



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

SABRINA QUEIROZ DE FREITAS

DIVERSIDADE GENÉTICA E REAÇÃO DE ACESSOS DE MELOEIRO A
Monosporascus cannonballus.

MOSSORÓ

2023

SABRINA QUEIROZ DE FREITAS

DIVERSIDADE GENÉTICA E REAÇÃO DE ACESSOS DE MELOEIRO A
Monosporascus cannonballus.

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: Prof. Dr. Glauber Henrique de Sousa Nunes.

Co-orientador: Prof. Dr. Rui Sales Júnior.

MOSSORÓ

2023

© Todos os direitos estão reservados a 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 tomar-se-á de domínio público após a data de defesa e homologação da sua respectiva ata. A mesma poderá servir de base literária para novas pesquisas, desde que a obra e seu (a) respectivo (a) autor (a) sejam devidamente citados e mencionados os seus créditos bibliográficos.

F862d Freitas, Sabrina Queiroz de.
Diversidade genética e reação de acessos de meloeiro a *Monosporascus cannonballus*. / Sabrina Queiroz de Freitas. - 2023.
58 f. : il.

Orientador: Glauber Henrique de Sousa Nunes.
Coorientador: Rui Sales Júnior.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural do Semi-árido, Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, 2023.

1. Cucumis melo. 2. Declínio das ramas. 3. Divergência genética. 4. Resistência. I. Nunes, Glauber Henrique de Sousa, orient. II. Sales Júnior, Rui, co-orient. III. 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

O serviço de Geração Automática de Ficha Catalográfica para Trabalhos de Conclusão de Curso (TCC's) foi desenvolvido pelo Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação da Universidade de São Paulo (USP) e gentilmente cedido para o Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (SISBI-UFERSA), sendo customizado pela Superintendência de Tecnologia da Informação e Comunicação (SUTIC) sob orientação dos bibliotecários da instituição para ser adaptado às necessidades dos alunos dos Cursos de Graduação e Programas de Pós-Graduação da Universidade.

SABRINA QUEIROZ DE FREITAS

DIVERSIDADE GENÉTICA E REAÇÃO DE ACESSOS DE MELOEIRO A
Monosporascus cannonballus.

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.

Defendida em: 25 / 02 / 2023.

BANCA EXAMINADORA

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

Andréia Mitsa Paiva Negreiros, Profa. Dra.
(UFERSA) Membro Examinador

Hailson Alves Ferreira, Prof. Dr. (UFRN)
Membro Examinador

José Torres Filho, Prof. Dr. (UFERSA)
Membro Examinador

Aos meus pais, que sempre acreditaram, deram a vida e fizeram todos os sacrifícios possíveis para que eu pudesse seguir os meus sonhos, priorizar os meus estudos e ter as oportunidades que eles nunca tiveram.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus e a minha família, por me permitirem chegar até aqui e sempre permanecerem ao meu lado nos momentos difíceis, me dando a força necessária para não desistir dos meus sonhos.

Ao meu amado Edson, que estive comigo me apoiando e motivando a continuar diante das dificuldades. Amo você!

À Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), ao Programa de Pós Graduação em Fitotecnia pela oportunidade de ingresso no curso e por fornecer o espaço e a estrutura necessária para a realização da minha pesquisa.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos que me manteve durante todo o processo.

À orientação, dedicação e ensinamentos ofertados pelos Professores D. Sc. Glauber Henrique de Sousa Nunes, D. Sc. Rui Sales Júnior e D. Sc. Andréia Mitsa Paiva Negreiros, transmitidos durante a minha pesquisa.

Ao Professor D. Sc. José Torres Filho pela preocupação e disponibilidade de ajuda sempre que precisei do início do experimento à finalização deste trabalho.

Ao pessoal integrante do Laboratório de Fitopatologia II, Naama Melo, Cynthia Santos, Allinny Cavalcante, Dariane Viana, Fernanda Santos, Érica Barreto, Móises Bento, pela ajuda no desenvolvimento e condução deste trabalho.

Aos amigos da graduação que permaneceram presentes, Fábio Alves e Willianny Karem, que mesmo diante da correria me ajudaram de alguma forma. Obrigada por toda ajuda até aqui, vocês são incríveis!

A todos que contribuíram direta ou indiretamente para a conclusão desta pesquisa e para minha formação profissional. Muito obrigada!

Consagra ao Senhor tudo o que você faz, e os
seus planos serão bem-sucedidos.

Provérbios 16:3

RESUMO

O objetivo do presente trabalho foi avaliar a diversidade genética e a reação de acessos de meloeiro a *Monosporascus cannonballus*. Foram conduzidos dois ensaios com 29 acessos de meloeiro do banco de germoplasma da UFERSA e um híbrido comercial de meloeiro Natal RZ. No primeiro ensaio, os acessos foram conduzidos em campo e avaliados em um delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições para os descritores: número de frutos por planta, peso médio do fruto, índice de formato do fruto, espessura média da polpa, firmeza da polpa e sólidos solúveis totais. Foram estimadas as distâncias euclidianas padronizadas e agruparam-se os acessos pelo método UPGMA. A contribuição das variáveis para a divergência foi estimada pelo critério de Singh. No segundo ensaio, os acessos foram conduzidos em casa de vegetação, sob delineamento inteiramente casualizado com oito repetições, os vasos preenchidos com substrato foram infestados com 6 gramas de trigo/vaso com *M. cannonballus*, isolado CMM-2429 proveniente da coleção cultural de Fungos Fitopatogênicos do Laboratório de Fitopatologia II-UFERSA. As avaliações foram realizadas aos 60 dias após o transplante. A incidência da doença foi determinada através do número de plantas infectadas pelo fungo, sendo expressa em porcentagem. Para avaliação da severidade utilizou-se uma escala de notas variando de 0 (raízes saudáveis, sem lesões ou descoloração) a 4 (descoloração severa e/ou raiz necrosada/ morta). A reação média de cada acesso para severidade foi calculada pela soma de notas atribuídas para cada planta dividida pelo número total de plantas avaliadas em cada tratamento. O valor resultante foi utilizado para discriminar os acessos em cinco classes de reação variando de (0: similar ou imune) a (3,1 – 4,0: altamente suscetível). Também foram avaliados os caracteres comprimento da parte aérea, comprimento da raiz, peso fresco da parte aérea, peso fresco das raízes, peso seco da parte aérea e peso seco das raízes. Para a incidência e a severidade foram aplicados os testes de Kruskal-Wallis e Mann-Whitney, enquanto para os demais caracteres foram aplicados os testes F de Snedecor na análise de variância e o agrupamento de Scott-Knott. Verificou-se a existência de variabilidade genética entre os acessos avaliados para os descritores de frutos de meloeiro; Os acessos mais divergentes foram A16, A53, NRZ, A28, A51 e A44; A divergência genética ficou concentrada nos caracteres número de frutos por planta, firmeza da polpa e sólidos solúveis; os acessos mais promissores para o uso em programas de melhoramento foram A01, A04, A25, A27 classificados como moderadamente resistentes e A26 altamente resistente ao fungo.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, declínio das ramas, divergência genética, resistência.

ABSTRACT

The objective of the present work was to evaluate the genetic diversity and the reaction of melon accessions to *Monosporascus cannonballus*. Two experiments were conducted with 29 melon accessions from the UFERSA germplasm bank and a commercial melon hybrid Natal RZ. In the first trial, the accessions were conducted in the field and evaluated in a randomized block experimental design with three replications for the descriptors: number of fruits per plant, average fruit weight, fruit shape index, pulp thickness, fruit firmness and soluble solids. Standardized Euclidean distances were estimated, and accessions were grouped using the UPGMA method. The contribution of the variables to the divergence was estimated using the Singh criterion. In the second experiment, the accessions were conducted in a greenhouse, under a completely randomized design with eight replications. The pots filled with substrate were infested with 6 grams of wheat/pot with *M. cannonballus*, isolated CMM-2429 from the cultural collection of Fungi Phytopathogens from the Phytopathology Laboratory II-UFERSA. Evaluations were performed 60 days after transplanting. The incidence of the disease was determined through the number of plants infected by the fungus, expressed as a percentage. To assess severity, a rating scale ranging from 0 (healthy roots, without lesions or discoloration) to 4 (severe discoloration and/or necrotic/dead root) was used. The average reaction of each accession to severity was calculated by the sum of scores attributed to each plant divided by the total number of plants evaluated in each treatment. The resulting score was used to discriminate accessions into five reaction classes ranging from (0: similar or immune) to (3.1 – 4.0: highly susceptible). The traits shoot length, root length, fresh weight of the shoot, fresh weight of the roots, dry weight of the shoot and dry weight of the roots were also evaluated. For incidence and severity, the Kruskal-Wallis and Mann-Whitney tests were applied, while for the other traits, the Snedecor F tests were applied in the analysis of variance and the Scott-Knott grouping. The existence of genetic variability was verified among the evaluated accessions for the melon fruit descriptors. The most divergent accesses were A16, A53, NRZ, A28, A51 and A44. The genetic divergence was concentrated in the characters number of fruits per plant, pulp firmness, and soluble solids. The most promising accessions for use in breeding programs were A01, A04, A25, A27 classified as moderately resistant and A26 highly resistant to the fungus.

Keywords: *Cucumis melo*, vine decline, genetic divergence, resistance.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 – Dendograma da análise de agrupamento de acessos de meloeiro por meio de seis descritores quantitativos de frutos, obtida pelo método UPGMA. Correlação cofenética = 0,85*. Mossoró – RN, 2023 30
- Figura 2 - Distâncias euclidianas padronizadas entre grupos de acessos de meloeiro (*Cucumis melo* L.), avaliados para seis descritores quantitativos em frutos. Mossoró-RN, 2023. 31

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1. Descritores quantitativos em frutos de acessos de meloeiro (*Cucumis melo* L.) Mossoró-RN, 2023.....28
- Tabela 2. Contribuição de cada descritor quantitativo em frutos de acessos de meloeiro (*Cucumis melo* L.), para análise da divergência genética entre os acessos por meio do método de Singh, utilizando as distâncias euclidianas padronizadas. Mossoró-RN, 2023. 32
- Tabela 3. Valores médios de incidência e severidade da doença em acessos de meloeiro (*Cucumis melo* L.) cultivados em solo infestado artificialmente com *Monosporascus cannonballus*. Mossoró-RN, 2023.32
- Tabela 4. Efeito de *Monosporascus cannonballus*, infestado artificialmente em solo, sobre as variáveis biométricas em acessos de meloeiro (*Cucumis melo* L.). Mossoró-RN, 2023. 34

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

a.C.	Antes de Cristo
ART	<i>Ranks</i> alinhados transformados
BDA	Batata dextrose-ágar
CE	Ceará
CPA	Comprimento da parte aérea
CRA	Comprimento da raiz
CV	Coefficiente de variação
DAT	Dias após transplântio
EP	Espessura média da polpa
FP	Firmeza média da polpa
IF	Índice de formato
MF	Massa média de frutos
NaCl	Cloreto de sódio
NFP	Número médio de frutos por planta
PFPA	Peso fresco da parte aérea
PFRA	Peso fresco da raiz
PSPA	Peso seco da parte aérea
PSRA	Peso seco da raiz
RN	Rio Grande do Norte
S	Sul
SS	Teor de sólidos solúveis
UPGMA	Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages
W	Oeste

LISTA DE SÍMBOLOS

≅	Aproximadamente
®	Marca registrada
°, ', ''	Graus, minutos e segundos
°Brix	Grau Brix = porcentagem em massa de sólidos solúveis
°C	Grau Celsius
µm	Micrômetro
cm	Centímetros
g	Gramas
h	Hora
ha	Hectare
kg	Quilograma
kg/ha	Quilogramas por hectare
L	Litros
lb	Libras
ml	Mililitros
mm	Milímetro
pH	Potencial hidrogeniônico
t/ha	Toneladas por hectare
χ^2	Qui-quadrado

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	13
2. REFERENCIAL TEÓRICO	16
Cultura do meloeiro e importância econômica	16
Declínio das ramas e agente etiológico da doença	17
Manejos da doença e melhoramento genético	21
3. MATERIAL E MÉTODOS	23
Germoplasma	23
Diversidade genética	23
Reação de acessos de meloeiro a <i>Monosporascus cannonballus</i>	25
4. RESULTADOS	27
Diversidade Genética	27
Reação de acessos de meloeiro a <i>Monosporascus cannonballus</i>	32
5. DISCUSSÕES	36
6. CONCLUSÕES	41
REFERÊNCIAS	42

1. INTRODUÇÃO

O melão (*Cucumis melo* L.) é uma hortaliça cultivada em várias regiões do mundo, cujos frutos possuem grande expressões econômicas e popularidade (WU *et al.*, 2020). Trata-se de uma espécie altamente polimórfica (KARCHI, 2000), com ampla variação nos caracteres relacionados à planta, folhas, flores e frutos, sendo o polimorfismo mais expressivo nos caracteres de seus frutos (STAUB *et al.*, 2000). A maior diversidade botânica é observada em países como Índia, Irã, Afeganistão e China. No Brasil, grandes amostras de variabilidade do germoplasma podem ser encontradas, a partir de variedades e cultivares únicas, produzidas por produtores locais. (ROCHA *et al.*, 2010; CASTILHOS, 2012; COSTA, 2012). Parte dessa diversidade no germoplasma brasileiro está mantida e conservada no banco ativo de germoplasma de Cucurbitáceas da Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFERSA (DANTAS *et al.*, 2012; ARAGÃO *et al.*, 2013).

