo ao nível de 1%; CV(%): coeficiente de variação e mo, mk, c e nd: *momordica*, *makuwa*, *cantalupensis* e não definido, respectivamente.

observados em estudos anteriores (AMORIM et al. 2016; MACÊDO et al. 2017 e ANDRADE et al. 2019), corroborando com os dados dessa pesquisa. A significância entre os genótipos é indicativa de variabilidade genética entre o germoplasma, e assim, existe a possibilidade de selecionar acessos agronomicamente superiores para as características analisadas (CRUZ et al., 2012).

Quanto à homogeneidade dos subacessos entre as diferentes épocas, a partir do teste de médias (Tabela 2), observa-se que 22,2% dos subacessos (BGMEL10.0, BGMEL77.1, BGMEL67.0, BGMEL86.3, BGMEL108.3 e BGMEL108.4) não diferiram entre si para os diversos caracteres avaliados entre as diferentes épocas de cultivo. Entretanto, 25,9% dos subacessos (BGMEL77.3, BGMEL82.2, BGMEL83.2, BGMEL87.1, BGMEL87.2, BGMEL87.3 e BGMEL98.0) apresentaram variações superiores a 55,5%, sendo que as maiores variações foram observadas para as características, precocidade (37%), teor de sólidos solúveis (37%), massa do fruto (33,3%) e espessura de polpa (33,3%).

Para a precocidade notou-se variações para 37% dos subacessos entre as diferentes épocas de cultivo, sendo cinco da variedade *cantalupensis* (BGMEL78.0, BGMEL82.2, BGMEL 86.1, BGMEL 87.2 e BGMEL97.1), cinco não identificados quanto à variedade botânica (BGMEL68.3, BGMEL77.3, BGMEL83.2, BGMEL98.0 e BGMEL109.2) e a testemunha. De acordo com as médias das variedades, exceto *momordica*, os maiores valores foram observados para a época I (2019). As menores médias foram observadas para os subacessos da variedade *momordica* e as maiores para a variedade comercial (melão amarelo) (Tabela 2), o que evidencia o potencial da variedade *momordica* para fins de seleção visando aumento da precocidade.

Já a prolificidade e o diâmetro da cavidade, apresentaram apenas 18,5% de variação, com destaque para as variedades *makuwa* e ND, respectivamente. Em relação às demais características foi possível inferir que as maiores variações foram notadas para os subacessos de variedades não identificadas (Tabela 2) e possivelmente essas variações sejam resultantes da grande variabilidade observada entre plantas dentro dos subacessos, sendo resultantes da introgressão de alelos entre diferentes variedades botânicas (MACEDO et al., 2016 e AMORIM et al., 2017).

De forma geral, a época II (2020) favoreceu a maioria das características, com exceção do teor de sólidos solúveis. Vale ressaltar que os subacessos da variedade *momordica* se destacaram para a precocidade e para as características relacionadas ao tamanho do fruto (MF, DF, CF, DC, CC e EP), além disso, apresentaram uma boa prolificidade (Tabela 2),

mostrando-se uma variedade botânica importante para o processo de seleção que visem melhoria nessas características.

Os subacessos não identificados quanto às variedades botânicas se destacaram como entre os mais prolíficos (Tabela 2), com grande expressão para os subacessos BGMEL108.3 e BGMEL 108.5, porém apresentaram frutos pequenos e baixo teor de sólidos solúveis. Os subacessos da variedade *makuwa* também se mostraram prolíficos e possuem progênies com elevados teores de sólidos solúveis, com destaque para os subacessos (BGMEL66.0, BGMEL111.0 e BGMEL112.0), com frutos pequenos e uma boa prolificidade, o que pode constituir uma novidade no mercado. A testemunha (variedade comercial) apresentou baixa prolificidade e frutos de tamanho médio, com baixos teores de sólidos solúveis, sob as mesmas condições de cultivo.

