



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

NICKSON FERNANDES DE OLIVEIRA CARVALHO

**CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE
NO SISTEMA RADICULAR DO MELOEIRO**

MOSSORÓ

2022

NICKSON FERNANDES DE OLIVEIRA CARVALHO

**CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE
NO SISTEMA RADICULAR DO MELOEIRO**

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

Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético

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

MOSSORÓ

2022

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

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Biblioteca Central Orlando Teixeira (BCOT)
Setor de Informação e Referência (SIR)

C331c Carvalho, Nickson Fernandes de Oliveira.
Caracterização morfológica e diversidade genética com base no sistema radicular do meloeiro / Nickson Fernandes de Oliveira Carvalho. - 2022.
43 f. : il.

Orientador: Glauber Henrique de Sousa Nunes.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural do Semi-árido, Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, 2022.

1. Cucumis melo. 2. Morfologia radicular. 3. Variabilidade genética. I. de Sousa Nunes, Glauber Henrique, orient. II. Título.

Ficha catalográfica elaborada por sistema gerador automático em conformidade com AACR2 e os dados fornecidos pelo autor (a).

Biblioteca Campus Mossoró / Setor de Informação e Referência
Bibliotecária: Keina Cristina Santos Sousa e Silva

CRB: 15/120

NICKSON FERNANDES DE OLIVEIRA CARVALHO

**CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE
NO SISTEMA RADICULAR DO MELOEIRO**

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

Linha de Pesquisa: Melhoramento Vegetal

Defendida em: 18/02/2022

BANCA EXAMINADORA

Glauber Henrique de Sousa Nunes

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

Welder Lopes

Welder de Araújo Rangel Lopes, Prof. Dr. (UFERSA)
Membro Examinador

José Hamilton da Costa Filho

José Hamilton da Costa Filho, Prof. Dr. (UFRN)
Membro Examinador

Stefeson B.M.

Stefeson Bezerra de Melo, Prof. Dr. (UFERSA)
Membro Examinador

*Aos meus avós, à minha mãe, meu pai e meus irmãos,
meus bens mais preciosos.*

Dedico

AGRADECIMENTOS

Agradeço em primeiro lugar à minha família por sempre me incentivar aos estudos, à leitura e ao conhecimento. Sinto-me privilegiado e agradecido em ter recebido toda a educação que puderam me proporcionar. Agradeço também pelo apoio incondicional em todos os momentos difíceis. Amo vocês!

Ao meu orientador, Prof. Dr. Glauber Henrique, por me receber em seu grupo de estudos GERMEV, por todo o suporte na condução da pesquisa e por todos os momentos em que precisei tirar minhas dúvidas.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao Prof. Dr. José Hamilton, por ter aceitado me orientar na parte prática da pesquisa na Escola Agrícola de Jundiá - UFRN, por ceder seu laboratório e seus bolsistas de iniciação científica, Eudes e Maxcielle, para me auxiliarem na instalação e condução do experimento.

Ao Prof. Dr. Stefeson Bezerra, pelas colaborações na estatística do trabalho e por sanar minhas dúvidas.

Ao Prof. Dr. Márcio Dias, por ceder seu laboratório e equipamentos, que foram extremamente necessários ao desenvolvimento da minha pesquisa. Agradeço também a Patrícia, que sempre esteve disponível para me auxiliar.

Ao Prof. Dr. Aurélio Vaz-de-Melo, que, por meio de ligações e videochamadas, se disponibilizou a tirar minhas incontáveis dúvidas sobre a metodologia da pesquisa.

A Lucas Vale, por não sair do meu lado e não me deixar desistir quando eu pensei que daria tudo errado.

Aos meus colegas da Pós-Graduação – Isaac, Jhonny, Karla, Rayanna, Rose e Vall, muito obrigado pelo apoio nos momentos difíceis e pela ajuda mútua durante essa caminhada.

Ao Prof. Dr. Welder Rangel, por todo o apoio e amizade durante esse período tão importante para mim.

Aos amigos Deivison Pedroza, Gabriel Bezerra, Geovanna Nóbrega e Mateus Carvalho, pelo auxílio nas análises laboratoriais, e aos amigos Mayna Buccos e Vinícius, por simplesmente serem quem eles são.

Por fim, gostaria de agradecer à banca examinadora pelas valiosas contribuições neste trabalho.

Muito obrigado a todos!

Mesmo que você não esteja pronto para o dia,
não poderá ser noite para sempre.

Ye (Kanye West)

CARVALHO, Nickson Fernandes de Oliveira. **Caracterização morfológica e diversidade genética com base no sistema radicular do meloeiro**. 2022. 47f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2022.

RESUMO

Os estudos da arquitetura do sistema radicular das plantas podem gerar informações úteis aos programas de melhoramento genético visando a desenvolver cultivares com maior eficiência na aquisição de água e nutrientes em ambientes desuniformes. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi caracterizar, com base em descritores morfológicos, o sistema radicular e avaliar a diversidade genética entre trinta acessos da Coleção de Germoplasma de melão da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA). Para tanto, foi realizado um experimento disposto no delineamento inteiramente casualizado, com 30 tratamentos e cinco repetições. Após as sementes germinarem em papel germitest, foram selecionadas por acesso cinco plântulas com radícula de aproximadamente 3 cm, para serem fixadas em excisas de crescimento, onde foram mantidas durante doze dias. Ao término desse período, elas foram escaneadas e, em seguida, foram realizadas medições no comprimento da raiz primária, diâmetro do colo da raiz primária e os pelos radiculares foram avaliados visualmente. Por fim, com o auxílio do *software* para edição de imagens “Photoshop CS6 v13.0”, foram mensurados os ângulos das raízes basais. A divergência genética foi avaliada por meio de procedimentos multivariados: distância Euclidiana, método de agrupamento UPGMA e K-means. Os acessos foram agrupados de forma satisfatória em cinco grupos por meio dos métodos de análise de agrupamento. O diâmetro do colo da raiz primária foi a característica que mais contribuiu para a dissimilaridade entre os acessos (43,06%). O acesso A-50, de forma geral, se destacou por apresentar as maiores médias para as características morfológicas avaliadas, podendo ser utilizado como fonte de alelos em programas de melhoramento genético que tenham por objetivo produzir cultivares com maior eficiência na aquisição de água e nutrientes.

Palavras-chave: *Cucumis melo*; morfologia radicular; variabilidade genética.

CARVALHO, Nickson Fernandes de Oliveira. **Morphological characterization and genetic diversity based on the melon root system.** 2022. 47p. Dissertation (Masters in Phytotechnics) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2022.

ABSTRACT

Studies about the root system architecture of plants can produce useful information for genetic improvement programs aiming to develop cultivars with greater efficiency in acquiring water and nutrients in non-uniform environments. The objective of this experiment was to characterize, based on morphological descriptors, the root system and to evaluate the genetic diversity among thirty accessions of the Melon Germplasm Collection of Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), in a completely randomized design experiment, with five repetitions. After the seeds germinated on germitest paper, five seedlings with a radicle of approximately 3 cm were selected, per accession, to be fixed in growth exsiccates, where they were kept for twelve days. At the end of this period, they were scanned and, then, measurements were taken on the length of the primary root, diameter of the primary root neck and root hairs were visually evaluated. Lastly, with image assist of editing software “Photoshop CS6 v13.0”, the angles of basal roots were measured. Genetic divergence was evaluated using multivariate procedures: Euclidean distance, UPGMA *clustering* method and K-means. The accessions were successfully sorted into five groups using *cluster* analysis methods. The diameter of the primary root neck was the characteristic that most contributed to the dissimilarity between accessions (43.06%). The A-50 accession, in general, stood out for presenting the highest averages for morphological characteristics evaluated, and can be used as a reference in genetic improvement programs that aim to produce cultivars with greater efficiency in the acquisition of water and nutrients.

Keywords: *Cucumis melo*; root morphology; genetic variability.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** A - Sistema radicular de uma dicotiledônea; B - Sistema radicular de uma monocotiledônea. Fonte: Rosado (2012).....20
- Figura 2.** Variação do ângulo da raiz basal no sistema radicular do feijoeiro. Fonte: Ge et al. (2000).21
- Figura 3.** A: Sementes de melão uniformemente distribuídas sobre papel germitest após terem sidas desinfetadas em hipoclorito de sódio (0,5%). B: Rolos de papel germitest contendo as sementes para germinação. Fonte: Acervo pessoal.24
- Figura 4.** Exsiccatas fixadas verticalmente nos aquários contendo solução de água destilada. Fonte: Acervo pessoal.24
- Figura 5.** Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir da matriz de distâncias euclidianas entre trinta acessos de meloeiro para características morfológicas da raiz. CR: Comprimento da raiz primária no décimo segundo dia (cm); DR: Diâmetro do colo da raiz primária (mm); NPR: Notas de pelos radiculares (escala de 0 a 10); ANG: Ângulo médio entre o eixo vertical de crescimento da plântula com as raízes laterais basais (graus). Coeficiente de correlação cofenética ($r = 0,80^{**}$).....31
- Figura 6.** Distribuição dos *clusters* formados por trinta acessos de meloeiro definidos pelo método de agrupamento K-Means.....32
- Figura 7.** Médias dos *clusters* formados pelo método de agrupamento K-Means para as características: comprimento da raiz primária no décimo segundo dia (CR - cm); diâmetro do colo da raiz primária (DR - mm); escala de notas para pelos radiculares; ângulo médio entre o eixo vertical de crescimento da plântula com as raízes laterais basais (graus).33

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Classificação botânica dos acessos utilizados no experimento.	23
Tabela 2. Resumo da análise de variância e coeficiente de variação (CV%) das características: comprimento da raiz primária no décimo segundo dia (CR - cm); diâmetro do colo na raiz primária (DR - mm); escala de notas para pelos radiculares no sistema radicular (0 – 10); ângulo médio entre o eixo vertical de crescimento da plântula com as raízes laterais basais (graus).	26
Tabela 3. Médias de comprimento da raiz primária no décimo segundo dia (CR - cm); diâmetro do colo da raiz primária (DR - mm); Notas de pelos radiculares (NPR – escala de 0 a 10); ângulo médio entre o eixo vertical de crescimento da plântula com as raízes laterais basais (graus).	29
Tabela 4. Análise de variância multivariada (MANOVA) das características: comprimento da raiz primária no décimo segundo dia (CR - cm); diâmetro do colo da raiz primária (DR - mm); escala de pelos radiculares; ângulo médio entre o eixo vertical de crescimento da plântula com as raízes laterais basais (graus).	30
Tabela 5. Contribuição das características morfoagronômicas de raiz para a divergência genética entre acessos de meloeiro.	34

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	12
2 REVISÃO DE LITERATURA	14
2.1 ASPECTOS GERAIS DO MELOEIRO.....	14
2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DO MELOEIRO	16
2.3 DIVERSIDADE GENÉTICA.....	17
2.4 SISTEMA RADICULAR	19
2.4.1 Arquitetura do sistema radicular	20
3 MATERIAL E MÉTODOS	23
3.1 LOCAL	23
3.2 DELINEAMENTO EXPERIMENTAL E TRATAMENTOS	23
3.3 CONDUÇÃO DO EXPERIMENTO.....	23
3.4 CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS ANALISADAS	25
3.5 ANÁLISES ESTATÍSTICAS.....	25
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
5 CONCLUSÕES	35
REFERÊNCIAS	36

1 INTRODUÇÃO

O melão (*Cucumis melo L.*) é uma hortaliça pertencente à família Cucurbitaceae com origem na Ásia Central e África (SANABRIA-VERÓN *et al.*, 2019). É uma espécie comercialmente importante no mundo inteiro (DANTAS *et al.*, 2012), caracterizada por se adequar a diferentes ambientes com alta temperatura, luminosidade e baixa umidade relativa (MEDEIROS *et al.*, 2012).