A região Nordeste apresenta-se como a maior produtora deste fruto, cuja produção caracteriza-se pelo uso de insumos de alto rendimento, como a utilização de sementes híbridas mais produtivas, irrigação de alta frequência, utilização de *mulching*, transplântio de mudas e aumento na densidade de plantas/ha, permitindo a intensificação da produção. No entanto, o conjunto de todas essas práticas culturais pode estar relacionado ao aumento da incidência de enfermidades radiculares, destacando-se a podridão de raízes e declínio das ramas (PRDR) em cucurbitáceas (BRUTON 1996, MARTYN; MILLER, 1996; COHEN *et al.*, 2012; CAVALCANTE, 2021).

O declínio das ramas é um dos principais problemas radiculares que acometem raízes de cucurbitáceas no mundo (MARTYN; MILLER, 1996) e no Brasil (SALES JÚNIOR *et al.*, 2004). Trata-se de uma síndrome complexa onde pode haver o ataque de um patógeno radicular, ou a interação de vários patógenos (SALES JÚNIOR *et al.*, 2018), como *Acrocalymma vagum* Crous & Trakunyingcharoen (FARR *et al.*, 1998; ARMENGOL *et al.*, 2003), *Stagonosporopsis cucurbitacearum* (Fr.) Aveskamp, Gruyter & Verkley (NUNES *et al.*, 2004; SUDISHA *et al.*, 2004; GASPAROTTO *et al.*, 2011; BASIM *et al.*, 2016), *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* Snyder & Hansen (COHEN *et al.*, 2012b, 2016), *F. solani* (Mart.) Sacc. f. sp. *cucurbitae* W.C. Snyder & H.N. Hans (CHAMPACO *et al.*, 1993; ARMENGOL *et al.*, 2000; ANDRADE *et al.*, 2005), *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. (CARTER, 1979; COHEN *et al.*, 2012a, 2016), *Myrothecium roridum* Tod: Fr. (CARTER, 1980; BRUTON, 1996; NORONHA *et al.*, 2008), *Plectosphaerella melonis* (Watan & Sato) Phillips, Carlucci & Raimondo (BRUTON *et al.*, 1995; ARMENGOL *et al.*, 1998) e *Rhizoctonia solani* Kühn (AL-SADI *et al.*, 2011). No entanto, nos campos de produção do

meloeiro no Rio Grande do Norte e Ceará o *M. cannonballus* apresenta-se como principal agente etiológico da doença (SALES JÚNIOR *et al.*, 2018).

No geral, a doença apresenta-se como um conjunto de sintomas semelhantes manifestando-se próximo a colheita dos frutos em campo, quando ocorre o amarelecimento, murchamento e ressecamento das folhas, seguidos pela morte gradual dos ramos (BRUTON 1998; CAVALCANTE 2021). As infecções radiculares iniciam-se a partir da colonização das raízes primárias e secundárias, inicialmente desenvolvendo-se lesões vermelho-amarronzadas, que podem evoluir para extensa necrose e apodrecimento das mesmas, nessas raízes pode ser observado o desenvolvimento de corpos de frutificação (peritécios) negros, que correspondem a estruturas de reprodução sexual do patógeno, sendo sua fase assexual (conídios) ainda desconhecida (COHEN, 2012; BEM SALEM *et al.*, 2013; BALBINO, 2015).

Com relação ao manejo do patógeno, algumas tentativas têm sido utilizadas e estudadas no Brasil, entretanto, mostram-se pouca eficiência devido às questões de adaptabilidade relacionadas ao fungo. O Nordeste Brasileiro dispõe de condições edafoclimáticas ideais para o seu desenvolvimento e, esse fator juntamente com a variabilidade genética das populações dificulta o seu manejo em campo (SILVA *et al.*, 2010). Até o presente, não existe fungicida registrado no Brasil para o controle de *M. cannonballus* (AGROFIT, 2023). Com isso, a busca por cultivares resistentes e a implantação de resistência genética, torna-se uma alternativa para o manejo do patógeno em cultivos de meloeiro (COHEN *et al.*, 2000; SALES JÚNIOR *et al.*, 2017). A identificação e implantação de resistência genética ainda é uma das principais medidas para o manejo da doença, ainda que se desconheça cultivares comercial com níveis aceitáveis de resistência (COHEN *et al.*, 2000; COHEN *et al.*, 2012).

A existência de variabilidade genética dentro das populações de *M. cannonballus*, pode ter implicações diretas em programas de melhoramento genético visando à resistência a podridão de raízes por *Monosporascus* e o declínio das ramas em cucurbitáceas (PRMDR), especialmente relacionadas na estabilidade e durabilidade da resistência, a identificação de fontes de resistência dentro do germoplasma local disponível, torna-se uma alternativa indispensável ao manejo da doença (BRUTON, 2000). A análise da diversidade genética se torna uma etapa imprescindível ao melhoramento do meloeiro, segundo Paiva (2002), o conhecimento acerca da diversidade genética, pode auxiliar na escolha de métodos de seleção eficientes, com o intuito de explorar a variabilidade genética nas gerações mais avançadas. Tal conhecimento auxilia na escolha de parentais adequados, que por sua vez possibilitam combinações de variedades mais resistentes e produtivas, passíveis de seleção (CRUZ;

REGAZZI, 2001). Na análise da diversidade genética, o procedimento para dados multicategóricos permite a geração de uma matriz de dissimilaridade que possibilita a formação de grupos, evidenciando a diferença entre os materiais avaliados, auxiliando na escolha de um método de seleção adequado a fim de explorar a variabilidade genética desses materiais (CRUZ, 2006). As técnicas multivariadas mostram-se eficientes para o fornecimento de informações a respeito da diversidade genética de um grupo ou populações, possibilitando a identificação de genitores potenciais. Na literatura, existem muitos relatos sobre estudos da divergência genética em várias hortaliças (MIRANDA *et al.*, 1988; MALUF *et al.*, 1983; MARTINELLO *et al.*, 2002, GATTI *et al.*, 2003).

Apesar da ampla diversidade genética e morfológica existente nas coleções de germoplasma de *Cucumis melo*, o conhecimento a respeito da variabilidade genética e da resposta a doenças radiculares ainda é pouco explorado. Além disso, o entendimento sobre a diversidade genética nos auxilia nas estratégias de melhoramento genético. Diante do exposto, o objetivo deste estudo foi avaliar a diversidade genética de frutos, avaliar a patogenicidade de *M. cannonballus* e identificar a resistência em acessos de meloeiro.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

Cultura do meloeiro e importância econômica

Pertencente à família das Cucurbitáceas, o meloeiro (*Cucumis melo* L.) caracteriza-se como uma planta anual de grande importância para o Brasil (FONTES; PUIATTI, 2005). Trata-se de uma espécie altamente polimórfica (KARCHI, 2000), com elevado valor comercial, cujo centro de origem envolve as regiões tropicais e subtropicais da África (AKASHI *et al.*, 2001), onde são encontradas muitas das espécies não cultivadas do gênero *Cucumis* (WHITAKER; DAVIS, 1962). A introdução e cultivo nas regiões da Ásia e Oriente Médio, por volta de 2000 a 1500 a.C., resultaram na formação de centros de origens secundários, nos territórios correspondentes à Índia, Irã, China, Turquia e repúblicas asiáticas (KARCHI, 2000).

A família Cucurbitaceae, é composta principalmente pelas abóboras (*Cucurbita* spp.), pepinos (*Cucumis sativus* L.), melancias (*Citrullus lanatus* (Thumb)), melões (*Cucumis melo* L.), dentre outros. A espécie *Cucumis melo* L. compreende duas subespécies, classificadas de acordo com a pilosidade apresentada no ovário, sendo elas: *Cucumis melo* spp *melo*, com pêlos longos no ovário, e *Cucumis melo* spp *agrestis*, com pêlos curtos e adensados no ovário. A subespécie *melo*, representada pelos grupos botânicos *chate*, *flexuosus*, *tibish*, *adana*, *ameri*, *cantalupensis*, *chandalak*, *reticulatus*, *inodorus* e *dudaim*. Enquanto que a subespécie *agrestis* contempla os grupos botânicos *acidulus*, *conomon*, *momordica*, *makuwa* e *chinensis*. (PITRAT, 2008; BURGER *et al.*; 2010). Dentro dos grupos botânicos encontram-se os tipos que por sua vez, passaram por processo de melhoramento genético, sendo classificados e comercializados no Brasil como: Amarelo, Honey Dew, Pele de sapo, Cantaloupe, Gália e Charentais. Os três primeiros tipos pertencem à variedade botânica *inodorus*. Os frutos do tipo Cantaloupe e Charentais são aromáticos (NUNES *et al.*, 2016).

Amplamente distribuído e cultivado em todo o mundo, o meloeiro é a espécie que apresenta maior variabilidade fenotípica dentro do gênero, com ampla variação nos caracteres relacionados à planta, folhas, flores e frutos, sendo o polimorfismo mais expressivo nos caracteres relacionados aos seus frutos (STAUB *et al.*, 2000). Que apresentam formatos variando de esféricos a extremamente alongado, e variações relacionadas ao peso de frutos, colorações de polpa, coloração de casca e teores de sólidos solúveis (STEPANSKY *et al.*, 1999).

No ano de 2021, foram produzidas 607.047.000 kg de melão numa área de 23.946 ha, sendo a região Nordeste responsável pela maior produção nacional do fruto, representando

96,2 % dessa produtividade, tendo como maiores produtores os estados do Rio Grande do Norte (361.649 t), Bahia (86.866) e Ceará (70.665) como maiores produtores (IBGE, 2023). O Rio Grande do Norte além de ser um dos maiores produtores do melão brasileiro, possui destaque nas exportações nacionais, até novembro de 2022, foram exportadas 191.429,28 toneladas de melão pelo Estado, perfazendo uma marca de 117 milhões de dólares, movimentando a economia nacional (COMEX STAT, 2022).

O cultivo de meloeiro no Nordeste brasileiro, é destinado principalmente para exportações e ao consumo como fruta *in natura*, as diferentes condições climáticas da região, associadas ao alto nível tecnológico adotado pelas empresas produtoras e a utilização de cultivares de alto valor genético, podem ter forte contribuição na maior produtividade do fruto na região (SALES JÚNIOR *et al.*, 2018), possibilitando plantios e colheitas durante as diferentes estações do ano, com limitações apenas em localidades onde há grandes precipitações pluviométricas em determinados períodos ou estações, que podem favorecer o surgimento e desenvolvimento de doenças fúngicas e bacterianas (COSTA, 2007).

Nessa região, a produção é caracterizada pelo uso de insumos de alto rendimento, irrigação de alta frequência, utilização de *mulching*, fertilizantes, defensivos, entre outros, que potencializam a produtividade dessa hortaliça, sendo o cultivo realizado em dois ou mais ciclos repetidos no mesmo solo/ano, sem uma rotação de culturas adequada (CAVALCANTE, 2021). Segundo Bruton *et al.* (1998), o conjunto de todas essas práticas culturais podem estar relacionadas a uma maior incidência de enfermidades radiculares, destacando-se a podridão de raízes e o declínio das ramas (PRDR) em cucurbitáceas.