Quanto aos coeficientes de variação experimental, a partir dos dados da análise conjunta (Tabela 3), notou-se variações de 5,40 a 57,38 para a precocidade e prolificidade, respectivamente. Ao observar os valores do F max, verificou uma variação de 1,03 a 4,01. A alta variabilidade observada entre os subacessos é parcialmente devido às diferenças existentes entre plantas dentro de cada subacesso. Os estudos realizados com germoplasma de meloeiro revelam a grande variação observada entre acessos (DANTAS et al. 2012; ARAGÃO et al. 2013; TRIMECH et al. 2013; YILDIZ et al. 2014 e ANDRADE et al. 2019) e entre plantas dentro dos acessos (AMORIM et al. 2016 e MACÊDO et al. 2017).

**Tabela 3:** Análise de variância conjunta entre subacessos de melão da agricultura familiar.

FV	GL	QM								
		PREC	MF	DF	CF	DC	CC	EP	SS	PROL
G	27	12,99**	32,90**	22,70**	57,90**	12,00**	57,12**	19,64**	17,51**	10,18**
A	1	7,85ns	3,99ns	2,38ns	4,84ns	2,02ns	5,56ns	9,38ns	14,68ns	6,69*
GxA	27	3,71**	5,33**	2,72**	3,52**	1,80*	2,97**	3,06**	2,04**	1,04ns
RES		9,77	0,04	0,94	3,31	0,48	2,64	0,09	0,63	3,58
CV		5,40	25,41	9,63	11,20	13,08	12,83	13,91	14,11	57,38
M		57,82	0,84	10,09	16,25	5,33	12,65	2,18	5,64	3,29
F MAX		4,01	1,03	1,68	1,31	2,87	1,97	1,57	1,21	1,03

FV: Fonte de Variação; GL: Graus de Liberdade; PREC: precocidade; MF: massa do fruto; DF e CF: diâmetro e comprimento do fruto; DC e CC: diâmetro e comprimento da cavidade; EP: espessura de polpa e SS: sólidos solúveis (°Brix); PROL: prolificidade; G: Genótipo; A: Ambiente; GxA: interação Genótipo x Ambiente; CV: Coeficiente de Variação; M: média; Fmax: relação entre o maior e menor quadrado médio do resíduo; \*\*, \* = significativo a 1% e 5% de significância, respectivamente; ns = não significativo.

A análise de variância conjunta (Tabela 3) revelou que o efeito do genótipo foi altamente significativo a  $p \leq 0,01$  para todas as variáveis, enquanto o efeito do ambiente foi não significativo, com exceção da prolificidade. Os dados da interação G x A, estes também se mostraram significativos para quase todas as variáveis, exceto a prolificidade.

A superioridade das estimativas dos efeitos genéticos sobre o ambiental é indicativa de que os fatores genéticos exerceram uma maior influência sobre o fenótipo observado. Entretanto, a significância na interação G x A para 88,8% das características avaliadas, é indicativo de que o desempenho dos subacessos apresentaram comportamento não coincidente entre os ambientes, ou seja, os fatores previsíveis e imprevisíveis (BORÉM; MIRANDA, FRITSCHÉ-NETO, 2017) também atuaram na expressão do fenótipo. Contudo, os dados de temperatura nas duas épocas de cultivo foram semelhantes, com temperaturas médias variando de 27,46 °C a 28,03 °C e 26,56°C a 27,28°C para o ano de 2019 e 2020, respectivamente. Quanto aos dados de precipitações pluviométricas houve uma pequena mudança entre as épocas, com precipitações de 0,26 a 5,27 mm e 1,19 a 9,15 mm para os dois anos de avaliação, respectivamente (AGRITEMPO, 2021).

Com base nos parâmetros genéticos, foram observados elevados valores de herdabilidade, com estimativas superiores a 83% para todos os caracteres avaliados, com destaque para os caracteres relacionados ao tamanho do fruto (comprimento do fruto, comprimento da cavidade e massa do fruto) (Tabela 4). Estes resultados evidenciam grande chance de sucesso na seleção desses caracteres, pois o fenótipo observado foi influenciado majoritariamente pelo efeito genético. Vale destacar que os subacessos BGMEL 77.1 e 87.1 (variedade *momordica*) e BGMEL 87.3 (variedade não definida) se destacaram para essas características (Tabela 2), mostrando-se promissores para o processo de seleção que visem a aumento no tamanho do fruto.