Nos últimos anos, seu cultivo ganhou destaque no mercado agrícola brasileiro devido ao aumento das áreas cultivadas, à adoção de novas tecnologias e incremento na produção (SEAGRI, 2016). O Nordeste brasileiro tem expressiva participação, sendo responsável por mais de 95% da produção nacional e exportação, com destaque para os Agropolos Mossoró-Assú e Vale Baixo Jaguaribe, situados no Rio Grande do Norte e Ceará, respectivamente (NUNES *et al.*, 2016).

Além do seu elevado valor econômico, é considerada a espécie mais polimórfica do gênero *Cucumis*, apresentando ampla variabilidade genética na folha, flor e fruto (ARAGÃO *et al.*, 2013; NUNES *et al.*, 2016), o que motiva a realização de estudos sobre diversidade. A análise da diversidade genética é uma etapa importante no melhoramento de espécies agronômicas, pois permite identificação prévia de genótipos divergentes para utilização em futuros cruzamentos (SILVEIRA *et al.*, 2021).

Frequentemente os estudos encontrados na literatura sobre diversidade genética e caracterização morfoagronômica do meloeiro estão ligados às características de produtividade (ARAGÃO *et al.*, 2013; DANTAS *et al.*, 2015; GOMES *et al.*, 2021; MACÊDO *et al.*, 2017). Contudo, observa-se que os caracteres de raiz são pouco estudados nesse sentido. A arquitetura do sistema radicular também está ligada ao aumento da produtividade em culturas agrícolas, uma vez que características morfológicas de raízes como comprimento, diâmetro, densidade e ângulo podem influenciar diretamente a exploração espacial do solo e no processo de absorção de água e nutrientes em ambientes desuniformes (MAUAD *et al.*, 2012; VAZ-DE-MELO *et al.*, 2013).

A importância de se realizar trabalhos que analisem a arquitetura do sistema radicular está em obter informações que possam auxiliar programas de melhoramento genético, com o objetivo de desenvolver cultivares que tenham maior eficiência na exploração do solo para aquisição de água e nutrientes (SILVA *et al.*, 2016). Entretanto, na literatura existe apenas um trabalho que analisa a diversidade genética a partir de características morfológicas do sistema radicular de meloeiro.

Com base nas considerações anteriores, o objetivo do trabalho foi caracterizar, de acordo com descritores morfológicos, o sistema radicular e avaliar a diversidade genética entre acessos da Coleção de Germoplasma de melão da Universidade Federal Rural do Semi-Árido.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 ASPECTOS GERAIS DO MELOEIRO

O melão é um fruto amplamente consumido e de grande popularidade em todo o mundo (VARGAS *et al.*, 2021). Não se sabe ao certo o centro de origem da espécie. Grande parte dos autores considera que a forma selvagem do meloeiro tem origem na África, onde se encontram ainda muitas das espécies não cultivadas pertencentes ao gênero *Cucumis* (AKASHI *et al.*, 2001). No entanto, outros autores apontam a Ásia Central e Oriente Médio como seu provável centro de origem por volta de 1500 a 2000 a.C. Devido à sua exploração, foram formados centros de origem secundários com maior diversidade botânica, como a Índia, Irã, Afeganistão, Turquia e China (KARCHI, 2000; SANABRIA-VERÓN *et al.*, 2019).

É uma espécie que apresenta plantas anuais, herbáceas, de caule prostrado, sulcado, não aculeado com número de hastes ou ramificações variáveis e, dependendo do cultivar, esses ramos podem alcançar até três metros de comprimento. As folhas são alternadas simples, possuindo o limbo completo (KIRKBRIDE, 1993). Seu sistema radicular é ramificado, vigoroso e pouco profundo, concentrado nos primeiros 20 a 30 cm do solo (GÓMEZ-GUILLAMÓN *et al.*, 1993; MATHEW *et al.*, 1986). As flores masculinas são axilares e agrupadas em uma inflorescência tipo cacho, ao passo que as hermafroditas são dispostas de forma solitária (GÓMEZ-GUILLAMÓN *et al.*, 1985). Os frutos do meloeiro podem ser resultado da polinização cruzada, autopolinização, ou de ambas simultaneamente (LENZI *et al.*, 2005). Apresentam grande variabilidade em relação ao tamanho e formato, podendo ser arredondado, achatado ou até mesmo cilíndrico. Também pode ser observada variação na casca com relação à textura, lisa ou rendilhada. O fruto também possui variação na coloração da polpa e aroma característico (ARRUDA, 2002).

A ampla variedade fenotípica observada na cultura fez com que os botânicos indicassem uma classificação intraespecífica. Naudin (1859), estudando uma coleção com 2.000 espécimes, dividiu a espécie *Cucumis melo* em dez variedades (PITRAT *et al.*, 2000). Posteriormente, Munger; Robinson (1991) simplificaram a classificação feita por Naudin, dividindo a espécie em uma variedade selvagem chamada *Agrestis* e outras seis variedades: *Cantaloupensis*, *Inodorus*, *Conomon*, *Dudaim*, *Flexuosus* e *Momordica*. Atualmente, a classificação proposta por Robinson; Dereck-Walters (1997), que divide a espécie nas seis variedades descritas anteriormente, é a mais utilizada na literatura.

Para facilitar o processo de comercialização final do fruto, os melões com características semelhantes entre si são separados em grupos, dando origem a uma classificação comercial denominada “tipo” (Mc CREIGHT *et al.*, 1993). Assim, no Brasil os principais tipos de melão comercializados são: Amarelo, Pele de Sapo, Honey Dew, Cantaloupe, Gália e Charentais (ARAGÃO, 2011).

As condições climáticas são fatores preponderantes na produção da cultura. O meloeiro tem seu cultivo favorecido em ambientes com alta temperatura (25-35°C), alta luminosidade (2500-3000 hs/ano), baixa umidade relativa (65-75%) e baixa precipitação anual (<600 mm/ano). Os solos precisam ser férteis, de textura média e bem drenados. Essas condições, associadas à utilização de irrigação e o incremento de alta tecnologia, propiciam o cultivo de áreas extensas, permitindo uma produtividade de frutos com elevada qualidade para exportação (CAVALCANTE NETO *et al.*, 2020; COSTA *et al.*, 2000). Além disso, vale salientar que o Brasil é favorecido devido à produção nacional ocorrer na entressafra de outros países, fazendo com que a procura pelo produto brasileiro aumente (VARGAS *et al.*, 2021).

É uma cultura de grande importância econômica para o país, com produção de 613.933 toneladas, área plantada de 24.137 hectares e com valor de produção de R\$ 623.952.000 em 2020 (IBGE, 2021), fazendo o Brasil ocupar a 12ª posição entre os maiores produtores do mundo (FAO, 2020). Apenas no primeiro trimestre de 2020, o melão foi a fruta mais exportada do país, sendo enviadas mais de 75 mil toneladas (ABRAFRUTAS, 2020). Os híbridos pertencentes às variedades *Inodorus* e *Cantaloupensis* são os mais produzidos, com destaque para os melões do tipo amarelo, Orange Fresh e pele de sapo, que juntos respondem por mais de 84% das exportações de melão (NUNES *et al.*, 2011), destinadas principalmente aos mercados europeu e dos Estados Unidos da América. Os produtores estimam um incremento na taxa de exportação devido às negociações com o mercado chinês ainda em 2020 (VARGAS *et al.*, 2021).

O Nordeste brasileiro, por apresentar condições edafoclimáticas propícias ao cultivo do meloeiro, se destaca por concentrar a maior parte da produção nacional, fornecendo mais de 95% dela. Os Estados do Rio Grande do Norte e o Ceará são os principais produtores, contribuindo com 46,6% e 35%, respectivamente, sendo os polos irrigados de Mossoró – Assú (RN) e Baixo do Jaguaribe (CE) seus maiores centros de expressão (MENEZES *et al.*, 2001). Dessa forma, a cadeia de produção, que vai desde o plantio até os processos de pós-colheita e comercialização do fruto, gera impacto socioeconômico significativo nas regiões produtoras (SANTOS *et al.*, 2014) por utilizar grande número de trabalhadores. Ao longo do

ano, estima-se que sejam gerados mais de 60.000 empregos direta e indiretamente (CARVALHO *et al.*, 2017; NUNES *et al.*, 2016).

O fruto do meloeiro é considerado bastante refrescante por ser composto basicamente por água e pouco calórico (SILVA, 2001). Seu consumo é de forma *in natura*, como ingrediente de saladas de frutas ou até mesmo suco. Do ponto de vista nutricional, o consumo do fruto é indicado por apresentar benefícios, podendo suprir totalmente as exigências em vitaminas A e C, além de ser fonte de açúcar, fibras, cálcio, iodo e potássio. Do ponto de vista medicinal, por sua vez, o fruto apresenta propriedades como calmante, oxidante e diurético (EMBRAPA, 2017).

2.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DO MELOEIRO

O melhoramento de plantas é, antes de tudo, a estratégia mais eficaz no aumento da produtividade de alimentos de forma ecológica e responsável. Por meio do melhoramento genético, as culturas agrícolas podem desenvolver adaptação ao ambiente de cultivo, trazendo benefícios para a sociedade, como alimentação de qualidade, fibras e energia. Além de permitir o desenvolvimento de cultivares resistentes ou tolerantes a pragas agrícolas, doenças e a estresses bióticos (BORÉM & MIRANDA, 2013).

Por meio do processo de melhoramento genético vegetal, empresas de iniciativa pública ou privada conseguem desenvolver um sistema produtivo eficiente a ponto de competir com a economia global, bem como atender demandas específicas do mercado (BORÉM; MIRANDA, 2013). No caso do meloeiro, além dos avanços no manejo do solo, uso da irrigação, adubação, práticas fitossanitárias e uso de alta tecnologia, observa-se que a utilização de cultivares melhoradas geneticamente tem incrementado a taxa de produtividade, além de obter frutos com maior qualidade, aumentando sua competitividade no mercado internacional (CARVALHO, 2016).

Historicamente, o melhoramento genético do meloeiro no Brasil ganhou impulso após a Embrapa Hortaliças (CNPq) desenvolver o Programa Nacional de Pesquisas de Hortaliças (PNPH) na década de 80. A partir dos estudos realizados por este programa, obteve-se a cultivar Eldorado-300, caracterizada pela resistência ao vírus do mosaico da melancia (PRSV-w), sendo muito semelhante à cultivar de melão Amarelo valenciano (PESSOA *et al.*, 1988; PAIVA, 1999).

Em 1995 foi observada, por meio de um levantamento técnico das principais dificuldades encontradas pelos produtores de melão do Vale de Assu no Rio Grande do Norte, a necessidade de se utilizar sementes com melhor adaptação às condições do semiárido

(ALVES *et al.*, 1995). Então, no ano seguinte a Embrapa Agroindústria Tropical (CNPAT) deu início às pesquisas para atender à demanda dos produtores locais. Inicialmente, o projeto de melhoramento consistiu no resgate de sementes de melão disponíveis nas unidades da Embrapa e no Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA), além de sementes comerciais. Vale salientar que algumas destas sementes selecionadas já apresentavam fonte de resistência a algumas doenças-chaves no cultivo do melão no Nordeste. Em 1997 a Dra Molly Kill, da Universidade de Cornell, cedeu linhagens de melão para agregar à pesquisa desenvolvida no Brasil. As pesquisas com esses dois bancos de germoplasma tiveram como objetivo final obter híbridos de melão que atendessem tanto o mercado interno quanto o externo, adaptados às condições climáticas do Nordeste, com resistência a doenças e tolerantes à mosca branca (PAIVA, 1999).