Declínio das ramas e agente etiológico da doença

O declínio das ramas é um dos principais problemas radiculares que acometem a cultura do meloeiro no Brasil e no mundo (SALES JÚNIOR *et al.*, 2004). Trata-se de uma síndrome complexa onde pode haver o ataque de um patógeno radicular, ou a interação de vários patógenos (SALES JÚNIOR *et al.*, 2018), como *Acrocalymma vagum* Crous & Trakunyingcharoen (FARR *et al.*, 1998; ARMENGOL *et al.*, 2003), *Stagonosporopsis cucurbitacearum* (Fr.) Aveskamp, Gruyter & Verkley (NUNES *et al.*, 2004; SUDISHA *et al.*, 2004; GASPAROTTO *et al.*, 2011; BASIM *et al.*, 2016), *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* Snyder & Hansen (COHEN *et al.*, 2012b, 2016), *F. solani* (Mart.) Sacc. f. sp. *cucurbitae* W.C. Snyder & H.N. Hans (CHAMPACO *et al.*, 1993; ARMENGOL *et al.*, 2000; ANDRADE *et al.*, 2005), *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. (CARTER, 1979; COHEN *et al.*, 2012a, 2016), *Myrothecium roridum* Tod: Fr. (CARTER, 1980; BRUTON,

1996; NORONHA *et al.*, 2008), *Plectosphaerella melonis* (Watan & Sato) Phillips, Carlucci & Raimondo (BRUTON *et al.*, 1995; ARMENGOL *et al.*, 1998) e *Rhizoctonia solani* Kühn (AL-SADI *et al.*, 2011). No entanto, nos campos de produção do meloeiro no Rio Grande do Norte e Ceará o *M. cannonballus* apresenta-se como principal agente etiológico da doença (SALES JÚNIOR *et al.*, 2018).

No geral, a doença apresenta-se como um conjunto de sintomas semelhantes, na maioria dos casos, esse problema é notado próximo à colheita dos frutos, quando ocorre a diminuição da frequência de irrigação, a partir do déficit hídrico, acarretando a podridão das raízes que não conseguem manter a absorção de água para o suprimento das necessidades plenas da planta (MARTYN; MILLER, 1996). Com isso, ocorrem os sintomas visíveis em campo, como o amarelecimento e morte das folhas superiores e o gradual declínio das ramas quando a planta está madura, em ataques mais severos pode acarretar a perda total da cultura (BRUTON, 1998).

O *M. cannonballus* Pollack & Uecker é um fungo ascomiceto habitante do solo, caracterizado como um dos principais agentes causais do declínio das ramas de meloeiro e melancia em todo o mundo (BRUTON, 1998; MARTYN; MILLER, 1996). Sendo relatada a sua ocorrência em 22 países, causando a doença denominada de podridão de raízes por *Monosporascus* e declínio das ramas (PRMDR) (MARTYN; MILLER, 1996; ALEANDRI *et al.*, 2017). No Brasil, o mesmo foi relatado afetando raízes de meloeiro (SALES JÚNIOR *et al.*, 2004) e melancia (SALES JÚNIOR *et al.*, 2010).

Existem relatos da existência de dez espécies pertencentes ao gênero *Monosporascus* espalhadas pelo mundo, dessas, cinco novas espécies foram exclusivamente relatadas no Brasil: *M. semiarudus*, *M. caatinguensis*, *M. brasiliensis*, *M. nordestinus* e *M. mossoroensis* (NEGREIROS *et al.*, 2019), sendo as outras cinco anteriormente descritas: *M. monosporus* (MALLOCH; CAIN, 1971), *M. cannonballus* (POLLACK; UECKER, 1974), *M. adenantherae* (PATIL; RAMESH, 1987), *M. ibericus* (COLLADO *et al.*, 2002), e *M. eutypoides* (BEN SALEM *et al.*, 2013), porém, as espécies denominadas de *M. adenantherae* e *M. monosporus* não possuem sequências gênicas ou isolados de referência depositados em base de dados e micotecas existentes no mundo. Sendo assim, contabiliza-se apenas a existência de apenas oito espécies pertencentes ao gênero no mundo com dados de referência (GOMES, 2019).

M. cannonballus possui características termófilas, trata-se de um fungo ascomiceto, pirenomiceto, homotático, de hifas septadas, hialinas de largura variando entre 7,5 e 14µm, descrito como o principal agente causal da Podridão de Raízes e Declínio das Ramas em

cucurbitáceas (PRDR) (WATANABE, 1979; MARTYN; MILLER, 1996; COHEN *et al.*, 2012). Esse fungo produz esporos sexuais denominados de ascósporos (POLLACK; UECKER, 1975). Além disso, apresenta peritécios globosos de coloração preta, com formato esférico e diâmetro de 500µm (SIVANESAN, 1991), que geralmente aparecem no final do ciclo da cultura, infiltrados nas raízes afetadas (SALES JÚNIOR *et al.*, 2002), podendo ser visíveis a olho nu ou observáveis com auxílio de uma lupa.

Os peritécios formam as estruturas de reprodução sexual denominadas de ascósporos/ascas, que, no geral, os Ascomycetes apresentam cerca de oito ascósporos dentro de cada asca, no entanto, a espécie *M. cannonballus* formam ascas periformes, de parede grossa, com diâmetro variando entre 30-50µm, contendo um a dois ascósporos dentro de cada asca (raramente dois), o que os difere dos demais Ascomycetes. (SALES JÚNIOR *et al* 2002; BELTRÁN, 2006). Durante o ciclo de vida do fungo, as ascas desaparecem, deixando os ascósporos livres no ambiente. Estes podem sobreviver no solo durante um período de um a cinco anos em estado de dormência, na ausência do hospedeiro, sendo considerados como inóculo primário de infecções radiculares causadas pelo fungo (WAUGH *et al.*, 2003).

Devido as suas características termófilas, com temperaturas ótimas de crescimento variando entre 25 e 35 °C, o fitopatógeno mostra-se bem adaptado ao clima árido e semiárido brasileiro (PIVONIA *et al.*, 2002). Recentemente, Cavalcante (2021) estudando cinco novas espécies de *Monosporascus* relatadas no estado do Rio Grande do Norte, constatou a existência de outras condições de adaptação, como adaptabilidade a faixas de pH, NaCl e, sensibilidade a fungicidas, mostrando-se bem tolerante a variações de pH entre 5,72 a 8,05 quando cultivados *in vitro*, apresentando diferenças significativas no desenvolvimento da doença, aparecimento dos sintomas nas espécies de cucurbitáceas inoculadas, revelando o grau de variabilidade genética existente dentro do gênero, podendo interferir significativamente no aumento da incidência doença e na severidade dos sintomas na planta.

A infecção por *M. cannonballus* pode ocorrer de diferentes formas nas raízes de cucurbitáceas: a partir da liberação de exsudatos radiculares do próprio hospedeiro, que favorecem a infectividade dos ascósporos nos tecidos radiculares, ou, do micélio fúngico presente no solo, a partir das raízes de hospedeiros alternativos ou plantas daninhas, e pela presença do patógeno em restos culturais remanescentes na área de produção (MARTYN; MILLER, 1996; WAUGH *et al*, 2003; LOUWS *et al.*, 2010; SALES JÚNIOR *et al.*, 2012; SALES JÚNIOR *et al.*, 2018). A colonização das raízes pelo fitopatógeno ocorre a partir da enzima celulase que permite a penetração do fungo no tecido celular da raiz da planta hospedeira (AGRIOS, 1996; BRUTON *et al.*, 1996).

Com o avanço da doença, a podridão do sistema radicular afeta a manutenção das necessidades hídricas da planta para parte aérea, devido à perda da funcionalidade radicular. Com isso, podem surgir necroses, inicialmente nas folhas mais velhas e, posteriormente nas folhas mais jovens, progredindo para o declínio total das ramas e murcha da planta nas semanas prévias à colheita dos frutos (BRUTON, 1998). Com a murcha das ramas de plantas afetadas pelo patógeno, os frutos ficam mais expostos aos raios solares devido a perda da massa vegetal, com isso, podem apresentar queimaduras, manchas e cortes produzidos pelo sol, diminuição do grau Brix e apresentar um tamanho reduzido dos frutos, afetando significativamente no seu valor comercial (MERTELY *et al.*, 1991; MARTYN; MILLER, 1996).

A disseminação do inóculo de *M. cannonballus* pode ocorrer através de sementes infectadas, dos micélios presentes em restos culturais, dos ascósporos presentes no solo, bem como a utilização de maquinário infectado sem uma desinfecção prévia antes do uso, bem como, pelo trânsito de animais e trabalhadores de áreas infectadas para áreas livres da doença (BRUTON *et al.*, 1998; COHEN *et al.*, 2000; STANGHELLINI *et al.*, 2004). A densidade do inóculo primário no solo está estritamente relacionada com as espécies hospedeiras existentes na área e com a temperatura ideal para o desenvolvimento dos ascósporos entre 25 e 30°C (BELTRÁN *et al.*, 2005). A capacidade do micélio de atuar como um inóculo primário das infecções é significativamente inferior à capacidade dos ascósporos (TSAY *et al.*, 1999). Segundo Waugh *et al.* (2003), em estágios mais avançados da infecção pelo patógeno e com as condições ideais para o desenvolvimento e a maturação dos peritécios nas raízes, em uma única planta o *M. cannonballus* tem uma produtividade de cerca de 400.000 ascósporos, aumentando significativamente o seu grau de disseminação.

Com relação à patogenicidade de *M. cannonballus*, o primeiro estudo foi realizado em Israel no ano de 1983, onde se constatou a patogenicidade do fungo em plantas de meloeiro (REUVENI *et al.*, 1983). Desde a sua identificação como agente causal do declínio das ramas em cucurbitáceas, diversos estudos sobre a patogenicidade têm sido realizados em todo o mundo. Em estudos posteriores conduzidos por Mertely *et al.* (1991), em solos naturalmente infestados no inverno, com diferentes isolados de *M. cannonballus*, constataram que o mesmo é patogênico ao meloeiro. Pivonia *et al.* (1997), ao realizarem ensaios de patogenicidade com inoculação artificial de *M. cannonballus* em condições de campo, observaram altos índices de mortalidade de plantas de meloeiro. Na Califórnia, Aegerter *et al.* (2000) realizando testes de patogenicidade em áreas produtoras de melão, constataram que *M. cannonballus* foi responsável por severos danos nas raízes de meloeiro tipo Cantaloupe, reduzindo em até 93%

o comprimento das raízes de plantas infectadas. Segundo os mesmos, o fungo pode permanecer saprofiticamente ativo nos solos infestados.

No Brasil, Sales Júnior *et al.* (2018) ao avaliarem o comportamento de quatro espécies de cucurbitáceas e seis cultivares denominadas de não-cucurbitáceas, frente a inoculação artificial com *M. cannonballus*, observaram que as espécies denominadas não-cucurbitáceas: algodão (*Gossypium hirsutum* L.), gergelim (*Sesamum indicum* L.) e feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L., Walp.) não apresentaram colonização ou danos nas raízes pelo fungo inoculado. Por outro lado, as demais espécies testadas apresentaram danos no sistema radicular, sendo observados corpos de frutificação do fungo (peritécios) somente nas espécies de cucurbitáceas avaliadas. Recentemente, Costa (2020) ao avaliar a patogenicidade de novas espécies de *Monosporascus* em acessos de quatro grupos botânicos de meloeiro, observou uma interação acesso-espécie e, dentre as espécies de *Monosporascus* avaliadas, as espécies *M. brasiliensis*, *M. caatinguensis* e *M. nordestinus* se mostraram mais virulentas que a espécie *M. cannonballus* comumente encontrada em solos do Nordeste, confirmando a variabilidade genética existente dentro do gênero que pode influenciar diretamente no grau de virulência do patógeno.

Manejos da doença e melhoramento genético

A inexistência de um método de manejo da doença e alguns fatores atrelados ao manejo cultural do meloeiro dificulta o controle da doença (PRMDR) em campo, como o cultivo intensivo e sucessivo do meloeiro, proporcionando o acúmulo de inóculo com a presença dos ascósporos em solos infestados, bem como a dificuldade de aplicação e incorporação de defensivos no solo, excesso de plantas hospedeiras alternativas e a falta de genótipos resistentes ou tolerantes a doença (MARTYN, 2002). No Brasil, não existe fungicida registrado para o controle de *M. cannonballus* (AGROFIT, 2023), a busca por cultivares resistentes e a implantação de resistência genética, torna-se uma alternativa para o manejo da doença em cultivos de meloeiro (COHEN *et al.*, 2000; SALES JÚNIOR *et al.*, 2017).