Resultados inferiores foram observados por Valadares et al. (2017) para as características MF (86,00%) e CF (93,00%), ao estudarem a herdabilidade para 23 acessos de melão do grupo *momordica*. Contudo, essa diferença pode ser atribuída aos fatos de se ter um outro conjunto de genótipos e do experimento mencionado ter sido realizado em casa de vegetação, onde é possível um maior controle sobre o efeito do ambiente. Aragão et al. (2015), estudando famílias de melão, encontraram herdabilidades inferiores aos dessa pesquisa para todos os caracteres avaliados.

Os valores estimados de variância genética, fenotípica e ambiental (Tabela 4), permitem inferir que a variação genética ( $\sigma^2_g$ ) foi superior à variação ambiental ( $\sigma^2_E$ ) para todos os caracteres avaliados. Com isso, pode-se dizer que na expressão do fenótipo predominam os efeitos genéticos, indicando grandes chances das características fenotípicas se expressarem após a seleção para uso em programas de melhoramento, pois quanto maior a contribuição genética, maiores são as possibilidades de ganho genético com a seleção (FREITAS et al., 2009). No entanto, observa-se a ocorrência de variações entre as diferentes

épocas de cultivo, com dados expressivos para a precocidade, prolificidade, comprimento do fruto e comprimento da cavidade.

**Tabela 4:** Parâmetros genéticos para os diversos caracteres avaliados nos subacessos de melão da agricultura familiar do Nordeste brasileiro.

Parâmetros genéticos								
Caracteres	Ano	$\sigma^2_F$	$\sigma^2_E$	$\sigma^2_G$	$h^2(\%)$	$CV_g(\%)$	$CV_e(\%)$	$(CV_g/CV_e)$
PREC	19	46,45	5,22	41,23	88,76	10,72	6,61	1,62
	20	0,03	0,005	0,02	83,31	2,24	1,73	1,29
PROL	19	0,26	0,03	0,22	85,54	26,88	19,2	1,40
	20	7,50	1,17	6,33	84,34	61,64	46,00	1,34
MF	19	0,02	0,001	0,02	93,07	11,75	5,56	2,11
	20	0,04	0,001	0,04	95,97	14,73	5,22	2,82
DF	19	4,01	0,39	3,61	90,11	19,45	11,17	1,74
	20	4,01	0,23	3,77	94,15	18,63	8,06	2,31
CF	19	29,56	0,95	28,61	96,77	34,93	11,05	3,16
	20	38,32	1,25	37,06	96,71	35,39	11,29	3,13
DC	19	0,05	0,008	0,04	83,86	8,38	6,39	1,31
	20	0,81	0,08	0,72	89,63	15,67	9,27	1,69
CC	19	23,57	0,59	22,98	97,48	40,55	11,29	3,59
	20	0,46	0,01	0,44	95,79	17,75	6,45	2,75
EP	19	0,23	0,02	0,21	89,93	23,15	13,45	1,72
	20	0,03	0,002	0,02	92,45	9,35	4,62	2,02
SS	19	2,35	0,23	2,12	90,12	24,12	13,86	1,74
	20	1,78	0,19	1,59	89,29	24,03	14,47	1,66

$\sigma^2_F$ : variação fenotípica;  $\sigma^2_A$ : variação ambiental;  $\sigma^2_G$ : variação genética;  $h^2(\%)$ : herdabilidade;  $CV_g(\%)$ : coeficiente de variação genético;  $CV_e(\%)$ : coeficiente de variação ambiental;  $(CV_g/CV_e)$ : razão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental; GS(%): ganho de seleção; MF: massa do fruto (kg); PREC: precocidade; PROL: prolificidade DF: diâmetro do fruto (cm); CF: comprimento do fruto (cm); DC: diâmetro da cavidade (cm); CC: comprimento da cavidade (cm); EP: espessura de polpa e SS: sólidos solúveis ( $^{\circ}$ Brix).