Os programas de melhoramento genético levam em consideração as características relacionadas ao ciclo da cultura, resistência às doenças, tolerância às pragas, produtividade e, sobretudo, a qualidade final do fruto. Neste processo, os genótipos precoces de meloeiro são considerados ideais porque agregam valor econômico, possibilitando aos produtores a oferta dos frutos em menor prazo, além de proporcionarem a chance de escape de infestação por pragas ou contaminações por microrganismos (PAIVA *et al.*, 2004). Observa-se que em polos tecnológicos os produtores preferem utilizar sementes híbridas devido às características superiores do fruto, além de obter uniformidade na colheita (CRISÓSTOMO, 2000).

Atualmente, grande parte dos híbridos produzidos no Nordeste é originária de programas de melhoramento genético dos Estados Unidos, Espanha, Holanda e França. Isso motivou a Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), em parceria com a Embrapa, a iniciar um programa de melhoramento do meloeiro com o objetivo de obter híbridos simples adaptados às condições climáticas da região (GUIMARÃES, 2013; NUNES *et al.*, 2011).

2.3 DIVERSIDADE GENÉTICA

A diversidade genética é definida como a distância entre as populações, indivíduos ou organismos, de acordo com características que vão desde aspectos morfológicos, fisiológicos ou bioquímicos até aspectos moleculares (AMARAL JÚNIOR; THIÉBAUT, 1999). Essa variação expressada pelas distâncias genéticas entre as populações ou indivíduos pode ser analisada por meio de um método específico ou pela combinação de mais de um método (MOHAMMADI; PRASANNA, 2003). A escolha da metodologia adequada depende da natureza dos dados, da facilidade da análise e do objetivo final do pesquisador (CRUZ, 2005;

CARVALHO *et al.*, 2003).

O conhecimento prévio da diversidade genética apresenta como principais vantagens a identificação de genes de interesse (MOHAMMADI; PRASANNA, 2003), sem a necessidade de obter prévias combinações híbridas, otimizando tempo e recursos em programas de melhoramento genético (COIMBRA *et al.*, 2001), além de promover a conservação dos Bancos Ativos de Germoplasma e possibilitar o melhor uso e cultivo das espécies agrícolas (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

No estudo da diversidade genética, são empregados procedimentos estatísticos multivariados, de forma que se considere as correlações existentes entre os caracteres avaliados, para distinguir quais são as fontes de variabilidade genética e a importância relativa de cada caractere com relação à divergência total (MOURA *et al.*, 1999), ou seja, a finalidade desses procedimentos estatísticos multivariados é simplificar a observação das distâncias genéticas (CORRÊA; GONÇALVES, 2012).

Os caracteres múltiplos de cada acesso estudado são expressos a partir das medidas de dissimilaridade, que representam a diversidade em relação ao todo (CRUZ e CARNEIRO, 2003). As medidas de dissimilaridade mais utilizadas em estudos de diversidade genética são: a distância euclidiana, o quadrado da distância euclidiana, a distância euclidiana média e a distância generalizada de Mahalanobis (CRUZ *et al.*, 2011), sendo a última mais vantajosa porque explica bem as correlações entre as variáveis (HAIR JR, 2009).

Quando o número de acessos analisados é muito grande, os métodos de agrupamento são mais eficientes nas estimativas da diversidade. Assim, os acessos são reunidos em grupos ou *clusters*, a partir de algum critério de classificação, de forma que exista homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre os grupos (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Os métodos de agrupamento mais utilizados em estudos genéticos são os de otimização e os hierárquicos (CRUZ *et al.*, 2011). Dentre os métodos hierárquicos, o método das medidas da dissimilaridade ponderada (UPGMA) é o mais utilizado e tem como objetivo agrupar os genótipos por meio de um processo que se repete em vários níveis até que se estabeleça um dendrograma com as distâncias. Dentre os métodos de otimização, o de Tocher é um método que se baseia na formação de vários grupos, de forma que as distâncias dentro dos grupos sejam inferiores às distâncias entre os grupos (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Nunes *et al.* (2011), estudando a diversidade genética entre vinte linhagens de melão Pele de Sapo por meio do método de agrupamento de otimização de Tocher e UPGMA, observaram concordância entre os grupos formados por ambos os métodos. Da mesma forma, Neitzke *et al.* (2009), analisando a divergência genética entre 14 variedades crioulas de melão

do Sul do Brasil, verificaram concordância parcial entre os métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA quanto aos grupos formados. Os autores constataram grande variabilidade genética para caracteres de frutos com potencial para uso em programas de melhoramento genético da cultura, com base nos 26 descritores morfológicos de fruto utilizados. Em seu estudo sobre estimativas de dissimilaridade genética, índices de seleção e correlações em germoplasma de meloeiro, Gomes *et al.* (2021) observaram diversidade genética entre os 37 acessos analisados.

2.4 SISTEMA RADICULAR

A formação do sistema radicular é resultante de processos fisiológicos e morfológicos gerados na germinação da semente. A raiz é um importante órgão vegetal responsável pela fixação e sustentação da planta no solo, absorção e condução de água e aquisição de elementos minerais, além de servir como fonte de armazenamento de amido. Suas funções básicas são necessárias para o pleno desenvolvimento e crescimento das plantas (VANCE *et al.*, 2003; GREGORY, 2006; TAIZ; ZAIGER, 2010). Um sistema radicular vigoroso e saudável oferece benefícios para a planta, como a interação com microrganismos benéficos do solo e tolerância a estresses ambientais (FITA *et al.*, 2006).

O sistema radicular possui diferentes classes de raízes, estando, nas plantas monocotiledôneas, dividido em componentes embrionários e pós-embrionários, representados por raízes seminais e nodais, respectivamente (SAENGWILAI *et al.*, 2014). Na literatura, o termo raiz nodal pode ser substituído por coroa, basal ou raiz adventícia. Tanto as raízes seminais quanto as nodais crescem extensivamente formando um sistema radicular fibroso (GONÇALVES e LYNCH, 2014).

O sistema radicular das plantas dicotiledôneas surge com a raiz principal ou primária emergente da semente. As raízes basais surgem lateralmente na base do hipocótilo (GREGORY, 2006). Tanto a raiz primária quanto as raízes basais podem dar origem às raízes laterais, contribuindo no aumento do volume e da exploração do solo (ROSADO, 2012). É possível ainda incluir, para as dicotiledôneas, uma quarta classe de raiz: as adventícias, formadas na parte inferior do hipocótilo, logo acima das raízes basais, crescendo horizontalmente no solo (MILLER *et al.*, 2003). A Figura 1 (A e B) mostra o sistema radicular de dicotiledôneas e monocotiledôneas.

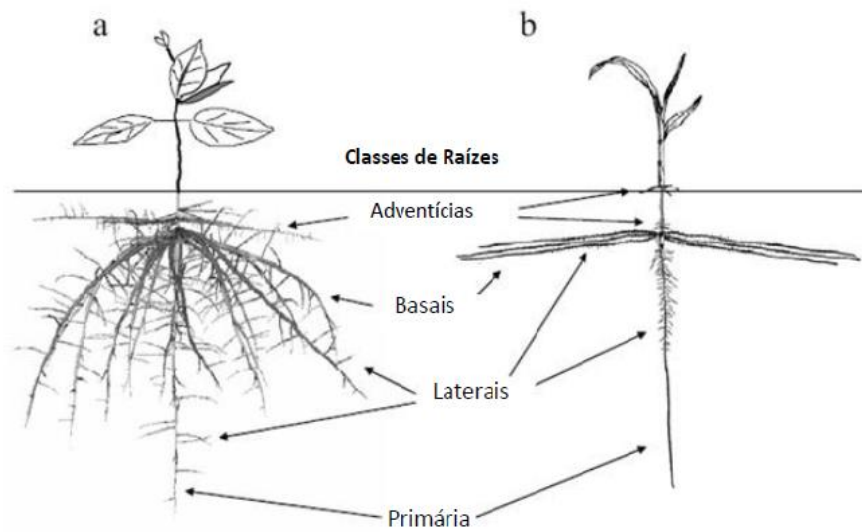


Figura 1. A - Sistema radicular de uma dicotiledônea; B - Sistema radicular de uma monocotiledônea. Fonte: Rosado (2012).

2.4.1 Arquitetura do sistema radicular

A arquitetura da raiz está relacionada à configuração espacial do sistema radicular no solo por meio dos ângulos que são formados entre as diferentes classes de raízes (GONÇALVES; LYNCH, 2014), desempenhando importante papel na exploração do solo e na forma de aquisição dos elementos minerais essenciais às plantas (LYNCH, 2007). Nota-se que esta geometria, formada por meio dos ângulos entre as raízes basais e a raiz primária, é a fonte de variação na arquitetura radical das plantas, até dentro da mesma espécie (LYNCH; VAN BEEM, 1993; IZUMI *et al.*, 1997; ESAU, 2006). Estudos sugerem que a angulação das raízes basais determina a profundidade em que elas irão explorar no solo, sendo profundas ou permanecendo nas camadas superficiais (VIEIRA; CARNEIRO, 2011). O crescimento dessa classe de raiz está intimamente relacionado ao genótipo e à disponibilidade de fósforo no solo (LIAO *et al.*, 2001).

Estudos realizados na cultura do feijão mostram evidências de que as raízes localizadas superficialmente têm maior capacidade de absorção de nutrientes, sobretudo o fósforo, além de que as raízes mais profundas têm mais sucesso na absorção de água (HO *et al.*, 2012). De acordo com Lynch; Gonçalves (2014), sistemas radiculares que apresentam raízes com essa dupla funcionalidade são denominados dimórficos. Outro estudo para a mesma cultura mostrou em solos com déficit nutricional em fósforo maior desenvolvimento das raízes basais nas camadas superficiais do solo ricas em nutrientes (BONSER *et al.*, 1996). Da mesma forma, estudando a importância do gravitropismo radicular para a competição entre raízes e a eficiência na aquisição de fósforo, Ge *et al.* (2000) observaram que a baixa

disponibilidade de fósforo no solo altera a resposta gravitrópica das raízes basais do feijoeiro, resultando em um sistema radicular mais raso (Figura 2). Tal fenômeno está relacionado às características adaptativas das plantas e que envolvem mecanismos de plasticidade radicular e taxa de alongamento das células radiculares (MARSCHNER, 2002).

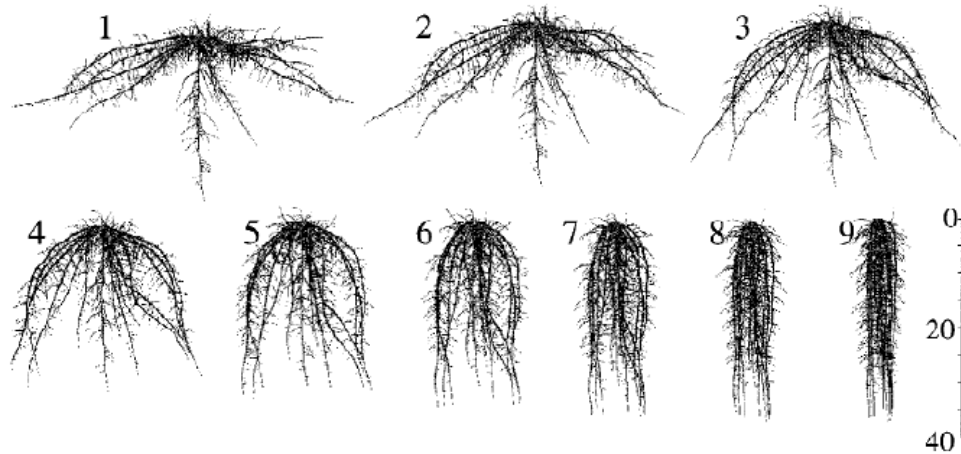


Figura 2. Variação do ângulo da raiz basal no sistema radicular do feijoeiro. Fonte: Ge *et al.* (2000).