A análise da diversidade genética do meloeiro se torna uma etapa imprescindível ao melhoramento genético de plantas, segundo Paiva (2002), o conhecimento acerca da diversidade genética, pode auxiliar na escolha de métodos de seleção eficientes, com o intuito de explorar a variabilidade genética nas gerações mais avançadas. Tal conhecimento auxilia na escolha de parentais adequados, que por sua vez possibilitam combinações de variedades mais resistentes e produtivas, passíveis de seleção (CRUZ; REGAZZI, 2001). Na análise da

diversidade genética, o procedimento para dados multicategóricos permite a geração de uma matriz de dissimilaridade que possibilita a formação de grupos, evidenciando a diferença entre os materiais avaliados, auxiliando na escolha de um método de seleção adequado a fim de explorar a variabilidade genética desses materiais (CRUZ, 2006). As técnicas multivariadas mostram-se eficientes para o fornecimento de informações a respeito da diversidade genética de um grupo ou populações, possibilitando a identificação de genitores potenciais. Na literatura, existem muitos relatos sobre estudos da divergência genética em várias hortaliças (MIRANDA *et al.*, 1988; MALUF *et al.*, 2001; MARTINELLO *et al.*, 2002, GATTI *et al.*, 2003).

A existência de variabilidade nas populações de *M. cannonballus* pode ter implicações diretas em programas de melhoramento genético visando à resistência de cucurbitáceas ao declínio das ramas, especialmente relacionadas na estabilidade e durabilidade da resistência (RODRIGUES, 2017). Com isso, é de suma importância a realização de estudos visando a análise da virulência do patógeno no germoplasma local. Pois, uma das primeiras etapas para obtenção de cultivares resistentes a um determinado fitopatógeno, é a identificação de fontes de resistência dentro do germoplasma disponível. As cucurbitáceas se destacam pelo seu grau elevado de polimorfismo dentro do gênero *Cucumis*, com isso, as chances de encontrar um material que apresente maior resistência para o *M. cannonballus* dentro do germoplasma disponível podem ser promissoras para o melhoramento genético de cucurbitáceas (BURGUER *et al.*, 2010).

A identificação e implantação de resistência genética torna-se uma das medidas potenciais para o manejo da doença (COHEN *et al.*, 2012), ainda que se desconheça cultivares comerciais com níveis aceitáveis de resistência (RODRIGUES, 2017). Esforços para identificar fontes de resistência a *M. cannonballus* são relatados na literatura sendo realizados em todo o globo terrestre. No Brasil, em estudos conduzidos por Sales Júnior *et al.* (2002), ao avaliarem o comportamento de meloeiro e melancia em solo infestado com *M. cannonballus*, observaram que duas das cultivares de melancia avaliadas, mostraram-se resistentes ao patógeno. Recentemente, Costa (2020) ao avaliar a patogenicidade de novas espécies de *Monosporascus* em acessos de meloeiro do germoplasma disponível, observou o acesso A-16 como fonte promissora de resistência à doença, tendo em vista que o acesso apresentou uma menor redução na massa seca das suas raízes quando inoculadas com *M. cannonballus*, *M. caatinguensis* e *M. nordestinus*, podendo ser usado como doador de alelos que conferem a resistência à doença e/ou podendo utilizá-lo como porta-enxerto.

3. MATERIAL E MÉTODOS

Germoplasma

Para os ensaios foram avaliados 29 acessos de meloeiro oriundo do Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas da UFERSA e um híbrido comercial de melão amarelo Natal-RZ. As sementes foram semeadas em bandejas plásticas com 162 células contendo substrato estéril de casca de Pinus MaxFertil®. O estudo foi realizado em duas etapas: análise da diversidade genética e reação de acessos a *M. cannonballus*.

Diversidade genética

O experimento de campo foi conduzido no período de 18 de junho a 6 de agosto de 2020, na Fazenda Experimental Rafael Fernandes, no distrito de Lagoinha, situada a 20 km da cidade de Mossoró-RN. As coordenadas do local do experimento foram às seguintes: latitude 5°03'37''S e longitude de 37°23'50''W, com altitude aproximada de 72 metros. Segundo Köppen, a classificação climática deste município é do tipo 'BSWh', seco e muito quente, com temperatura média anual de 28°C e precipitações pluviométricas médias 788 mm ao ano, com estação chuvosa concentrada entre os meses de fevereiro e maio (SANTOS *et al.*, 2017).

O solo classificado como Latossolo Vermelho Amarelo Argissólico franco arenoso (EMBRAPA, 2006). Da área experimental, foram coletadas amostras simples de solo na profundidade de 0 a 0,20 m e analisadas no Laboratório de Análise de Solos e Água da UFERSA, para realização de adubações de acordo com a necessidade da cultura.

A área experimental foi preparada com uma aração e duas gradagens, seguido de sulcamento em linhas, espaçadas de 2 m e com profundidade de 0,30 m, onde foi realizada a adubação de fundação com base na análise do solo e recomendação de emprego na região para meloeiro. Foram fornecidos 48,90 kg/ha de N, 195 kg/ha de P₂O₅ e 98,5 kg/ha de K₂O na formulação comercial 6-24-12.

Os camalhões foram construídos sobre os sulcos de adubação com 0,20 m de altura e 0,60 m de largura. Sobre os camalhões foi instalado o sistema de irrigação, constituído por uma mangueira com gotejadores do tipo autocompensante, com vazão média de 1,5 L/h, espaçados de 0,30 m e com distância de 2 m entre as linhas. Em seguida, os camalhões foram cobertos com *mulching*.

As irrigações foram realizadas diariamente, durante todo o ciclo da cultura. Foi usada uma lâmina de 376 mm. As adubações de cobertura iniciaram-se dois dias após o transplante, utilizando-se as doses: 6,76kg de N, 5,89kg de P e 11,73kg de K distribuídos diariamente via

fertirrigação, com doses variáveis de acordo com os estádios fenológicos da cultura, totalizando 90 kg/ha de N, 90 kg/ha de P_2O_5 e 150 kg/ha de K_2O .

A semeadura dos 30 tratamentos foi realizada em bandejas plásticas com 162 células contendo substrato estéril de casca de Pinus MaxFertil®. Após 14 dias após a semeadura, as plântulas foram transplantadas para as parcelas na área experimental. O controle fitossanitário e os demais tratos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas adotadas na região para o meloeiro. A colheita dos frutos foi realizada entre o período de 68 a 71 dias após o transplante em função da heterogeneidade de maturação dos frutos.

Utilizou-se o delineamento experimental em blocos casualizados com 30 tratamentos e três repetições, sendo a parcela constituída por uma linha com oito plantas no espaçamento de 2,0 m entre linhas e 0,3 m entre plantas.

As avaliações dos frutos foram realizadas no Laboratório de Pós-colheita do Centro de Pesquisa em Ciências Vegetais do Semiárido (CPVSA) da Universidade Federal Rural do Semi-árido (UFERSA). Para o estudo da diversidade genética foram utilizados seis descritores quantitativos, conforme utilizado por Torres Filho (2008). Sendo eles: a) Número de frutos por plantas (NFP): obtido pela razão do número total de frutos e o número total de plantas da parcela; b) Peso médio do fruto (PMF): obtido pela soma total dos pesos dos frutos da amostra da parcela dividido pelo número de frutos, em kg; c) Índice de formato (IF): obtido pela razão entre os comprimentos transversais e longitudinais dos frutos; d) Espessura da polpa (EP): obtido com auxílio de uma régua, medindo-se a espessura da polpa de um dos lados da metade do fruto, calculando-se a média dessas duas medidas, em cm; e) Firmeza de polpa (FP): o fruto foi dividido longitudinalmente, e em cada parte foi medida a resistência através de um penetrômetro na região mediana da polpa de um dos lados do fruto (duas leituras por fruto em regiões diferentes), sendo o resultado no aparelho expresso em libras (lb); e f) Sólidos solúveis totais (SST): estimados por meio de refratômetro digital, pela leitura em duas partes da polpa de um dos lados do fruto cortado longitudinalmente, expresso em porcentagem de graus brix. Para todos os caracteres foram tomadas amostras de cinco frutos escolhidos aleatoriamente por parcela, em plantas distintas.

Para as análises estatísticas realizou-se a análise de variância e teste F de Snedecor e o teste de Scott-Knott para dividir os acessos em grupos. A partir das médias padronizadas, foram obtidas as distâncias euclidianas médias e utilizado o agrupamento hierárquico UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Average). Calculou-se a correlação cofenética entre a matriz de distâncias original e a matriz resultante do agrupamento UPGMA. As análises foram realizadas pelos programas GENES (CRUZ, 2013)

e R v. 4.2.2 (R CORE TEAM, 2022) considerando o erro nominal de significância de 5% de probabilidade.

Reação de acessos de meloeiro a *Monosporascus cannonballus*

O experimento foi conduzido, em casa de vegetação, no campus Oeste da Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFERSA, no período de 04/10/22 a 16/12/22, localizada no município de Mossoró – RN (5°12'04" S, 37°19'38" W). Segundo Köppen, a classificação climática deste município é do tipo 'BSWh', seca e muito quente, com temperatura média anual de 28°C e precipitações pluviométricas médias 788 mm ao ano, com estação chuvosa concentrada entre os meses de fevereiro e maio (SANTOS *et al.*, 2017).

Para condução do ensaio foi utilizado um isolado fúngico de *M. cannonballus* CMM-2429, proveniente da coleção cultural de Fungos Fitopatogênicos do Laboratório de Fitopatologia II- UFERSA. Este foi repicado para placas de Petri com meio BDA (batata-dextrose-ágar) esterilizado e mantido em estufa climatizada a $27 \pm 2^\circ\text{C}$, durante sete dias para o crescimento fúngico.

Para o preparo do inóculo, conforme a metodologia sugerida por Ben Salem *et al.* (2015), com algumas modificações, grãos de trigo (*Triticum* spp.) foram preparados 10 frascos de Erlenmeyer de 1000 ml, contendo 250g de grãos em cada frasco, os grãos foram embebidos em água destilada por 12h e deixados secar em temperatura ambiente ($25 \pm 2^\circ\text{C}$). Posteriormente, os Erlenmeyer contendo os grãos de trigo foram autoclavados por três dias seguidos, durante 60 minutos a 121°C , com intervalo de 24h entre cada autoclavagem. Em seguida, 5 dos frascos autoclavados com grãos de trigo, foram inoculados com discos de BDA (8 mm de diâmetro) contendo micélio fúngico de *M. cannonballus*, com 7 dias de crescimento ativo em placa de Petri. Logo após, todos os Erlenmeyer contendo os grãos de trigo e os discos fúngicos foram incubados em estufa tipo B.O.D por 30 dias, sob temperatura de $27 \pm 2^\circ\text{C}$, objetivando a completa multiplicação do fungo nos grãos de trigo. Os frascos foram agitados manualmente, uma vez por semana, com o intuito de homogeneizar o inóculo. Passados os 30 dias, foi realizado o plaqueamento dos grãos inoculados em placa de Petri, para verificar a vida ativa do fungo e se havia contaminação. A testemunha absoluta foi constituída apenas por grãos de trigo autoclavados e submetidos às mesmas condições dos grãos inoculados, sem a realização da inoculação dos discos contendo micélio fúngico.

Foram utilizados vasos plásticos transparentes com capacidade de 1,0 L, preenchidos com uma mistura composta de solo areno-argiloso e substrato estéril de casca de Pinus MaxFertil[®], numa proporção de 1:1 em volume, previamente autoclavados em dois ciclos

durante 60 minutos a 121 °C, com intervalo de 24 h entre cada ciclo de autoclavagem. A infestação do solo foi realizada no momento do preenchimento dos vasos, sete dias antes do transplântio das mudas, com 6 g do inóculo fúngico, para cada vaso de 1,0 L. Essa operação foi realizada para que o inóculo pudesse colonizar o solo antes do transplântio das mudas, a cada dois dias os vasos inoculados foram umedecidos para criar condições favoráveis ao desenvolvimento fúngico. Os vasos destinados para testemunha absoluta foram inoculados com 6 g de grãos de trigo sem o inóculo. As avaliações foram realizadas 60 dias após o transplântio das mudas para os vasos.