Quanto aos valores dos coeficientes de variação, notou-se que os coeficientes de variação genética oscilaram de 2,24% a 61,64%, mostrando-se superiores aos coeficientes de variação ambiental para todos os caracteres avaliados (Tabela 4). Também se verificou que os menores coeficientes de variação genética foram observados para a precocidade dos frutos, enquanto as maiores estimativas foram observadas para a prolificidade, comprimento da cavidade, comprimento do fruto e sólidos solúveis. Valadares et al. (2017), trabalhando com acessos de melão da variedade botânica *momordica*, observaram os maiores coeficientes de variação para o tamanho da cicatriz do pistilo (72,04) e teor de sólidos solúveis (55,34). Já Ferreira et al. (2016) em seus estudos com acessos de abóbora notaram os maiores coeficientes de variação genética para a massa do fruto e prolificidade. Por outro lado, os maiores coeficientes de variação ambiental também foram observados para a prolificidade e o teor de sólidos solúveis, o que é indicativo de que essas características foram altamente influenciadas pelos fatores ambientais.

Em relação ao coeficiente de variação genético/ambiental foram observados valores  $>1$  para todos os caracteres (Tabela 4). Quando a razão coeficiente de variação genético/coeficiente da variação ambiental apresenta valor igual ou superior a unidade e os valores da herdabilidade são superiores a 80%, indica-se condições favoráveis para a seleção (CRUZ et al. 2012). Tal situação foi observada para todas as características avaliadas, indicando grandes chances de sucesso com a seleção. Valadares et al. (2017) ao realizarem o estudo com acessos de melão da variedade *momordica*, em casa de vegetação, notaram razões inferiores a unidade para espessura de polpa e a massa do fruto. Aragão et al. (2015) também observaram resultados inferiores para os caracteres de qualidade de frutos ao estudarem famílias de meloeiro.

## CONCLUSÕES

- 1- Há variabilidade genética entre os subacessos, com predominância dos efeitos genéticos sobre os ambientais, o que indica ser possível obter ganhos genéticos para o melhoramento de várias características de interesse agrônômico.
- 2- Os subacessos BG MEL 66.0, BG MEL 111.0 e BG MEL 112.0 pertencentes a variedade *makuwa* constituem uma importante fonte de germoplasma visando obter frutos pequenos, com uma boa prolificidade e elevado teor de sólidos solúveis. No entanto, os subacessos BG MEL 108.3 e 108.5 (variedades botânicas não definidas) podem fornecer progênies de elevada prolificidade.
- 3- Os subacessos da variedade *momordica* podem ser utilizados para extração de progênies em programas de melhoramento que visem diminuir o ciclo da cultura e aumentar o tamanho do fruto.