Sabendo que a baixa disponibilidade de fósforo nos solos e o estresse hídrico podem ser fatores limitantes para a produção agrícola mundial (LIAO *et al.*, 2004), atualmente programas de melhoramento genético vegetal já desenvolvem pesquisas relacionadas à seleção de genótipos promissores na aquisição de água e nutrientes por meio da angulação das raízes basais (GONÇALVES; LYNCH, 2014). No Japão, pesquisadores desenvolveram um trabalho por meio da seleção de genótipos de arroz com raízes mais profundas para serem cruzados com cultivares tradicionais. O objetivo era criar híbridos que possuíssem arquitetura radicular tolerante à seca em áreas de sequeiro (UGA *et al.*, 2013). Vaz-de-Melo *et al.* (2013), avaliando a seleção precoce e fenotipagem de 20 linhagens de milho quanto à arquitetura das raízes seminais, concluíram que as linhagens analisadas apresentaram diferença significativa com relação aos ângulos formados pelas raízes seminais. Rosado (2012), avaliando a diversidade genética entre genótipos de feijão com ênfase em características do sistema radical, observou que os genótipos VI-10-2-1, PI-207262 e UTF0013 apresentaram raízes mais profundas, ao passo que os genótipos Jalo EPP 558, VR-3, Perola, Majestoso e Jalo MG 65 apresentaram raízes mais superficiais.

No meloeiro, ainda são incipientes trabalhos que relacionem a arquitetura radicular com a aquisição de nutrientes. No entanto, estudando a diversidade na arquitetura radicular e

a resposta à deficiência de fósforo, Fita *et al.* (2011) concluíram que existe variabilidade genética entre acessos da espécie, demonstrando o potencial das cultivares em utilizar fertilizantes fosfatados com uma maior eficiência. Essa eficiência está diretamente associada à arquitetura radicular, e os acessos mais eficientes pertencem aos grupos botânicos *conomon* e *momordica* Naudi.

Nota-se que pesquisas envolvendo o desenvolvimento do sistema radicular têm se tornado cada vez mais necessárias, principalmente devido à sua plasticidade fenotípica (POSTMA *et al.*, 2014). De acordo com Niu *et al.* (2013), as plantas possuem a capacidade de alterar sua arquitetura radicular em ambientes desuniformes para absorver fósforo do solo. Dessa forma, a caracterização morfológica da raiz pode gerar informações úteis aos programas de melhoramento genético, permitindo selecionar genótipos promissores e obtenção de novas cultivares eficientes na absorção e utilização de água e nutrientes (LYNCH; BROW, 2012; ROSADO, 2012).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 LOCAL

O experimento foi instalado e conduzido nos laboratórios de Produção Vegetal e de Tecnologia e Produção de Sementes da Escola Agrícola de Jundiá - Unidade Acadêmica Especializada em Ciências Agrárias (Campus da UFRN), localizado no município de Macaíba – RN no período de março a junho de 2021.

3.2 DELINEAMENTO EXPERIMENTAL E TRATAMENTOS

O experimento foi instalado e conduzido seguindo o delineamento inteiramente casualizado, com trinta tratamentos, correspondentes aos acessos (Tabela 1) e cinco repetições, sendo a parcela formada por uma plântula.

Tabela 1. Classificação botânica dos acessos utilizados no experimento.

Acesso	Grupo botânico	Acesso	Grupo botânico	Acesso	Grupo botânico
A-02	<i>cantaloupensis</i>	A-25	<i>cantaloupensis</i>	A-36	<i>cantaloupensis</i>
A-07	<i>cantaloupensis</i>	A-26	nd	A-39	<i>cantaloupensis</i>
A-08	nd*	A-27	nd	A-41	<i>cantaloupensis</i>
A-09	<i>conomon</i>	A-28	<i>cantaloupensis</i>	A-42	<i>momordica</i>
A-10	<i>cantaloupensis</i>	A-29	<i>cantaloupensis</i>	A-43	<i>inodorus</i>
A-11	<i>conomon</i>	A-30	<i>momordica</i>	A-44	nd
A-14	<i>cantaloupensis</i>	A-31	<i>cantaloupensis</i>	A-45	<i>inodorus</i>
A-16	<i>conomon</i>	A-33	nd	A-50	nd
A-17	<i>conomon</i>	A-34	<i>cantaloupensis</i>	A-51	nd
A-22	<i>cantaloupensis</i>	A-35	nd	A-52	nd

*nd = não identificado no momento da coleta.

3.3 CONDUÇÃO DO EXPERIMENTO

Uma amostra de dez sementes passou por um processo de assepsia por imersão em hipoclorito de sódio (0,5%) durante um minuto, sendo posteriormente lavadas com água destilada. A metodologia utilizada no teste de germinação seguiu as Regras de Análises de Sementes – RAS (BRASIL, 2009). Foram utilizadas folhas de papel germitest umedecidas no volume equivalente a 2,5 vezes a massa do substrato seco. Em seguida, as sementes foram dispostas uniformemente no papel germitest, embrulhadas em forma de rolos e alocadas em sacos plásticos etiquetados com a identificação de cada tratamento, sendo postas verticalmente em B.O.D. com condições controladas de luz, sendo 12h de luz e 12h de escuro, umidade de 80% e temperatura de 28 °C, por 72 horas (Figuras 3A e B).

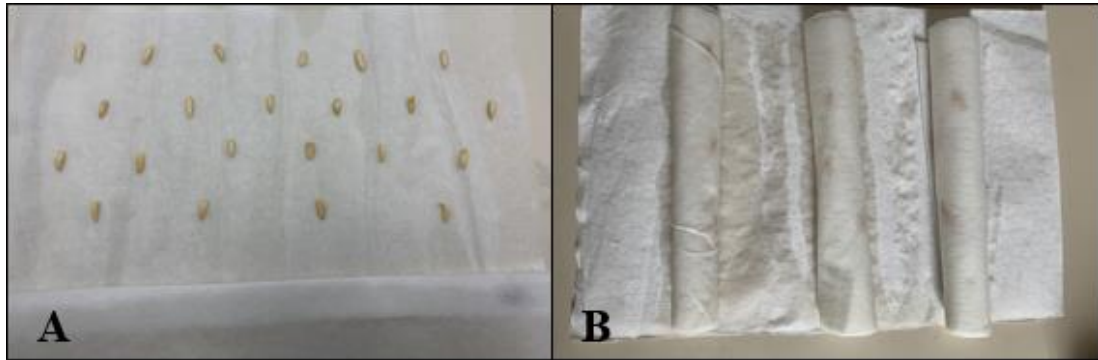


Figura 3. A: Sementes de melão uniformemente distribuídas sobre papel germitest após terem sidas desinfetadas em hipoclorito de sódio (0,5%). B: Rolos de papel germitest contendo as sementes para germinação. Fonte: Acervo pessoal.

Posteriormente, foram selecionadas cinco plântulas com radícula de aproximadamente 3 cm de crescimento, por acesso, para ser fixada na exsicata de crescimento. Cada exsicata de crescimento foi constituída por uma folha de papel germitest dobrada ao meio, envolvida por um saco plástico de polietileno, perfurada uniformemente com furos de dois centímetros de diâmetro para melhor aeração.

Essas exsicatas foram fixadas verticalmente em uma caixa de vidro retangular (aquário), com dimensões de 30 cm de largura x 40 cm de altura x 50 cm de comprimento, contendo solução de água destilada até a altura de 14 cm (Figura 4). A parte superior da exsicata de crescimento ficou apoiada nas laterais do aquário por um suporte de arame, portanto a parte inferior foi imersa na solução até a altura de 5 cm. Por capilaridade, a solução umedeceu totalmente a exsicata de crescimento, o que possibilitou o desenvolvimento do sistema radicular durante 12 dias. Ao término desse período, cada folha de germitest contendo a raiz foi retirada do saco plástico de polietileno e escaneada numa resolução de 300 dpi em scanner HP.



Figura 4. Exsicatas fixadas verticalmente nos aquários contendo solução de água destilada. Fonte: Acervo pessoal.

3.4 CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS ANALISADAS

Com o auxílio de uma régua graduada e um paquímetro digital, foram mensurados o comprimento (cm) e o diâmetro do colo (mm) da raiz primária. Os pelos radiculares foram avaliados visualmente, de acordo com Vieira *et al.* (2007), por meio de um microscópio eletrônico. Foi utilizada a escala de 1 a 10, em que 1 corresponde à ausência de pelos radiculares, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 e 10 correspondem a 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90 e 100% de todo o sistema radicular com pêlos radiculares, respectivamente. Por meio do *software* para edição de imagens “PHOTOSHOP CS6 v13.0” versão para Windows, foram mensurados os ângulos das raízes basais, obtendo a média geral. O eixo de crescimento da raiz primária serviu de parâmetro para mensuração dos ângulos.

3.5 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

Foram realizadas análises de variância univariada para todas as características avaliadas, com posterior agrupamento de médias conforme Scott-Knott (BHERING *et al.*, 2008). Posteriormente, realizou-se a análise de variância multivariada e aplicação do critério de Wilks a 5% de significância. A análise de agrupamento foi realizada com a matriz de distância Euclidiana entre os acessos, utilizando o método hierárquico das médias aritméticas não ponderadas UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). Em complemento, foi processada a análise de agrupamento *K-means* por meio do pacote Pheatmap no *software* R (R CORE TEAM, 2020). Foi utilizado o critério de Singh, descrito por Cruz *et al.* (2004), para identificar a contribuição relativa de cada característica para a divergência genética por meio do *software* GENES (CRUZ, 2013).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se efeito significativo entre os acessos em todos os caracteres morfoagronômicos da raiz analisados, indicando a presença de variabilidade genética no grupo avaliado (Tabela 2).

Para que exista confiança em resultados de pesquisa, é preciso que os ensaios sejam conduzidos com precisão experimental (FARIA FILHO *et al.*, 2016). Na característica ângulo das raízes basais (ANG), o coeficiente de variação (CV) foi de 13,1%, demonstrando precisão experimental. A raiz primária (CR), diâmetro do colo na raiz primária (DR) e notas de pelos radiculares (NPR) apresentaram coeficiente de variação de 46,31%, 22,06% e 31,64%, respectivamente (Tabela 2). Ainda que inicialmente altos, esses valores corroboram com o estudo realizado por Ao *et al.* (2010), que obtiveram altos índices de coeficiente de variação para características morfológicas da arquitetura radicular em soja. Ressalta-se que para estas características, não obstante os valores elevados de CV, ainda foi possível identificar diferenças entre acessos.

Tabela 2. Resumo da análise de variância e coeficiente de variação (CV%) das características: comprimento da raiz primária no décimo segundo dia (CR - cm); diâmetro do colo na raiz primária (DR - mm); escala de notas para pelos radiculares no sistema radicular (0 – 10); ângulo médio entre o eixo vertical de crescimento da plântula com as raízes laterais basais (graus).

FV	GL	Quadrado Médio			
		CR	DR	NPR	ANG
Tratamento	29	54,766*	0,795*	21,768*	397,28*
Resíduo	120	9,605	0,068	3,773	102,81
CV (%)		46,31	22,06	31,64	13,1

* significativo pelo teste de F a 5%.

Baseado no teste de Skott-Knott, a 5% de probabilidade, o diâmetro do colo na raiz primária foi a característica que apresentou maior diversidade entre os diferentes acessos, resultando em quatro grupos, ao passo que o comprimento da raiz primária, nota de pelos radiculares e ângulo formaram dois grupos (Tabela 3).