Utilizou-se o delineamento inteiramente casualizado (DIC) com 30 tratamentos e 8 repetições, destas, seis foram representadas por vasos com solo infestado artificialmente com *M. cannonballus* e duas destinadas a testemunhas absolutas, sendo cada parcela experimental constituída de uma planta por vaso de 1,0 L.

As avaliações foram realizadas 60 dias após o transplântio das mudas para os vasos. A avaliação da incidência da doença foi determinada através do número de plantas infectadas pela espécie de *M. cannonballus*, sendo expressa em porcentagem. Para a severidade da doença, a avaliação foi realizada a partir de uma escala diagramática de notas utilizada por Bruton *et al.* (2000), sendo atribuído valores de 0 a 4, onde: 0: raízes saudáveis, sem lesões ou descoloração; 1: Ligeira descoloração; 2: Descoloração moderada e/ou com lesões; 3: Descoloração moderada e/ou ligeira necrose; 4: Descoloração severa e/ou raiz necrosada/morta. A reação média de cada acesso para severidade foi calculada pela soma de notas atribuídas para cada planta dividida pelo número total de plantas avaliadas em cada tratamento. O valor resultante foi utilizado para discriminar os acessos em cinco classes de reação conforme Sales Júnior *et al.* (2019), onde 0: similar ou imune; 0,1 – 1,0: altamente resistente; 1,1 – 2,0: moderadamente resistente; 2,1 – 3,0: suscetível; 3,1 – 4,0: altamente suscetível.

A frequência de reisolamento foi realizada a fim de confirmar os Postulados de 'Koch', a partir do isolamento de fragmentos das raízes em placas de Petri contendo meio de cultura BDA, suplementado com cloridrato de tetraciclina (250 mg). Para isso, em ambiente asséptico, as raízes foram previamente desinfestadas em solução de hipoclorito de sódio a 2% durante 60 segundos e lavadas em água destilada e esterilizada por duas vezes durante 60 segundos em cada lavagem. De cada raiz, foram retirados 7 fragmentos e semeados em placa de Petri com o meio BDA + suplemento de tetraciclina. Em seguida, as placas foram incubadas em estufa tipo B.O.D à uma temperatura de 28±2 °C, durante 7 dias, observando-se o desenvolvimento fúngico. Após o crescimento das colônias fúngicas, as mesmas foram

observadas e contabilizadas para o percentual de crescimento positivo de *M. cannonballus* nas raízes de plantas avaliadas, confirmando assim os princípios do Postulado ‘Koch’.

Análises biométricas foram realizadas, para as seguintes variáveis: comprimento da parte aérea (CPA) e da raiz (CRA), peso fresco da parte aérea (PFPA) e das raízes (PFRA), peso seco da parte aérea (PSPA) e das raízes (PSRA). Para o CPA e CRA, foram realizadas medições com o auxílio de uma trena graduada em centímetros, após a lavagem das raízes no Laboratório de Fitopatologia II – UFERSA. Para o PFPA e PFRA, foi realizado o destaque das raízes da parte aérea com o auxílio de uma tesoura, 1 cm acima da primeira emissão radicular a fim de realizar a pesagem do material separadamente, em seguida, os mesmos foram pesados em balança analítica digital, acondicionados separadamente em sacos de papel e levados para estufa de circulação forçada de ar, a temperatura de 65°C até a obtenção de peso seco constante. Posteriormente, foram obtidos o PSPA e PSRA a partir da pesagem do material seco em balança analítica digital.

Para as análises estatísticas, como as variáveis incidência e severidade da doença não possuíram resíduos normalmente distribuídos, os valores originais foram transformados de acordo com a metodologia de *ranks* alinhados transformados (ART) (WOBBROCK et al. 2011) para testes não-paramétricos de Kruskal-Wallis ao nível de 5% de probabilidade. Para as variáveis biométricas CRA, CPA, PFRA, PFPA, PSRA e PSPA, os dados foram submetidos ao teste F de Snedecor e as médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Todas as análises foram processadas no programa estatístico R (R CORE TEAM, 2020). Para o agrupamento e classificação de médias dos acessos, utilizou-se a metodologia descrita por Scott e Knott (1994).

4. RESULTADOS

Diversidade Genética

A análise estatística dos descritores quantitativos avaliados nos frutos apresentou efeito significativo em todos os caracteres avaliados: número médio de frutos por planta (NFP), peso médio do fruto (PMF), índice de formato (IF), espessura média da polpa (EP), firmeza médios da polpa (FP) e sólidos solúveis totais (SST), indicando heterogeneidade entre os descritores (Tabela1).

Tabela 1. Descritores quantitativos em frutos de acessos de meloeiro (*Cucumis melo* L.) Mossoró-RN, 2023.

Acessos	Médias					
	NFP	PMF (Kg)	IF	EP (cm)	FP (lb)	SST (°Brix)
A01	2,21 d	1,54 b	1,48 c	2,97 b	5,07 b	6,02 c
A04	2,21 d	1,23 b	1,48 c	2,26 b	7,17 a	5,79 c
A08	1,68 d	1,45 b	1,51 c	3,33 b	6,07 b	7,60 b
A16	11,18 a	0,38 c	1,53 c	1,94 b	9,09 a	4,18 d
A17	7,14 b	0,64 c	1,68 c	2,04 b	6,82 a	8,62 b
A18	3,53 c	1,22 c	2,13 b	2,84 b	4,57 b	5,37 c
A25	1,69 d	1,95 a	1,66 c	3,13 b	4,89 b	6,64 c
A26	1,63 d	2,22 a	1,63 c	3,71 b	4,15 b	6,94 c
A27	2,22 d	2,01 a	2,13 b	3,17 b	4,24 b	4,99 d
A28	2,33 d	1,97 a	1,86 b	6,46 a	6,58 b	6,57 c
A30	1,79 d	1,89 a	1,42 c	2,93 b	4,73 b	6,85 c
A33	1,18 d	1,62 b	1,61 c	2,41 b	5,92 b	6,08 c
A39	4,26 c	1,09 b	2,44 a	2,25 b	5,66 b	3,30 d
A41	1,88 d	1,30 b	1,36 c	3,63 b	5,31 b	7,63 b
A42	2,37 d	1,50 b	1,62 c	2,77 b	4,82 b	6,30 c
A44	1,43 d	1,28 b	1,14 d	3,68 b	8,25 a	8,41 b
A45	1,48 d	1,29 b	1,16 d	3,56 b	5,74 b	7,71 b
A50	6,67 b	0,47 c	1,53 c	1,87 b	5,38 b	8,22 b
A51	1,68 d	1,12 b	1,16 d	7,01 a	5,81 b	6,39 c
A53	2,19 d	0,62 c	2,33 a	1,76 b	9,11 a	4,01 d
C18	4,66 c	1,45 b	1,37 c	2,64 b	4,51 b	4,76 d
C30	1,76 d	1,34 b	1,42 c	2,89 b	6,39 b	6,00 c
C32	3,96 c	1,43 b	2,05 b	2,73 b	4,40 b	5,57 c
C86	1,36 d	1,82 a	1,72 c	3,23 b	5,28 b	6,41 c
C91	2,27 d	1,31 b	1,51 c	3,07 b	5,75 b	7,00 c
C91K	1,68 d	1,45 b	1,51 c	3,33 b	6,07 b	7,60 b
CHF01	2,92 c	0,58 c	1,10 d	2,30 b	5,53 b	5,77 c
CHF02	0,98 d	1,16 b	1,03 d	3,28 b	5,55 b	8,36 b
I180	5,39 b	0,70 c	1,00 d	2,25 b	6,35 b	8,67 b
NATAL RZ	1,61 d	1,07 b	1,20 d	3,34 b	8,24 a	12,36 a
CV (%)	41,7	28,31	12,79	47,95	25,67	18,27
F	9,9**	5,01**	10,34**	1,77**	2,35**	6,24**

** Significativo pelo teste F de Snedecor ($p < 0,001$). CV (%) – coeficiente de variação. Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo conforme a metodologia de Scott-Knott ($p < 0,05$).

Para o número médio de frutos por planta (NFP) observou-se a formação de quatro grupos de acessos pelo teste de Scott-Knott. O primeiro grupo, composto pelo acesso A16 (*conomon*) caracterizado como mais prolífico com a média de 11,18 frutos por planta (Tabela

1). O segundo grupo formado pelos acessos A17, A50 e I180 com número de frutos variando entre 7,14 para o acesso A17, a 5,39 para o acesso I180. O terceiro grupo A18, A39, C18, C32 e CHF01, apresentaram número de frutos variando entre 4,66 frutos para o acesso C18 a 2,92 frutos para o acesso CHF01. O quarto grupo ficou formado pelos acessos que apresentaram a menor taxa de número de frutos por planta, com médias variando entre 2,33 frutos para o acesso A28 a 0,98 frutos para o CHF02.

Quanto à variável (PMF), observou-se a formação de três grupos. O primeiro grupo composto por seis acessos que apresentaram maiores estimativas de médias para o peso do fruto, com médias variando de 2,22 kg para o A26 a 1,82 kg para o C86. O segundo grupo foi formado por dezessete acessos, com médias variando entre 1,62 kg para o A33 a 1,16 kg para o acesso CHF02. O terceiro grupo ficou composto por sete acessos que apresentaram menores estimativas de médias para o peso dos frutos, variando entre 1,22 kg para o A18 a 0,38 kg para o A16.

Com relação à variável (IF), definida a partir da relação entre o comprimento longitudinal e o transversal do fruto, observou-se a formação de quatro grupos. O primeiro grupo composto pelos acessos A39 e A53 com valores entre 2,44 e 2,33 respectivamente. O segundo grupo formado por acessos com valores variando entre 2,13 para os acessos A18, a 1,86 para o A28. O terceiro grupo composto por dezessete acessos com valores entre 1,72 para os acessos C86, a 1,36 com o acesso A41. O quarto grupo formado por sete acessos com valores variando entre 1,16 para os acessos A45 e A51, a 1,00 para o acesso I180.

Para a (EP), observou-se a formação de dois grupos. O primeiro grupo composto pelos acessos A51 e A28 apresentou melhores médias, 7,01 cm e 6,46 cm respectivamente. O segundo grupo formado pelos demais acessos com médias variando de 3,71 cm para o acesso A26 a 1,76 cm para o acesso A53.

Para a firmeza da polpa (FP), observou-se a formação de dois grupos. O primeiro formado por seis acessos com médias variando de 9,11 lb para o acesso A53, a 6,82 lb para o acesso A17. O segundo grupo formado pelos demais acessos que apresentaram menores estimativas de médias para firmeza da polpa, com médias variando entre 6,58 lb para o A28 a 4,15 lb para o A26.

Para o teor de sólidos solúveis (SST), observou-se a formação de quatro grupos. O primeiro grupo composto pela cultivar comercial Natal RZ que apresentou 12,36 °Brix. O segundo grupo formado por nove acessos com valores variando entre 8,67 °Brix para I180 a 7,60 °Brix para os acessos A08 e C91K. O terceiro grupo formado por quinze acessos que apresentaram valores variando entre 7,00 °Brix para o C91 a 5,37 °Brix para o A18. O quarto

grupo ficou composto por cinco acessos com médias variando entre 4,99 °Brix para o A27 a 3,30 °Brix para o A39.

Com relação à diversidade genética dos acessos avaliados, a correlação cofenética de 0,85*, indica que a qualidade de agrupamento dos acessos pelo método UPGMA – (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Average) não reduziu as informações entre as matrizes originais e a resultante do agrupamento (Figura 1). Obtida a partir das distâncias euclidianas padronizadas (Figura 2).