## REFERÊNCIAS

- AGRITEMPO. **Sistema de monitoramento agrometeorológico**. Disponível em: <http://www.agritempo.gov.br/agritempo/jsp/Estatisticas/index.jsp?siglaUF=BA>. Acesso em: 23 de fevereiro de 2021.
- AMORIM, C. C. et al. Morphological diversity and identification of accessions of melon. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, p. 3622-3632, 2016. [http://doi:10.5897/AJAR2016.11211](http://doi.org/10.5897/AJAR2016.11211).
- ANDRADE, C. A. et al. Morphoagronomic genetic diversity of Brazilian melon accessions based on fruit traits. **Scientia Horticulturae**, v. 243, p. 514–523, 2019. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2018.09.006>.
- ARAGÃO, F. A. S. et al. Genetic divergence among accessions of melon from traditional agriculture of the Brazilian Northeast. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, p. 6356-6371, 2013. <http://dx.doi.org/10.4238/2013.December.6.3>.
- ARAGÃO, F. A. S.; NUNES, G. H. S.; QUEIRÓZ, M. A. Genotype x environment interaction of melon families based on fruit quality traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, p. 79-86, 2015. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332015v15n2a15>
- BÓREM, A.; MIRANDA, G.V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7<sup>a</sup>. ed. UFV, Viçosa, MG, 2017. 543p.
- CRUZ, C.D.; REGAZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 4. Ed. Viçosa: UFV, 2012. 514p.
- CRUZ, C.D. **Genes**: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*. 2013. P. 271-276.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S; REGAZI, A. J. **Modelos biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 3 ed. Viçosa: UFV, 2014. 668p.
- DANTAS, A. C. et al. Caracterização molecular de acessos de melão coletados no Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 34, n. 1, p. 183-189, 2012.
- FERREIRA, M. G. et al. Parâmetros genéticos, dissimilaridade e desempenho *per se* em acessos de abóbora. **Horticultura Brasileira** v. 34, p. 537-546, 2016. DOI - <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620160413>
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística – **IBGE**. Produção agrícola municipal. Brasília: IBGE. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1612>>. Acesso em: 12 outubro 2020.
- IPGRI. **Descriptors for melon (*Cucumis melo* L.)**. Rome: IPGRI, 2003.
- MACÊDO, S. S. Botanical identification and genetic diversity in melons from family farming in the state of Maranhão. **Revista Caatinga**, v. 30, p. 602 – 613, 2017. <https://doi.org/10.1590/1983-21252017v30n308rc> .

- PITRAT, M.; HANELT, P.; HAMMER, K. Some comments on interspecific classification of cultivars of melon. **Acta Horticulturae**, v. 510, p. 29-36, 2000. <http://doi:10.17660/ActaHortic.2000.510.4>
- PITRAT, M. Phenotypic diversity in wild and cultivated melons (*Cucumis melo*). **Plant Biotechnology**, v. 30, p. 273–278, 2013.
- QUEIRÓZ, M. A., BARBIERI, R. L.; SILVA, R. A. M. Ocorrência de variabilidade genética em plantas exóticas no Brasil. In: VEIGA, R. F. A; QUEIRÓZ, M. A. (Eds.). **Recursos Fitogenéticos: A base da agricultura sustentável no Brasil**. 1ª Ed. Brasília, DF: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos. 2015. p. 135-147.
- TRIMECH, R. et al. Genetic variation in Tunisian melon (*Cucumis melo* L.) germplasm as assessed by morphological traits. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 60, p. 1621–1628, 2013. <http://doi.org/10.1007/s10722-013-9991-2>.
- VALADARES, R. N. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações em acessos de melão do grupo *momordica*. **Horticultura Brasileira**, v. 35, p. 557-563, 2017. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620170413>.
- YILDIZ, M.; AKGUL, N.; SENSOY, S. Morphological and Molecular Characterization of Turkish Landraces of *Cucumis melo* L. **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici**, v. 42, p. 51-58, 2014. <http://doi:10.15835/NBHA4219452>.

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

O germoplasma de melão da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro expressou uma ampla variabilidade entre e dentro dos subacessos para todas as características avaliadas em ambas as gerações e ambientes.

Existem diversos tipos de agrupamentos, mas os métodos de UPGMA e Tocher foram mais eficazes para estimar a diversidade genética dentro da amostra de melões da agricultura familiar que foram analisadas, conseguindo distinguir melhor as variedades botânicas presentes na amostra.

Os efeitos genéticos sobressaíram-se aos ambientais, sendo possível obter ganhos genéticos para o melhoramento de algumas características de interesse agrônomo, mostrando o potencial dos mesmos para uso em programas de melhoramento.

Nesta alta variabilidade foi possível identificar subacessos que poderão ser inseridos em programas de melhoramento que visem obter frutos pequenos, com uma boa prolificidade, elevado teor de sólidos solúveis (BGMEL66.0, BGMEL111.0 e BGMEL112.0) ou que busquem reduzir o ciclo da cultura e aumentar o tamanho dos frutos (BGMEL10.0, BGMEL68.1, BGMEL77.1 e BGMEL87.1)