O comprimento da raiz primária (CR) variou de 2,22 cm (A-02) a 13,94 cm (A-36) (Tabela 3). Os acessos A-31, A-35, A-36, A-43, A-44 e A-50, agrupados no primeiro grupo, destacaram-se com maior comprimento da raiz primária, ao passo que 80% dos acessos possuíam comprimento da raiz primária inferior a 8,70 cm, não diferindo significativamente entre si. Esses resultados corroboram os encontrados por Fita *et al.* (2011), que observaram

variação de 4,6 cm a 14,6 cm no comprimento da raiz primária em seu estudo da diversidade na arquitetura radicular do meloeiro. Os acessos pertencentes aos grupos botânicos *momordica*, *flexuosus*, *dudaim* e *inodorus* apresentaram maiores médias, ao passo que os acessos dos grupos botânicos *agrestis* e *conomon* apresentaram as menores.

Para o diâmetro do colo na raiz, observou-se que as médias variaram de 0,62 mm a 2,06 mm (Tabela 3), agrupando os acessos em quatro grupos. Os acessos A-36, A-39, A-41 e A-45 formaram o grupo com maior diâmetro do colo, sendo o acesso A-41 o destaque apresentando o maior diâmetro da raiz primária. O segundo grupo foi composto por 23% dos acessos estudados, variando de 1,32 mm a 1,54 mm. O terceiro grupo comportou 30% dos acessos, ao passo que o último grupo foi formado por 33% dos acessos com as menores estimativas das médias. Existe forte correlação entre o diâmetro da raiz e sua capacidade em penetrar solos compactados, ou seja, raízes com maiores diâmetros conseguem explorar maior volume de solo. Estudos mostram que o diâmetro da raiz é uma característica morfológica importante, pois tem o potencial de aumentar a adaptação das plantas ao estresse hídrico (LYNCH *et al.*, 2014).

As médias de notas de pelos radiculares variaram de 2,8 a 9,2 (Tabela 3), formando dois grupos. 63% dos acessos que formaram o primeiro grupo apresentaram médias acima de 5,8. Os acessos A-42 e A-50 destacaram-se possuindo a maior densidade de pelos radiculares, ambos com média 9,2. De acordo com Vaz-de-Melo *et al.* (2013), estimar notas de pelos radiculares visualmente configura um método de rápida avaliação, além de permitir a visualização completa do sistema radicular.

Além de auxiliar na fixação das plantas no solo, os pelos radiculares desempenham papel importante na absorção de água e nutrientes pouco móveis (TAIZ; ZEIGER, 2017). Estudos relatam correlação positiva entre densidade dos pelos radiculares e a aquisição de fósforo (MIGUEL *et al.*, 2015; YAN *et al.*, 2004). Bayuelo-Jiménez *et al.* (2012) também mostraram que o aumento da densidade e comprimento dos pelos radiculares nas raízes primárias e seminais, em genótipos de milho, foram estimulados pela deficiência de fósforo no solo. De acordo com Jungk (2001), a presença de pelos radiculares é controlada geneticamente e, portanto, os genótipos que apresentam maior comprimento e densidade de pelos radiculares podem ser utilizados em programas de melhoramento genético.

As médias dos acessos para a característica ângulo de raízes basais variaram entre 56,02° e 93,24° (Tabela 3). O primeiro grupo foi formado por acessos com maiores ângulos entre as raízes basais e raiz primária, com destaque para o acesso A-07, que obteve média superior (93,24°). Isto significa dizer que os acessos que se encontram nesta classe são

caracterizados por apresentarem raízes basais mais superficiais. Aproximadamente 47% dos acessos se reuniram no segundo grupo, com médias inferiores a 75,39°.

De acordo com Gonçalves; Lynch (2014), a arquitetura radicular influencia diretamente na absorção de água e nutrientes minerais com baixa mobilidade encontrados principalmente nas camadas superficiais do solo, sobretudo o fósforo. Ho *et al.* (2005) também constataram que sistemas radiculares superficiais, ou seja, raízes basais com maiores ângulos em relação à raiz primária são mais eficientes na aquisição de nutrientes imóveis pelas plantas, ao passo que as raízes com menores ângulos são mais eficientes na absorção de água porque são mais profundas.

Fita *et al.* (2011), avaliando a diversidade na arquitetura da raiz entre doze acessos de melão pertencentes grupos botânicos distintos, constataram que os diferentes arranjos de arquitetura do sistema radicular influenciam diretamente na eficiência do uso do fósforo. Dentre os acessos estudados, os mais eficientes pertenciam aos grupos botânicos *conomon* e *momordica*, respectivamente.

Em culturas não irrigadas, raízes com menores ângulos são extremamente importantes para absorver água nas camadas mais profundas do solo (QUEIROZ-VOLTAN *et al.*, 2000). Como o melão é uma cultura em que a irrigação é promovida predominantemente pelo sistema de gotejamento (PEREIRA *et al.*, 2021), o uso de genótipos com raízes basais superficiais pode promover melhor eficiência de absorção de água ao explorar as primeiras camadas do solo.

Tabela 3. Médias de comprimento da raiz primária no décimo segundo dia (CR - cm); diâmetro do colo da raiz primária (DR - mm); Notas de pelos radiculares (NPR – escala de 0 a 10); ângulo médio entre o eixo vertical de crescimento da plântula com as raízes laterais basais (graus).

Acessos	Características							
	CR		DR		NPR		ANG	
A-02	2,22	b	1,40	b	7,4	a	73,64	b
A-07	5,24	b	1,32	b	8,8	a	93,24	a
A-08	4,40	b	1,12	c	5,4	b	74,39	b
A-09	5,86	b	1,16	c	6,0	a	82,09	a
A-10	5,56	b	1,18	c	7,0	a	93,04	a
A-11	3,08	b	0,66	d	2,8	b	80,32	a
A-14	3,30	b	1,12	c	8,0	a	80,65	a
A-16	4,28	b	0,62	d	3,2	b	70,34	b
A-17	4,46	b	1,54	b	8,8	a	82,91	a
A-22	4,98	b	0,74	d	7,2	a	72,1	b
A-25	5,44	b	0,84	d	7,6	a	69,37	b
A-26	5,66	b	0,92	d	8,2	a	67,87	b
A-27	5,34	b	1,12	c	7,0	a	81,57	a
A-28	3,76	b	1,04	c	8,2	a	82,16	a
A-29	7,72	b	0,82	d	7,4	a	69,91	b
A-30	5,58	b	0,68	d	3,6	b	59,8	b
A-31	11,64	a	0,90	d	2,8	b	79,04	a
A-33	5,72	b	0,62	d	6,4	a	68,9	b
A-34	5,64	b	0,70	d	6,2	a	78,66	a
A-35	13,50	a	1,16	c	3,0	b	80,75	a
A-36	13,94	a	1,78	a	2,8	b	85,91	a
A-39	6,36	b	1,94	a	6,0	a	74,59	b
A-41	5,32	b	2,06	a	8,0	a	72,99	b
A-42	4,92	b	1,24	c	9,2	a	72,31	b
A-43	9,4	a	1,20	c	4,0	b	56,02	b
A-44	13,44	a	1,34	b	5,2	b	77,53	a
A-45	8,70	b	1,80	a	5,8	a	75,39	b
A-50	13,40	a	1,52	b	9,2	a	85,63	a
A-51	5,20	b	1,50	b	4,4	b	92,27	a
A-52	6,70	b	1,42	b	4,6	b	87,96	a
Média	6,69		1,18		6,14		77,38	

Médias seguidas das mesmas letras nas colunas pertencem ao mesmo grupo estatístico, pelo teste Scott e Knott a 5% de probabilidade.

A análise de variância multivariada (MANOVA) comprovou, simultaneamente, que houve diferença significativa entre os acessos para as características morfológicas de raiz avaliadas (Tabela 4). Dessa forma, justifica-se o uso de outras técnicas multivariadas para estimar a divergência genética.

Tabela 4. Análise de variância multivariada (MANOVA) das características: comprimento da raiz primária no décimo segundo dia (CR - cm); diâmetro do colo da raiz primária (DR - mm); escala de pelos radiculares; ângulo médio entre o eixo vertical de crescimento da plântula com as raízes laterais basais (graus).

FV	GL	Teste de Wilks				
		Λ	F	GL num	GL den	Pr > F
Tratamentos	29	0,026	6,026	116	467,5	0,001
Resíduos	120					

Como foi constatada variabilidade genética entre os acessos de melão avaliados neste trabalho, realizou-se análise de agrupamento hierárquico pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), a partir da distância Euclidiana, com o objetivo de visualizar a variabilidade por meio da formação de grupos (Figura 5).

Notou-se a formação de cinco grupos entre os acessos de forma satisfatória. O primeiro grupo correspondeu ao acesso A-50. De modo geral, esse acesso se destacou por apresentar maiores valores médios para todas as características analisadas. O segundo grupo, constituído pelos acessos A-36, A-44, A-31 e A-35, é caracterizado por apresentar maiores valores para as características CR, DR e ANG, e menores para NPR (Figura 5).

O terceiro grupo foi formado pelos acessos A-11, A-16, A-30 e A-43. Os acessos desse grupo, de modo geral, apresentaram menores valores médios para CR, DR, NPR e ANG. No quarto grupo, foram alocados os acessos A-41, A-39 e A-45. Observa-se que os acessos desse grupo possuem maiores valores médios para as características DR e NPR, ao passo que os menores valores foram verificados para CR e ANG (Figura 5).

Por fim, os acessos A-34, A-22, A-33, A-29, A-25, A-26, A-08, A-14, A-28, A-09, A-27, A-17, A-02, A-42, A-51, A-52, A-07 e A-10 constituíram o quinto grupo. Observa-se que nesse grupo os acessos apresentaram maiores valores médios para NPR e menores para CR. Os acessos A-51, A-52, A-07 e A-10 destacam-se por apresentarem maiores valores médios para ANG e DR, quando comparados aos demais acessos pertencentes ao grupo (Figura 5).

De acordo com Rezende *et al.* (2016) e Streck *et al.* (2017), o coeficiente de correlação cofenética superior a 0,7 sugere bom ajuste do método de agrupamento, logo os

grupos formados por este método podem ser considerados confiáveis, já que a estimativa do coeficiente de correlação cofenética deste estudo foi de $r = 0,80^{**}$, demonstrando boa associação entre a matriz de distâncias (Figura 5).