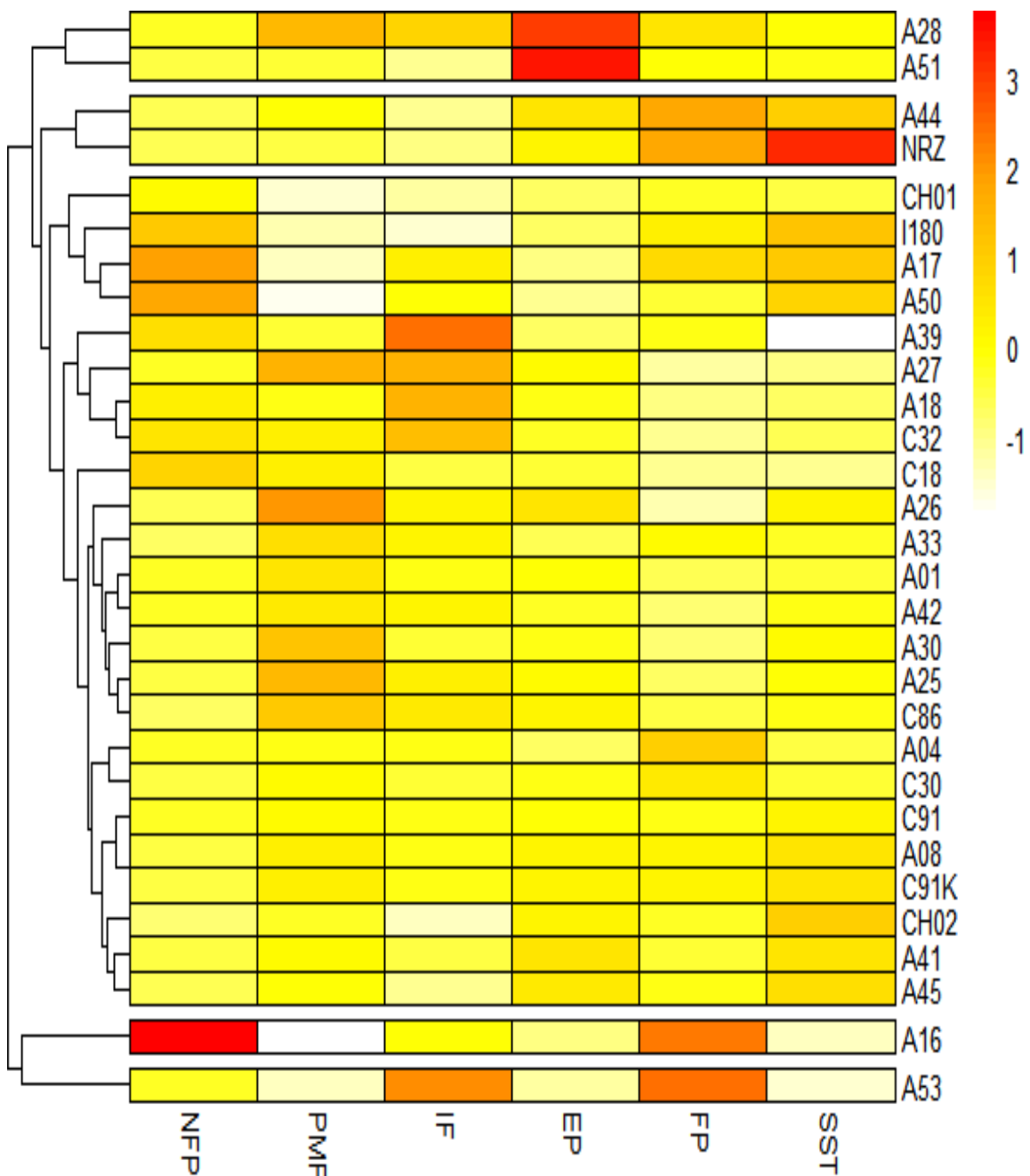


Figura 1 – Dendrograma da análise de agrupamento de acessos de meloeiro por meio de seis descritores quantitativos de frutos, obtida pelo método UPGMA. Correlação cofenética = 0,85*. Mossoró-RN, 2023.

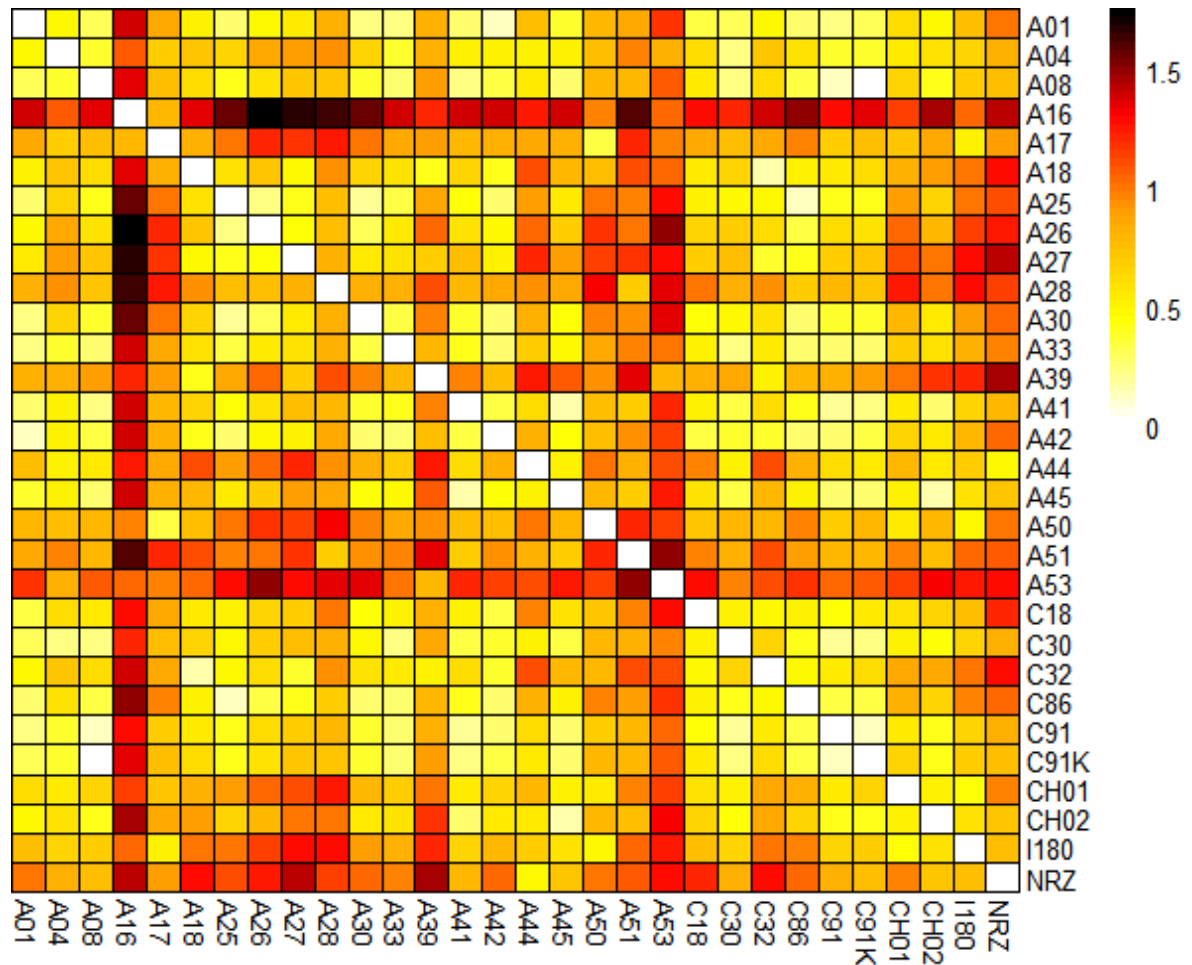


Figura 2 - Distâncias euclidianas padronizadas entre grupos de acessos de meloeiro (*Cucumis melo* L.), avaliados para seis descritores quantitativos em frutos. Mossoró-RN, 2023.

A partir do dendrograma da análise de agrupamento de acessos de meloeiro pelo método UPGMA, observou-se a formação de cinco grupos de acessos (Figura 1). Os dois primeiros grupos foram formados por apenas um acesso, sendo o primeiro grupo formado pelo acesso A53 e o segundo pelo acesso A16. O terceiro foi composto por 24 acessos, totalizando 80,0% dos genótipos avaliados. O quarto grupo foi formado pelo híbrido comercial Natal RZ e o acesso A44, enquanto o quinto foi contemplado com os acessos A51 e A28.

A análise da contribuição relativa de cada descritor para expressão da divergência genética por meio do método de Singh (1981) indicou que os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética foram o número de frutos por planta (NFP) com quase 50% da divergência, apresentando o valor de 42,80%, seguida dos sólidos solúveis totais (SST), firmeza da polpa (FP) e espessura média da polpa (EP). Enquanto que as

variáveis índice de formato do fruto (IF) e peso médio do fruto (PMF) pouco contribuiu para a divergência genética observada com 1,19% e 1,97%, respectivamente (Tabela 2). As maiores contribuições foram observadas nos acessos A16 e A53, seguidos dos acessos NRZ, A28, A51 e A44, conforme a análise das distâncias euclidianas padronizadas para cada descritor quantitativo (Figura 2).

Tabela 2. Contribuição de cada descritor quantitativo em frutos de acessos de meloeiro (*Cucumis melo* L.), para análise da divergência genética entre os acessos por meio do método de Singh, utilizando as distâncias euclidianas padronizadas. Mossoró-RN, 2023.

Característica	Contribuição para divergência – S.j (%)
NFP	42,80
PMF	1,97
IF	1,19
EP	11,34
FP	15,75
SST	26,95
Total	100,00

NFP: número de frutos por planta; PMF: peso médio do fruto, em kg; IF: índice de formato; EP: espessura média da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em lb; SST: sólidos solúveis totais, em °Brix.

Reação de acessos de meloeiro a *Monosporascus cannonballus*

Observou-se efeito significativo de acesso para a incidência e severidade da doença entre os genótipos avaliados (Tabela 3). A inoculação artificial de *M. cannonballus* em vasos permitiu o desenvolvimento do patógeno e o aparecimento de sintomas da doença nas plantas avaliadas. Foram observadas infecções da doença em todos os tratamentos testados, resultando em incidência da doença de 100%, com exceção dos acessos A01 e A26, que apresentaram uma menor percentagem de plantas doentes (83% e 33%, respectivamente).

Tabela 3. Valores médios de incidência e severidade da doença em acessos de meloeiro (*Cucumis melo* L.) cultivados em solo infestado artificialmente com *Monosporascus cannonballus*. Mossoró-RN, 2023.

Acessos	Incidência da doença		Severidade da doença	
	Rank	Média (%)	Rank	Média
A01	483,0 a	83,3	204,5 d	1,5
A04	576,0 a	100,0	254,0 d	1,7
A08	576,0 a	100,0	439,0 c	2,3

A16	576,0 a	100,0	570,5 b	2,7
A17	576,0 a	100,0	516,0 b	2,5
A18	576,0 a	100,0	910,5 a	3,5
A25	576,0 a	100,0	213,0 d	1,7
A26	204,0 b	33,3	35,0 e	0,3
A27	576,0 a	100,0	367,0 c	2,0
A28	576,0 a	100,0	747,0 a	3,0
A30	576,0 a	100,0	516,0 b	2,5
A33	576,0 a	100,0	557,0 b	2,5
A39	576,0 a	100,0	516,0 b	2,5
A41	576,0 a	100,0	439,0 c	2,3
A42	576,0 a	100,0	593,0 b	2,7
A44	576,0 a	100,0	747,0 a	3,0
A45	576,0 a	100,0	747,0 a	3,0
A50	576,0 a	100,0	670,0 b	2,8
A51	576,0 a	100,0	724,5 a	3,0
A53	576,0 a	100,0	910,5 a	3,5
C18	576,0 a	100,0	801,5 a	3,2
C30	576,0 a	100,0	670,0 b	2,8
C32	576,0 a	100,0	647,5 b	2,8
C86	576,0 a	100,0	439,0 c	2,2
C91	576,0 a	100,0	362,0 c	2,2
C91K	576,0 a	100,0	856,0 a	3,3
CHF01	576,0 a	100,0	362,0 c	2,2
CHF02	576,0 a	100,0	439,0 c	2,3
I180	576,0 a	100,0	801,5 a	3,2
NATAL RZ	576,0 a	100,0	747,0 a	3,0
χ^2	102,6**		186,0**	

χ^2 : Qui-quadrado; ** Significativo pelo teste não paramétrico de Kruskal-Wallis ($p < 0,01$). Rank seguidos mesma letra não diferem entre si pelo teste de Mann-Whitney.