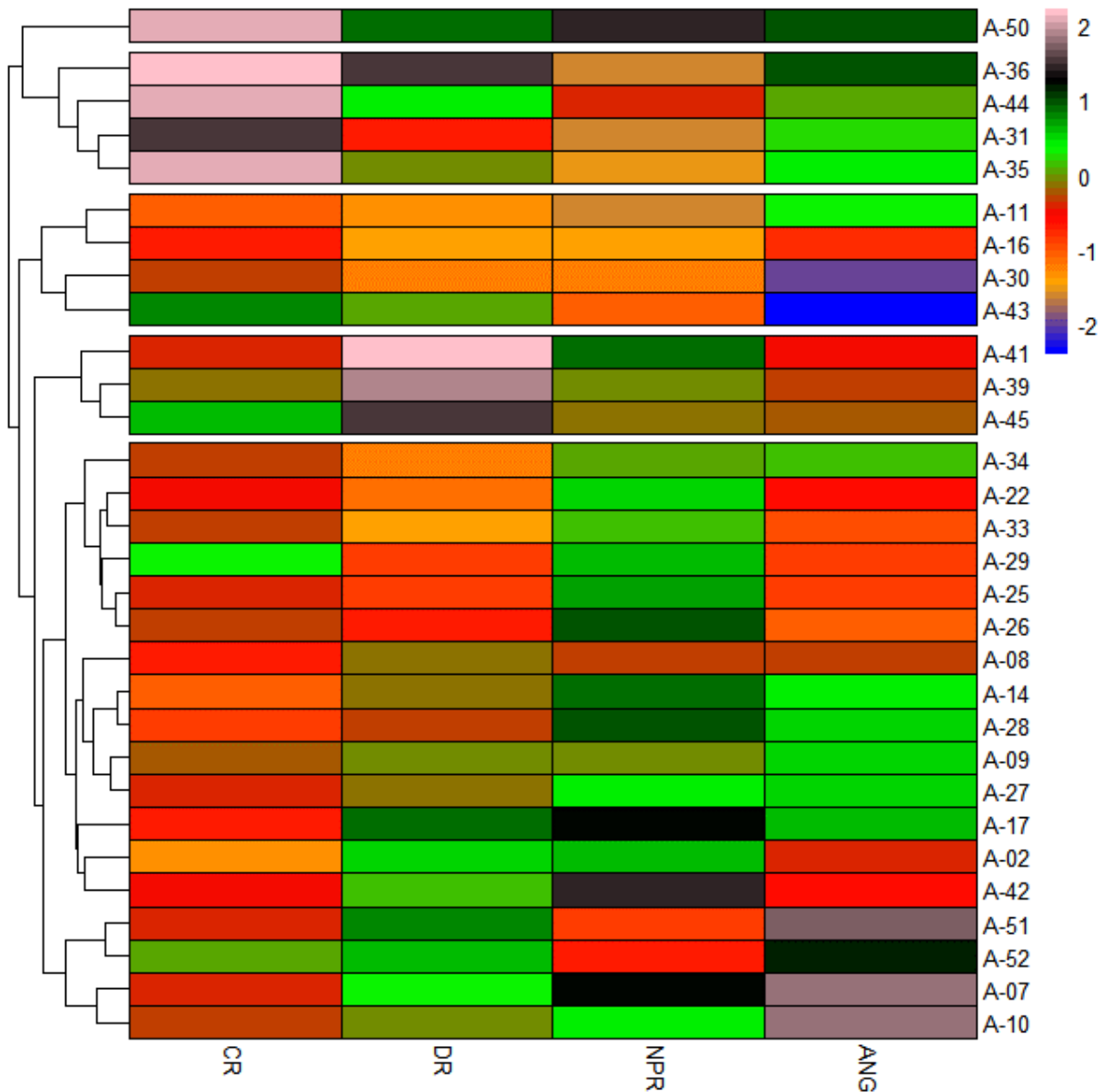


Figura 5. Dendrograma gerado pelo método UPGMA a partir da matriz de distâncias euclidianas entre trinta acessos de meloeiro para características morfológicas da raiz. CR: Comprimento da raiz primária no décimo segundo dia (cm); DR: Diâmetro do colo da raiz primária (mm); NPR: Notas de pelos radiculares (escala de 0 a 10); ANG: Ângulo médio entre o eixo vertical de crescimento da plântula com as raízes laterais basais (graus). Coeficiente de correlação cofenética ($r = 0,80^{**}$).

Adicionalmente, foi realizada análise de agrupamento não hierárquico pelo método K-Means, tendo sido os acessos avaliados alocados em cinco *clusters* previamente determinados pelo método UPGMA. Na análise pelo método K-Means, foi verificado que os dois eixos

explicaram 70,4% da variação observada, sendo o eixo 1 responsável por 36,8% e o eixo 2, por 20,88%. A partir do gráfico, é possível observar o perfil da distribuição dos centroides de cada *cluster* (Figura 6).

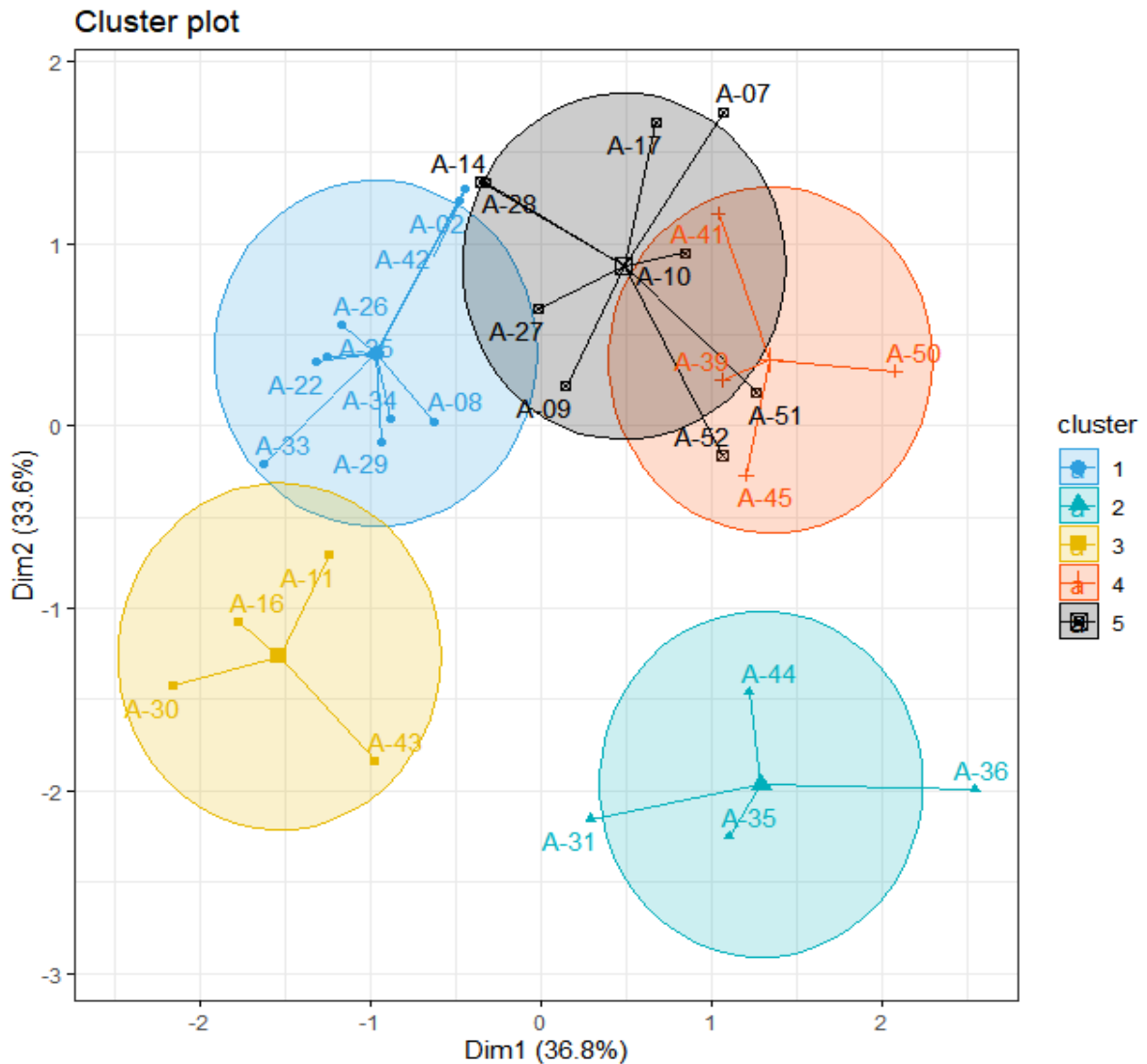


Figura 6. Distribuição dos *clusters* formados por trinta acessos de meloeiro definidos pelo método de agrupamento K-Means.

O primeiro *cluster*, formado pelos acessos A-02, A-08, A-22, A-26, A-29, A-33, A-34, A-35 e A-42, ocupou a região entre os quadrantes superior e inferior esquerdo, tendo a maior parte dos acessos localizados próximos ao centroide (Figura 6), possuindo menores valores médios para as características morfológicas de raiz (Figura 7).

Observa-se que os acessos A-31, A-35, A-36 e A-44, pertencentes ao segundo *cluster*, ocuparam o quadrante inferior direito, ao passo que o terceiro *cluster*, composto pelos acessos A-11, A-16, A-43 e A-30, ocupou o quadrante inferior esquerdo (Figura 6). Essa distância pode ser explicada pela dissimilaridade em relação às características morfológicas de raiz:

quanto maior for a distância, menor será a similaridade dos elementos (REDDY; JANA, 2012). De acordo com este método, os acessos que formam o segundo *cluster* possuem maiores valores médios para CR na comparação aos demais, ao passo que o terceiro *cluster* apresentou maior média para a característica morfológica ANG (Figura 7).

Nota-se uma região de interseção entre o quarto (A-39, A-41, A-45 e A-39) e quinto (A-07, A-09, A-10, A-14, A-17, A-27, A-28, A-51 e A-52) *clusters* (Figura 6). Este fato pode ser explicado pela semelhança em algumas das características morfológicas de raiz entre os acessos, ainda que pertençam a *clusters* distintos. Neste caso, o acesso A-41 (quarto *cluster*) está mais próximo do centroide do quinto *cluster*, bem como os acessos A-51 e A-52 (quinto *cluster*) estão localizados mais próximos do centroide do quarto *cluster* (Figura 6). É importante salientar que ambos os *clusters* possuem médias similares para a característica NPR (Figura 7).

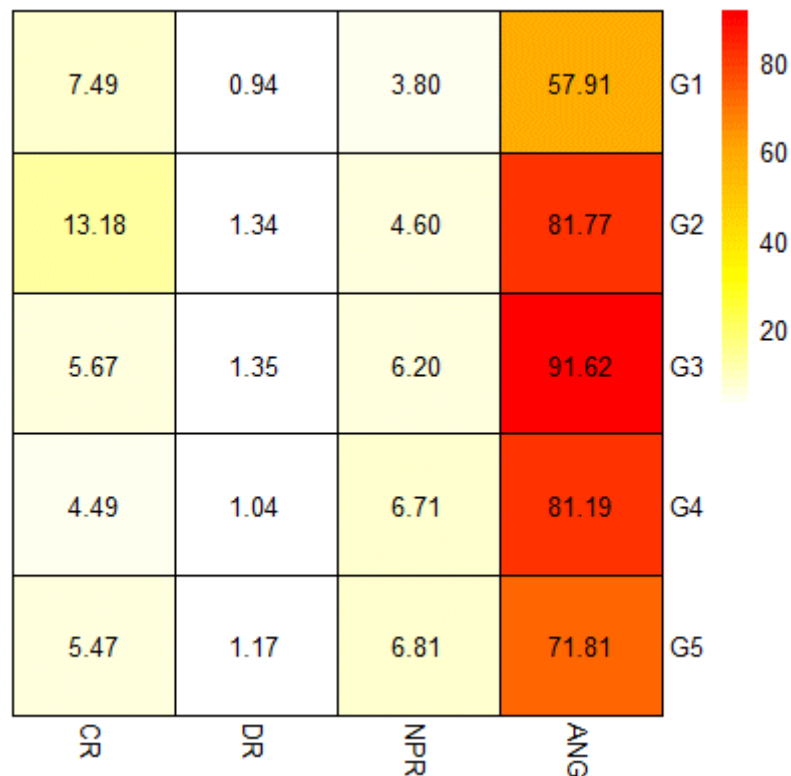


Figura 7. Médias dos *clusters* formados pelo método de agrupamento K-Means para as características: comprimento da raiz primária no décimo segundo dia (CR - cm); diâmetro do colo da raiz primária (DR - mm); escala de notas para pelos radiculares; ângulo médio entre o eixo vertical de crescimento da plântula com as raízes laterais basais (graus).

As características morfológicas de raiz utilizadas neste estudo serviram para visualização da plasticidade fenotípica da espécie, sendo o diâmetro da raiz primária a característica que mais contribui para a divergência genética (43,06%), seguido pelas notas de

pelos radiculares em todo o sistema radicular (21,42%) e pelo comprimento da raiz primária (20,42). Neste caso, nota-se que o ângulo formado entre as raízes basais e a raiz primária foi a característica de menor contribuição para a divergência (15,08%) (Tabela 5). De maneira semelhante, Rosado (2012), estudando a diversidade genética e caracterização do sistema radical do feijoeiro, obteve maiores contribuições para número de raízes basais (44,4%), notas de pelos radiculares (20,5%) e ângulo da raiz basal (13,3%).

Tabela 5. Contribuição das características morfoagronômicas de raiz para a divergência genética entre acessos de meloeiro.

Característica	S _j (%)
Comprimento da raiz primária (CR)	20,42
Diâmetro da raiz primária (DR)	43,06
Notas de pelos radiculares (NPR)	21,42
Ângulo (ANG)	15,08
Total	100

S_j (%): Contribuição relativa das variáveis (Singh, 1981).

5 CONCLUSÕES

Existe divergência genética entre os acessos da Coleção de Germoplasma de melão da Universidade Federal Rural do Semi-Árido para características morfológicas do sistema radicular.

O diâmetro do colo da raiz primária foi a característica que mais contribuiu para a dissimilaridade entre os acessos (43,06%).

De acordo com a análise multivariada, o acesso A-50 se destacou por apresentar as maiores médias para as características morfológicas avaliadas, podendo ser utilizado como fonte de alelos em programas de melhoramento genético que tenham por objetivo produzir cultivares com maior eficiência na aquisição de água e nutrientes.

REFERÊNCIAS

- ABRAFRUTAS. **Melão: exportação mostra potencial do agronegócio do Ceará.** 2020. Disponível em: <https://abrafrutas.org/2020/09/18/melao-exportacao-mostra-potencial-do-agronegocio-do-ceara/>. Acesso: 09 dez. 2020.
- AKASHI, Y.; FUKUDA, N.; WAKO, T.; MASUDA, M.; KATO, K. Genetic variation and phylogenetic relationships in East and South Asian melons. *Cucumis melo* L. based analysis of five isozymes. **Euphytica**, v. 125, n. 1, p. 385-396, 2001.
- ALVES, R. S.; SANTOS, F. J. S.; OLIVEIRA, V. H.; BRAGA SOBRINHO, R.; CRISÓSTOMO, J. R.; SILVA NETO, R. M.; FREIRE, E. R.; FROTA, P. C. E. **Infraestrutura básica, situação atual, necessidades de pesquisa agrícola e capacitação de mão-de-obra no vale do Assu.** Fortaleza: EMBRAPACNPAT, 1995. 25p.
- AMARAL JÚNIOR, A. T.; THIÉBAUT, J. T. L. (1999) **Análise multivariada na avaliação da diversidade genética em recursos genéticos vegetais.** Apostila: CCTA – UENF, 55p.
- AO, J.; FU, J.; TIAN, J.; YAN, X.; LIAO, H. Genetic variability for root morf.-architecture traits and root growth dynamics as related to phosphorus efficiency in soybean. **Functional Plant Biology**, v. 37, n. 4, p. 304-312, 2010.
- 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.
- ARAGÃO, F. A. S. **Divergência genética de acessos e interação genótipo x ambiente de famílias de meloeiro.** 2011. 137 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Melhoramento Genético Vegetal). Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2011.
- ARRUDA, M. C. **Processamento Mínimo de Melão Rendilhado: Tipo de Corte, Temperatura de Armazenamento e Atmosfera Modificada.** Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – USP, Piracicaba, 2002.
- AZEVEDO, A. M.; JÚNIOR, V. C. A.; FIGUEIREDO, J. A.; PEDROSA, C. E.; VIANA, D. J. S.; LEMOS, V. T.; NEIVA, I. P. Divergência genética e importância de caracteres em genótipos de batata-doce visando a produção de silagem. **Agrária**, v. 10, n. 3, p. 479-484, 2015.
- BAYUELO-JIMÉNEZ, J. S.; OCHOA, I.; PÉREZ-DECELIS, V. A.; MAGDALENO-ARMAS, M. L.; CÁRDENAS-NAVARRO, R. Eficiencia a fósforo en germoplasma de maíz de la meseta p'urhépecha en etapa de plântula. **Revista Fitotecnia Mexicana**, v. 35, n. 3, p. 199-208, 2012.
- BHERING, L. L.; CRUZ, C. D.; VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, A.; RESENDE JR, M. F. R. Alternative methodology for Scott-Knott test. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, p. 9-16, 2008.
- BONSER, A.; LYNCH, J.; SNAPP, S. Effect of phosphorus deficiency on growth angle of basal roots in *Phaseolus vulgaris*. **New Phytologist**, v. 132, p. 281-288, 1996.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa: UFV, 2013.

BRASIL, Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Regras para análise de sementes**. 1. ed. Brasília: Mapa/ACS, 2009. 399 p.

CARDOSO, F. R.; BRASILEIRO, L. O.; RAGASSI, C. F.; CARVALHO, A. D.; SILVA, P. P.; VIEIRA, J. V.; NASCIMENTO, W. M. Morpho-agronomic characterization and genetic divergence in lentil genotypes. **Horticultura Brasileira**, v. 39, n. 2, p. 169-177, abr. 2021.

CARVALHO, L. P.; LANZA, M. A.; FALLIRJ, J.; SANTOS, J. W. Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 10, p. 1149-1155, 2003.

CARVALHO, N. **Variabilidade genética de linhagens e cultivares de melão utilizando marcadores moleculares**. 2016. 121f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade de Brasília, Brasília, 2016.

CARVALHO, N.; CANELA, F. M.; LEITE, P. H. S.; FERREIRA, M. A.; OLIVEIRA, V. R.; SANTOS, M. F.; SOUZA, N. O. S.; BUSO, G. S. C. Analysis of genetic variability of commercial melon cultivars using SSR molecular markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, p. 1-8. 2017.

CAVALCANTE NETO, J. G.; FERREIRA, K. T. C.; ARAGÃO, F. A. S. D.; ANTÔNIO, R. P.; NUNES, G. H. D. S. Potential of parents and hybrids experimental of the yellow melon. **Ciência Rural**, v. 50, 2020.

COIMBRA, R. R.; MIRANDA, G. V.; MOREIRA, G. R.; SILVA, D. J. H.; CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; SOUZA, L. V.; GUIMARÃES, L. J. M.; MARCASSO, R. C.; CANIATO, F. F. Divergência genética de cultivares de milho baseada em descritores qualitativos. In: SIMPÓSIO DE RECURSO GENÉTICO PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE, 3.; 2001. Londrina. **Anais**. p. 401-402.

CORREA, A. M.; GONÇALVES, M. C. Divergência genética em genótipos de feijão comum cultivados em Mato Grosso do Sul. **Revista Ceres**, v. 59, n. 2, p. 206-212, 2012.

COSTA, N. D.; DIAS, R. C. S.; FARIA, C. M. B.; TAVARES, S. C. C. H.; TERAÓ, D. **Cultivo do melão**. Petrolina: Embrapa Semi-árido, 2000.

CRISÓSTOMO, J. R. **Melhoramento do meloeiro para resistência a doenças e qualidade do fruto**. Fortaleza, 2000. 23p. Relatório final de projeto. Convênios: Embrapa Agroindústria Tropical / CNPq / ESAM / VALEFRUTAS. 2000.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2004.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos bimétricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011.

DANTAS, A. C. A.; NUNES, G. H. S.; ARAÚJO, I. S.; ALBUQUERQUE, L. B. A. Caracterização molecular de acessos de melão coletados no Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 34, n. 1, p.183-189, 2012.

DANTAS, A. C. A. et al. Diversity of melon accessions from northeastern Brazil and their relationships with germplasms of diverse origins. **Journal American Society Horticulture Science**, Mount Vernon, v. 140, n. 5, p. 504-517, 2015.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Coleção Plantar Melão**. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/165362/1/PLANTAR-Melao-ed-03-2017.pdf>. Acesso em: 12 out. 2020.

ESAU, K. **Anatomy of seed plants**. Wiley-India, 2006.

FAO. Organização das Nações Unidas para a Alimentação e Agricultura. **Estatísticas 2020**. Disponível em: <http://www.fao.org/statistics/en/>. Acesso em: 11 out. 2020.

FARIA FILHO, D. E.; JARUCHE, Y, G; LEAL, D. H. V. Classificação de coeficientes de variação na experimentação com coelhos no Brasil. **Ciência Animal Brasileira**, v. 17, n. 4, p. 519-526, 2016.

FITA, A.; PICO, B.; NUEZ, F. Implications of the Genetics of Root Structure in Melon Breeding. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 131, n. 3, p. 372-379, 2006.

FITA, A.; NUEZ, F.; PICO, B. Diversity in root architecture and response to P deficiency in seedlings of Cucumis melo L. **Euphytica**, v. 181, n. 3, p. 323-339, 2011.

GE, Z.; RUBIO, G.; LYNCH, J. P. The importance of root gravitropism for inter-root competition and phosphorus acquisition efficiency: results from a geometric simulation model. **Plant and Soil**, v. 218, n. 1, p. 159-171, 2000.

GOMES, D. A. *et al.* Estimativas de dissimilaridade genética, índices de seleção e correlações em germoplasma de meloeiro. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 4, p. 046-051, mar. 2021.

GÓMEZ-GUILLAMÓN, M. L.; ABADIA, J.; CUARTERO, J.; CORTÉS, C.; NUEZ, F. Characterization of melon cultivars. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, v. 8, p. 39-40, 1985.

GÓMEZ-GUILLAMÓN, M. L.; CUARTERO, J.; CORTÉS, C.; ABADIA, J.; COSTA, J.; NUEZ, F. Descripción de cultivares de melón: caracteres cuantitativos. **Actas I del Congreso Nacional de la Sociedad Española de Ciencias Hortícolas**. Valencia, 28 Noviembre 1 Diciembre 1983, p. 453-460, 1983.

GONÇALVES, S. L.; LYNCH, J. P. **Raízes de plantas anuais: tolerância a estresses ambientais, eficiência na absorção de nutrientes e métodos para seleção de genótipos**. Londrina: Embrapa Soja, 2014.

GREGORY, P. **Plant roots: growth, activity and interaction with soils.** Oxford: Blackwell Publishing, 2006.

GUIMARÃES I.P. **Seleção de linhagens de melão amarelo quanto a aspectos produtivos e qualitativos do fruto e resistentes a *Myrothecium roridum* E *Podospaera xanthii*.** 2013. 75f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2013.

HAIR, JR. et al.; **Análise Multivariada de dados.** 6 ed. São Paulo: Bookman, 2009.

HO, M. D.; ROSAS, J. C.; BROWN, K. M.; LYNCH, J. P. Roots architectural tradeoffs for water and phosphorus acquisition. **Functional Plant Biology**, v. 32, p. 737-748, 2005.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção Agrícola: lavoura temporária (2020).** Cultura do melão. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/busca.html?searchword=mel%C3%A3o>. Acesso em: 12 set. 2021.

IZUMI, Y.; KONO, Y.; YAMAUCHI, A.; IJIMA, M. Genotypic Variation in the Development of Seminal Root System. **Japanese Journal of Crop Science**, v. 66, 1997.

JUNGK, A. Root hairs and the acquisition of plant nutrients from soil. **Journal of Plant Nutrition and Soil Science**, v. 164, n. 2, p. 121-129, 2001.

KARCHI, Z. Development of melon culture and breeding in Israel. Proceedings of 7th EUCARPIA Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding. **Acta Horticulture**, v. 510, p. 13-17, 2000.

KIRKBRIDE, J. H. JR. **Biosystematics monograph of the genus *Cucumis* (*Cucurbitaceae*):** botanical identification of cucumbers and melons. North Carolina: Parkway Publishers, 1993. 159p.