Com relação à severidade da doença, observou-se a formação de cinco grupos a partir dos *ranks* (Tabela 3). O grupo representado pelo acesso A26 apresentou a menor estimativa de média (0,3) para severidade da doença, indicando maior resistência à infecção e menor percentagem da área de tecidos doentes e sintomas visíveis nas plantas, sendo classificado como altamente resistente, conforme Sales Júnior *et al.* (2019). Os acessos A01, A04, A25 e A27 foram classificados como moderadamente resistentes, com médias variando de (1,5 a 2,0). Os acessos A08, A16, A17, A28, A30, A33, A39, A41, A42, A44, A45, A50, A51, C30, C32, C86, C91, CHF01, CHF02 e Natal RZ com médias variando de (2,2 a 3,0) foram classificados como suscetíveis, enquanto os acessos A18, A53, C18, C91K e I180 foram altamente suscetíveis, com médias variando de (3,2 a 3,5).

A análise estatística para as variáveis biométricas revelou diferença significativa entre os acessos cultivados em solo infestado artificialmente com *M. cannonballus* ($p < 0,05$) (Tabela 4).

Tabela 4. Efeito de *Monosporascus cannonballus*, infestado artificialmente em solo, sobre as variáveis biométricas em acessos de meloeiro (*Cucumis melo* L.). Mossoró-RN, 2023.

Acessos	Médias					
	CPA (cm)	CRA (cm)	PFPA (g)	PFRA (g)	PSPA (g)	PSRA (g)
A01	20,4 b	33,3 a	22,0 d	32,9 b	22,9 c	40,3 b
A04	18,0 b	12,8 c	18,0 d	25,7 b	14,8 c	21,8 c
A08	17,7 b	15,2 c	22,1 d	69,6 a	19,7 c	45,5 b
A16	18,5 b	14,2 c	7,8 d	38,9 b	14,6 c	33,9 c
A17	14,5 b	7,2 c	20,7 d	21,3 b	10,1 c	32,4 c
A18	24,9 a	18,7 b	37,1 b	66,8 a	23,8 c	49,2 b
A25	10,5 b	17,4 c	28,6 c	40,3 b	32,9 b	25,4 c
A26	15,7 b	7,9 c	24,1 c	47,2 b	18,7 c	27,9 c
A27	30,7 a	23,1 b	26,2 c	29,7 b	14,6 c	13,0 c
A28	24,2 a	15,3 c	20,3 d	46,5 b	25,0 c	27,1 c
A30	40,3 a	21,9 b	30,5 c	38,4 b	27,8 b	16,7 c
A33	7,7 b	20,8 b	25,2 c	34,6 b	23,5 c	40,6 b
A39	23,9 a	25,3 b	33,7 b	59,3 a	20,6 c	33,3 c
A41	30,6 a	41,9 a	28,5 c	36,9 b	16,8 c	14,1 c
A42	12,9 b	38,9 a	18,2 d	29,8 b	18,1 c	14,9 c
A44	22,3 b	32,9 a	19,5 d	37,3 b	14,7 c	28,3 c
A45	18,9 b	51,0 a	29,9 c	45,2 b	25,5 c	33,1 c
A50	9,4 b	39,9 a	22,9 d	67,4 a	19,9 c	38,1 b
A51	29,5 a	33,7 a	31,5 c	24,6 b	18,4 c	42,1 b
A53	23,6 a	38,6 a	18,9 d	45,5 b	6,7 c	50,0 b
C18	26,6 a	32,8 a	43,6 b	36,5 b	40,4 b	40,6 b
C30	19,2 b	12,6 c	37,5 b	35,3 b	18,5 c	27,2 c
C32	14,9 b	25,3 b	26,9 c	38,9 b	16,1 c	33,6 c
C86	19,7 b	22,9 b	36,3 b	29,8 b	27,4 b	30,5 c
C91	43,9 a	26,5 b	50,4 a	45,2 b	54,9 a	21,6 c
C91K	10,9 b	37,8 a	39,3 b	67,6 a	34,6 b	50,9 b
CHF01	19,9 b	24,1 b	54,7 a	44,2 b	37,2 b	72,6 a
CHF02	25,8 a	25,0 b	27,2 c	45,4 b	28,2 b	51,6 b
I180	13,9 b	26,5 b	31,5 c	36,5 b	29,6 b	46,9 b
NATAL RZ	16,7 b	42,4 a	30,6 c	51,6 a	34,9 b	39,6 b
CV (%)	67,1	44,4	36,1	41,3	52,1	45,3
F	2,2***	5,5***	5,5***	3,4***	4,1***	4,3***

*** Significativo pelo teste F de Snedecor ($p < 0,001$). CV (%) – coeficiente de variação. Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo conforme a metodologia de Scott-Knott ($p < 0,05$).

Para o comprimento da parte aérea (CPA) observou-se a formação de dois grupos de acessos pelo teste de Scott-Knott (Tabela 4). O primeiro grupo, composto por onze acessos, apresentou médias variando entre 43,9 cm para o C91 a 23,6 cm para o A53. O segundo grupo, composto por dezenove acessos, mostrou menores estimativas de médias para CPA, sendo a maior apresentada pelo acesso A44 com 22,3 cm, e a menor representada pelo acesso A33 com 7,7 cm.

Concernente à variável CRA observou-se a formação de três grupos. O primeiro grupo composto por onze acessos que apresentaram maiores estimativas de médias, com médias variando de 51,0 cm para o A45 a 32,8 cm para o C18. O segundo grupo, também formado por onze acessos, apresentou médias variando entre 26,5 cm para o C91 e I180 a 18,7 cm para o A18. O terceiro grupo foi composto pelos acessos que apresentaram menores estimativas de médias para CRA, sendo composto por oito acessos com médias variando entre 17,4 cm para o acesso A25, a 7,2 cm para o acesso A17.

Para o PFFPA observou-se a formação de quatro grupos de acessos, de acordo com as médias avaliadas (Tabela 4). O primeiro grupo foi composto pelos dois acessos CHF01 e C91 que apresentaram maiores estimativas de médias, com médias variando entre 54,7g a 50,4g. O segundo grupo foi formado por seis acessos, com médias variando entre 43,6g para o C18 a 33,7g para o A39. O terceiro grupo foi formado por doze acessos, com médias variando entre 31,5g para o A51 a 24,1g para o A26. O quarto grupo ficou composto pelos acessos que apresentaram menores estimativas de médias, variando entre 22,9g para o acesso A50 a 7,8 para o acesso A16.

Com relação à PFRA, observou-se a formação de dois grupos de acessos. O primeiro grupo foi composto por seis acessos que apresentaram maiores estimativas de médias variando 69,6g para o A08 a 51,6g para o Natal RZ. O segundo grupo contemplou os demais acessos que apresentaram menores estimativas de médias, variando entre 47,2g para o acesso A26 a 21,3g para o acesso A17.

Para o PSPA observou-se a formação de três grupos de acessos de acordo com as médias avaliadas (Tabela 4). O primeiro grupo foi composto apenas pelo acesso C91 que se destacou entre os demais com 54,9g. O segundo grupo, composto por nove acessos, teve médias variando entre 40,4g para o C18 a 27,4g para o C86. O terceiro grupo formado pelos demais acessos avaliados que apresentaram as menores estimativas de médias variando entre 25,5g para o acesso A45 a 6,7g para o acesso A53.

Para o PSRA, observou-se a formação de três grupos de acessos, sendo o primeiro grupo constituído apenas pelo acesso CHF01 com 72,6g que se destacou dos demais. O

segundo grupo formado por doze acessos com médias variando entre 51,6g para o CHF02 a 38,1g para o A50. O terceiro grupo ficou constituído pelos demais acessos avaliados que apresentaram menores estimativas de médias, variando entre 33,9g para o A16 a 13,0g para o acesso A27.

5. DISCUSSÃO

O meloeiro é considerado a espécie mais polimórfica dentro do gênero *Cucumis* (PITRAT, 2016). Em razão disso, muitos estudos de caracterização e avaliação de acessos têm sido realizados em várias partes do mundo (DHILLON *et al.*, 2007; FERGANY *et al.*, 2011; LÁZARO *et al.*, 2017; ALI-SHTAYEH *et al.*, 2017, WANG *et al.*, 2021; FLORES-LEÓN, 2022).

No caso do Brasil, alguns estudos relacionados com acessos provenientes da região Nordeste têm sido conduzidos, demonstrando variabilidade relativamente alta (TORRES, 2008; ARAGÃO *et al.*, 2013; DANTAS *et al.*, 2015; AMORIM *et al.*, 2016; ANDRADE *et al.*, 2021). Todavia, no presente estudo, se observou variabilidade para os acessos avaliados quanto aos descritores considerados. A escolha destes descritores se deve ao fato da sua importância agrônômica para a cultura do meloeiro.

A maior divergência foi observada para o número de frutos e firmeza da polpa (Tabela 1). Este resultado deve-se ao acesso A-16. O referido acesso A16 foi o mais prolífico, com 11,18 frutos por planta e apresentando firmeza da polpa de 9,1 lb. Resultado semelhante também foi obtido por Torres Filho (2008) ao realizar a caracterização morfo-agrônômica, seleção de descritores e associação entre a divergência genética e a heterose em meloeiro, sendo observada uma produção de 11,0 frutos por planta e firmeza da polpa elevada (40,9 N) para o A16. Dantas *et al.* (2015) ao avaliarem acessos provenientes de todo o Nordeste brasileiro sob as vertentes morfológicas e molecular, verificou resultado semelhante. Este acesso pertence ao grupo botânico *Acidulus*, oriundos da Índia e tem como principal característica maior acidez em seus frutos, maior firmeza da polpa e prolificidade (DHILLON *et al.*, 2007; SILVA *et al.*, 2022).

Quanto ao peso médio dos frutos, houve pequena variação entre os acessos avaliados, conforme a lista dos descritores de meloeiro publicada pelo International Plant Genetic Resources Institute - (IPGRI, 2003), os frutos podem ser classificados como: frutos pequenos (\cong 0,4 kg); pequenos a intermediários (\cong 0,8 kg); intermediários (\cong 1,2 kg); intermediários a grandes (\cong 1,6 kg); grande (\cong 2,0 kg) e grandes a muito grandes (\cong 2,6 kg). O acesso A26 se destacou com frutos superiores a 2,0 kg sendo classificado como grande, enquanto os acessos

A16, A17, A50, A53, CHF01 e I180 apresentaram frutos menores do que 0,8 kg, classificados como pequenos e intermediários. Os estudos realizados com acessos de meloeiro oriundos da região Nordeste evidenciaram maior variabilidade para o referido caráter (TORRES FILHO, 2008; ARAGÃO *et al.*, 2013; DANTAS *et al.*, 2015; AMORIM *et al.*, 2016).

Observou-se variação quanto ao índice de formato dos frutos. Conforme Paiva (2000), os frutos podem ser classificados a partir do seu índice de formato em: esféricos, apresentando índice de formato inferior ou igual a 1,0; oval, com índice de formato entre 1,01-1,50; e compridos, com índice de formato superior a 1,5. A partir dessa classificação, observa-se que, os acessos avaliados na presente pesquisa, podem ser classificados de acordo com o formato dos seus frutos em ovais e compridos. Segundo Torres Filho (2008), a variação no índice de formato dos frutos reflete a variabilidade encontrada nos diâmetros longitudinais e transversais dos frutos. Essa extensa variação de formato tem sido observada na literatura por muitos autores (STEPANSKY *et al.*, 1999; LÓPEZ-SESÉ *et al.*, 2003; ESCRIBANO; LÁZARO, 2009; SZAMOSI *et al.*, 2010).

A maior divergência em sólidos solúveis se deve ao valor elevado observado no híbrido comercial Natal RZ com 12,4°Brix. Os demais acessos mostraram valores muito baixos para este descritor, com estimativas de médias variando entre 3,3°Brix para o A39 a 8,7°Brix para o I180. Resultados semelhantes foram observados por outros autores no germoplasma do Nordeste (ARAGÃO *et al.*, 2013; DANTAS *et al.*, 2015; TORRES *et al.*, 2020).

A diversidade genética observada resultou na formação de cinco grupos de acessos (Figura 1), porém um dos grupos contemplou 80% dos acessos. Os demais grupos foram constituídos por dois ou apenas um acesso. Isto se deve a menor variância na média dos caracteres avaliados e a destacada amplitude total verificada no número de frutos por planta e firmeza da polpa, especialmente devido o acesso A16, e nos sólidos solúveis, devido ao híbrido comercial Natal RZ (Figura 2). Ressalta-se que o agrupamento dos acessos pode ser considerado de boa qualidade uma vez que o valor cofenético de 0,85 é considerado alto. Segundo Vaz Patto *et al.*, (2004), valores de r acima de 0,56 é considerado adequado por refletir boa concordância com os valores de similaridade genética.