LENZI, M.; AFONSO, L.; ORTH, A. I.; GUERRA, T.M. Ecologia da polinização de *Momordica Charantia* L. (*Cucurbitaceae*). Florianópolis, SC. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 28, n. 3, p. 313-505, 2005.

LIAO, H.; RUBIO, G.; YAN, X.; CAO, A.; BROWN, K. M.; LYNCH, J. P. Effect of phosphorus availability on basal root shallowness in common bean. **Plant and soil**, v. 232, n. 1, p. 69-79, 2001.

LIAO, H.; YAN, X.; RUBIO, G.; BEEBE, S. E.; BLAIR, M. W.; LYNCH, J. P. Genetic mapping of basal root gravitropism and phosphorus acquisition efficiency in common bean. **Functional Plant Biology**, v. 31, n. 10, p. 959-970, 2004.

LYNCH, J. P. Roots of the second green revolution. **Australian Journal Botany**, v. 55, p. 493-512, 2007.

LYNCH, J.P.; BROWN, K.M. New roots for agriculture: exploiting the root phenome. **Philosophical Transactions of the Royal Society B**, v. 367, p. 1598-1604, 2012.

LYNCH, J. P.; CHIMUNGU, J. G.; BROWN, K. M. Root anatomical phenes associated with water acquisition from drying soil: targets for crop improvement. **Journal of Experimental Botany**, v. 65, n. 21, p. 6155-6166, 2014.

- LYNCH, J. P.; VAN BEEM, J. Growth and architecture of seedling roots of common bean genotypes. **Crop Science**, v. 33, n. 6, p. 1253-1257, 1993.
- MACÊDO, S. S. et al. Botanical identification and genetic diversity in melons from family farming in the state of maranhão. **Revista Caatinga**, v. 30, n. 3, p. 602-613, set. 2017.
- MARSCHENER, H. **Mineral nutrition of higher plants**. San Diego: Academic Press, 2002.
- MATHEW, S. M.; GOPALARKRISHNAN, P. K.; PETER, K. V. Compatibility among *Cucumis melo* varieties inodorus, conomon, flexuosus, momordica and utilissimus. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, v. 9, p. 78-80, 1986.
- MAUAD, M. et al. Matéria seca e morfologia radicular de cultivares de arroz de terras altas em função da adubação com zinco. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 35, n. 1, p. 251-260, 2012.
- MCCREIGHT, J. D.; NERSON, H.; GRUMET, R. Melon, *Cucumis melo* L. In: KALLOS, G.; BERGH, B. O. **Genetic improvement of vegetable crops**. New York: Pergamon Press, 1993.
- MEDEIROS, J. F. et al. Efeito da lâmina de irrigação na conservação pós-colheita de melão Pele de Sapo. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n. 3, p. 514-519, jul. 2012.
- MENEZES, J. B.; GOMES JÚNIOR, J.; ARAÚJO NETO, S. E.; SIMÕES, A. N. Armazenamento de dois genótipos de melão amarelo sob condições ambiente. **Horticultura Brasileira**, v. 19, n. 1, p. 42-49, 2001.
- MIGUEL, M. A.; POSTMA, J. A.; LYNCH, J. P. Phene synergism between root hair length and basal root growth angle for phosphorus acquisition. **Plant Physiology**, v. 167, n. 4, p. 1430–1439, 2015.
- MILLER, C. R.; OCHOA, I.; NIELSEN, K. L.; BECK, D.; LYNCH, J. P. Genetic variation for adventitious rooting in response to low phosphorus availability: potential utility for phosphorus acquisition from stratified soils. **Functional Plant Biology**, v. 30, n. 9, p. 973-985, 2003.
- MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of genetic diversity in crop plants - salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, v. 43, p. 1235-1248, 2003.
- MOURA, W. M. et al. Divergência genética em linhagens de pimentão em relação à eficiência nutricional de fósforo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, p. 217-224, 1999. Disponível em: <http://www.scielo.br/pdf/pab/v34n2/8731.pdf>. Acesso em: 23 nov. 2020.
- MUNGER, H. M.; ROBINSON, R.W. Nomenclature of *Cucumis melo* L. **Cucurbit Genetic Cooperative Report**, v. 14, n. 1, 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.
- NIU, Y. F.; CHAI, R. S.; JIN, G. L.; WANG, H.; TANG, C. X.; ZHANG, Y. S. Responses of root architecture development to low phosphorus availability: a review. **Annals of botany**, v.112, p. 391-408, 2013.

- NUNES, G. H. S. et al. Melhoramento de Melão. In: NICK C.; BORÉM A. **Melhoramento de Hortaliças**. 1. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2016. p. 331-363.
- NUNES, G. H. S.; ARAGÃO, F. A. S.; NUNES, E. W. P.; COSTA, J. M.; RICARTE, A. O. Melhoramento de melão. In: NICK, C.; BORÉM, A. (org.). **Melhoramento de hortaliças**. Viçosa: Ed. UFV, 2016. p. 331-363.
- NUNES, G. H. S.; COSTA FILHO, J. H.; SILVA, D. J. H.; CARNEIRO, P. C. S.; DANTAS, M. S. M. Divergência genética entre linhagens de melão pele de Sapo. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 3, p. 765-773, jul. 2011.
- PAIVA, W. O. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro - Melhoramento genético do melão**. Petrolina: EMBRAPA Semi-Árido, 1999.
- PAIVA, Waldelice Oliveira de *et al.* **Melhoramento Genético do Melão Cantaloupe na Embrapa Agroindústria Tropical**. Fortaleza: Embrapa, 2004.
- PEREIRA, W. B.; POSSÍDIO, C. E. F.; SOUSA, J. S. C.; SIMÕES, W. L.; SANTOS, C. M. G. Produção e qualidade de melões sob diferentes arranjos do sistema de irrigação e coberturas do solo. **Revista Brasileira de Meteorologia**, v. 36, n. 2, p. 285-294, 2021.
- PESSOA, H. B. S. V.; AVILA, A. C.; DELLA VECCHIA, P. T.; ARAUJO, J. P.; OLIVIEIRA, L. O. B. Eldorado 300: melão resistente ao vírus do mosaico da melancia WMV-1. **Horticultura brasileira**, Brasília-DF, v. 6, n. 1, p. 40-41, 1988.
- PITRAT, M.; HANELT, P.; HAMMER, K. Some comments on infraespecific classification of cultivars of melon. **Acta Horticulturae**, Wageningen, n. 510, p. 29-36, 2000.
- POSTMA, J. A.; ULRICH, S.; FIORANI, F. Dynamic root growth and architecture responses to limiting nutrient availability: linking physiological models and experimentation. **Biotechnology Advances**, v. 32, p. 53-65, 2014.
- QUEIROZ-VOLTAN, R. B.; NOGUEIRA, S. D. S. S.; MIRANDA, M. A. C. D. Aspectos da estrutura da raiz e do desenvolvimento de plantas de soja em solos compactados. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 5, p. 929-938, 2000.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, R Foundation for Statistical Computing. 2020.
- REDDY, D.; JANA, P. K. Initialization for K-means *Clustering* using Voronoi Diagram. **Procedia Technology**, v. 4, p. 395-400, 2012.
- REZENDE, M. P. G. et al. Conformação corporal de equinos de diferentes grupos genéticos. **Ciência Animal Brasileira**, v. 17, n. 3, p. 316-326, 2016.
- ROBINSON, R. W.; DERECK -WALTERS, D. S. **Cucurbits**. CAB International, Oxon (GB). 1997.
- ROSADO, Renato Domiciano Silva. **Caracterização do sistema radical do feijoeiro e seu uso no melhoramento genético**. 2012. 92 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2012.

SANABRIA-VERÓN, N. C. et al. Cucumber mosaic virus resistance and reproductive biology of brazilian melon accessions. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 41, n. 5, p. 1-16, jun. 2019.

SAENGWILAI, P., TIAN, X. E LYNCH, J. P. Low crown root number enhances nitrogen acquisition from low-nitrogen soils in maize. **Plant Physiology**, v. 166, p. 581–589, 2014.

SANABRIA -VERÓN, N. C.; MELO, C. A. F.; PEREIRA, J.; NUNES, G. H. S.; OLIVEIRA, O. L. S.; CORRÊA, R. X. Cucumber mosaic virus resistance and reproductive biology of brazilian melon accessions. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 41, p. 1-16, 2019.

SANTOS, A. P. G.; VIANA, T. V. A.; SOUSA, G. G. DE; GOMES-DO-Ó, L. M.; AZEVEDO, B. M.; SANTOS, A. M. Produtividade e qualidade de frutos do meloeiro em função de tipos e doses de biofertilizantes. **Horticultura Brasileira**, v. 32, p. 409-416, 2014.

SEAGRI. Secretaria da Agricultura, Pecuária, Irrigação, Pesca e Aquicultura. **Cotação agrícola 2016**. Disponível em: <http://www.seagri.ba.gov.br/>. Acesso em: 10 out. 2019.

SILVA, S.P. **Frutas no Brasil**. São Paulo: Nobel, 2001.

SILVA, D. F. G. et al. Genetic dissimilarity and definition of recombination *clusters* among green corn half-sib progenies. **Bragantia**, v. 75, n. 4, p. 401-410, 15 set. 2016.

SILVEIRA, D. L. et al. Genetic divergence in maize regarding grain yield and tassel traits. **Revista Ciência Agronômica**, v. 52, n. 4, p. 100-110, 2021.

STRECK, E. A. et al. Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 1, p. 101-109, 2017.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Plant physiology**. 5th ed. Sunderland: Sinauer Associates, 2010.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia e Desenvolvimento Vegetal**. 6. ed. Porto Alegre: Artmed, 2017.

UGA, Y.; SUGIMOTO, K.; OGAWA, S.; RANE, J.; ISHITANI, M.; HARA, N.; KITOMI, Y.; INUKAI, Y.; ONO, K.; KANNO, N.; INOUE, H.; TAKEHISA, H.; MOTOYAMA, R.; NAGAMURA, Y.; WU, J.; MATSUMOTO, T.; TAKAI, T.; OKUNO, K.; YANO, M. Control of root system architecture by DEEPER ROOTING 1 increases rice yield under drought conditions. **Nature Genetics**, v. 45, p. 1097-1102, 2013.

VANCE, C. P.; UHDE-STONE, C.; ALLAN, D. L. Phosphorus acquisition and use: critical adaptations by plants for securing a nonrenewable resource. **New Phytologist**, v. 157, p. 423-447, 2003.

VARGAS, P. F. *et al.* REUSE OF SUBSTRATE IN THE PROTECTED CULTIVATION OF MUSKMELON. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 34, n. 3, p. 599-604, set. 2021.

VAZ-DE-MELO, A.; MIRANDA, G. V.; BRAUN, H.; GALVÃO, J. C. C.; SOUZA, C. R.; SILVA, R. R.; BARROS, H. B. Seleção precoce e fenotipagem de linhagens de milho quanto à arquitetura das raízes seminais. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 29, n. 1, p. 1532-1538, nov. 2013.

VIEIRA, R. F.; CARNEIRO, J. E. S. Arquitetura de raízes de feijão e aquisição de fósforo do solo. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DO FEIJÃO, 10. 2011, Goiânia. **Anais**. Goiânia, 2011.

VIEIRA, R. F.; JOCHUA, C. N.; LYNCH, J. P. Method for evaluation of root hairs of common bean genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 9, p. 1365-1368, 2007.

YAN, X.; LIAO, H.; BEEBE, S. E.; BLAIR, M. W.; LYNCH, J. P. QTL mapping of root hairs and acid exudation traits and their relationship to phosphorus uptake in common bean. **Plant and Soil**, The Hague, v. 265, p. 17-29, 2004.