A magnitude da variabilidade genética observada entre os acessos de meloeiro para os descritores quantitativos em frutos, observada na presente pesquisa com germoplasma provenientes da região, corrobora com a literatura para avanços no melhoramento de características relacionadas à qualidade e produtividade de frutos de meloeiro (TORRES,

2010; ARAGÃO *et al.*, 2013; DANTAS *et al.*, 2015; AMORIM *et al.*, 2016; MACÊDO *et al.*, 2016; VALADARES *et al.*, 2018; ANDRADE *et al.*, 2021).

Estudos de variabilidade genética são importantes sobre dois aspectos. O primeiro está relacionado à conservação do germoplasma. O segundo está associado ao uso da variabilidade existente em programas de melhoramento genético. As informações advindas de estudos de avaliação e caracterização de acessos em bancos de germoplasma auxiliam o melhorista na tomada de decisão quanto à escolha de genitores em programas de melhoramento voltados para produção e qualidade de frutos. Em adição, no caso específico do meloeiro, alguns estudos têm sido realizados para a identificação de acessos resistentes aos principais patógenos como *Podosphaera xanthii* (NUNES *et al.*, 2017), *Macrophomina phaseolina* (AMBRÓSIO *et al.*, 2015), *Pseudoperonospora cubensis* (ALBUQUERQUE *et al.*, 2015), além de *Monosporascus cannonballus* (CROSBY, 2001; SALARI *et al.*, 2011; GUIMARÃES, 2016). Trabalhos para identificar acessos resistentes no germoplasma de uma espécie são imprescindíveis em razão da quebra de resistência e, portanto, devem ser contínuos nos programas de melhoramento genético.

Considerando que a resistência genética é uma das principais alternativas para o controle deste patógeno, ainda que se desconheça uma cultivar comercial com elevado nível de resistência, diversos estudos de patogenicidade foram realizados em diferentes partes do mundo, com *M. cannonballus*, mas nenhum acesso imune foi encontrado para o meloeiro (WOLFF, 1995; MARTYN; MILLER, 1996; SALES *et al.*, 2002; ANDRADE *et al.*, 2005; EDELSTEIN *et al.*, 2017; SALES JÚNIOR *et al.*, 2019).

Os acessos de meloeiro avaliados na presente pesquisa apresentaram variação de reação a *M. cannonballus*. No entanto, nenhuns dos 30 acessos avaliados apresentaram reação imune à ação do patógeno radicular. Resultado semelhante também foi observado em outros trabalhos (WOLFF, 1995; MARTYN; MILLER, 1996; CROSBY, 2001; ANDRADE *et al.*, 2005; EDELSTEIN *et al.*, 2017; SALARI *et al.*, 2011; GUIMARÃES, 2016; SALES JÚNIOR *et al.*, 2019). Esses resultados demonstram a dificuldade na obtenção de materiais imunes ao patógeno, que provavelmente pode estar relacionado à sua alta agressividade nas raízes de cucurbitáceas (MARTYN; MILLER, 1996; COHEN *et al.*, 2012).

Os acessos A01, A04, A25 e A27 foram identificados como moderadamente resistentes, e A26, altamente resistente. Tais acessos podem ser classificados como fontes de resistência promissoras a *M. cannonballus* e ao declínio das ramas em cucurbitáceas, tendo em vista que este patógeno radicular compreende a uma das espécies mais agressivas em raízes de meloeiro no semiárido brasileiro (MARINHO *et al.*, 2002).

Fontes de resistência a *M. cannonballus* foram identificadas em algumas partes do mundo. Nos Estados Unidos, Mertely; Martyn (1993) identificaram as cultivares Improved, Cruiser, Durango, PI 12411, Laredo, Hale's Best Jumbo, Honey dew Green Flesh mais a F1 do cruzamento PI 12411 x TAM Dew foram tolerantes. Crosby *et al.* (2001), avaliando 74 acessos pertencentes à subespécie *agrestis*, identificaram três acessos (20608, 20747 e 20826) com elevado nível de resistência. Em Israel, Cohen *et al.* (1996) identificaram as linhagens P6a e F35a. Mais recentemente, avaliando germoplasma iraniano, Salari *et al.* (2012, 2013) identificaram as cultivares 'Sfidak khatdar', 'Sfidak bekhat', 'Nabijani', 'Ghandak', 'Mollamosai', 'Chappat', 'Shadgan' e 'Hajmashallahi' como moderadamente resistentes.

Por outro lado, Guimarães (2016) observou que o acesso A33 do grupo *Momordica* foi resistente a *M. cannonballus*, no entanto, no presente trabalho, este resultado não se repetiu. Na Espanha, identificou-se o acesso Pat 81, pertencente à subespécie *agrestis*, com alto nível de tolerância (ESTEVA; NUEZ, 1994; IGLESIAS; NUEZ, 1998, IGLESIAS *et al.* 1999, 2000a, b). O referido acesso, denominado C32 neste trabalho, foi suscetível com média de 2,8. Costa (2020) ao avaliar a patogenicidade de novas espécies de *Monosporascus* em acessos de quatro grupos botânicos de meloeiro, identificou o acesso A16 como fonte de resistência promissora ao ataque de *Monosporascus* spp. Este resultado difere ao obtido na presente pesquisa, tendo em vista que o acesso A16 mostrou-se suscetível ao ataque de *M. cannonballus*.

Para Andrade (2005) na seleção de fontes de resistência a patógenos radiculares nas condições climáticas brasileiras, deve-se considerar a existência de variabilidade na virulência de isolados de *M. cannonballus*, evitando assim que genótipos suscetíveis sejam considerados resistentes, em função da utilização de isolados pouco infectivos ou com virulência reduzida. Segundo Anjos *et al.* (2018), a variabilidade genética existente entre e dentro das espécies, influencia diretamente na taxa de incidência e severidade, conferindo assim um diferente grau de virulência. Ressalta-se que as discrepâncias nas pesquisas desta natureza reforçam que o trabalho de avaliação do germoplasma deve ser contínuo em razão dos vários fatores envolvidos como isolados do patógeno, condições ambientais e as próprias técnicas de inoculação e avaliação adotadas nas pesquisas.

Os acessos A01, A04, A25, A27 classificados como moderadamente resistentes e A26 resistente, apresentaram uma menor redução no seu sistema radicular, de acordo com as médias analisadas para o CRA, PFRA e PSRA, destacando-se o acesso A01 que apresentou maiores estimativas de médias para as variáveis analisadas nas raízes. Alguns autores relatam que a resistência do meloeiro a *M. cannonballus* está estritamente relacionada ao sistema

radicular das plantas (DIAS *et al.*, 2002; FITA *et al.*, 2007). Wolf e Miller (1998), com os resultados obtidos em estudo de patogenicidade de *M. cannonballus* à raízes de meloeiro, concluíram que o tamanho e vigor do sistema radicular são características essenciais a serem consideradas em relação a doença nessa cultura. Crosby *et al.* (2000) ao avaliarem caracteres do sistema radicular de duas cultivares tolerantes e duas suscetíveis, observaram que cultivares resistentes possuem maiores médias para o comprimento total da raiz, diâmetro médio da raiz, número de ramificações, número de raízes finas e número de raízes pequenas em relação as cultivares suscetíveis.

Todavia, no presente trabalho, essas características não foram observadas para todos os acessos. Constatou-se que acessos classificados como suscetíveis (A50 e Natal RZ) e altamente suscetíveis (A18 e C91K), também apresentaram menores reduções no seu sistema radicular, esse fato pode ser explicado por características inerentes ao próprio acesso em apresentar um maior vigor no seu sistema radicular e pelo período de infecção.

Segundo Bruton (1998) a resposta de cucurbitáceas a doenças causadas por patógenos radiculares pode ser influenciada pelo estágio de desenvolvimento da planta, nível e tipo de resistência envolvida, densidade do inóculo do patógeno presente no solo, variabilidade do patógeno e condições ambientais envolvidas. Correia *et al.* (2014) comentam que em algumas situações, as infecções nos estádios iniciais de desenvolvimento podem permanecer dormentes e causarem danos mínimos até que a planta seja exposta a algum tipo de estresse ambiental, como excesso de calor, falta de água ou inundação. Com efeito, considerando a associação entre sistema radicular e tolerância ou resistência, são necessárias mais pesquisas para saber o efeito dos fatores que influenciam a reação de genótipos à *M. cannonballus* com diferentes estruturas de sistema radicular. Sob o aspecto do melhoramento genético, os pesquisadores devem conduzir programas visando ampliar o vigor e arquitetura do sistema radicular da planta, objetivando a resistência ao ataque de *M. cannonballus*.

Diante dessas considerações, considerando os resultados obtidos no presente estudo, seria mais prudente verificar a estabilidade da resistência dos acessos mais promissores deste estudo, inoculando-os com mais isolados de *M. cannonballus*. Uma vez se confirmando a resistência de pelo menos um desses acessos, o próximo passo é o estudo da herança da resistência para posterior condução de programas para obter genótipos resistentes, com elevada produtividade e qualidade de frutos.

6. CONCLUSÕES

- a) Existe variabilidade genética entre os acessos avaliados para os descritores de frutos de meloeiro;
- b) Os acessos mais divergentes em relação à maior parte do grupo estudado são: A16, A53, NRZ, A28, A51 e A44;
- c) A divergência genética está concentrada na maior amplitude dos caracteres número de frutos por planta, firmeza da polpa e sólidos solúveis;
- d) Os acessos que se mostraram promissores para o uso em programas de melhoramento foram A01, A04, A25, A27 classificados como moderadamente e A26 altamente resistente ao fungo, apresentando uma menor redução no seu sistema radicular.

REFERÊNCIAS

- AEGERTER, B. J.; GORDON, T. R.; DAVIS, R. M. Occurrence and Pathogenicity of Fungi Associated with Melon Root Rot and Vine Decline in California. **Plant Disease**, St. Paul, v. 84, n. 3, p. 224-230, 2000.
- AGRIOS, G. N. **Fitopatologia**. Ed. Uteha-Noriega Editores. México, v.1, n.1, p. 838, 1996.
- AGROFIT. **Sistema de Agrotóxicos Fitossanitários**. 2023. Disponível em: http://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit_cons/principal_agrofit_cons. Acesso em: 03 de fevereiro, 2023.
- 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.
- ALBUQUERQUE, L. B.; ANTONIO, R. P.; NUNES, G. H. S.; MEDEIROS, R. V.; SILVA FILHO, A. J. R. Caracterização morfológica de fontes de resistência de meloeiro a *Pseudoperonospora cubensis*. **Caatinga**, Mossoró, v. 28, p. 100-107, 2015.
- ALEANDRI, M. P.; MARTIGNONI, D.; REDA, R.; ALFARO-FERNÁNDEZ, A.; FONT, M. I.; ARMENGOL, J.; CHILOSI, G. Involvement of *Oidium bornovanus* and *O. virulentus* in the occurrence of melon root rot and vine decline caused by *Monosporascus cannonballus* in Central Italy. **Journal of Plant Pathology**, v. 99, p. 169-176, 2017.
- AL-SADI, A. M.; AL-SAID, F. A.; AL-KIYUMI, K. S.; AL-MAHROUQI, R. S.; ALMAHMOOLI, I. H.; DEADMAN, M. L. Etiology and characterization of cucumber vine decline in Oman. **Crop Protection**, Guildford, v. 30, p. 192-197, 2011.
- AMBRÓSIO, M. M. Q.; DANTAS, A. C. A.; MARTÍNEZ-PÉREZ, E. M.; MEDEIROS, A. C.; NUNES, G. H. S.; PICÓ, M. B. Screening a variable germplasm collection of *Cucumis melo* L. for seedling resistance to *Macrophomina phaseolina*. **Euphytica**, v. 203, p. 1-12, 2015.
- AMORIM, C. C.; OLIVEIRA, R. S.; QUEIROZ, M. A.; SANTOS, S. S.; AQUINO, I. P. F.; BARBOSA, G. S. Morphological diversity and identification of accessions of melon. **African Journal of Agricultural Research**, v.11, n. 38, p. 3622-3632, 2016.

- ANDRADE, D. E. G. T.; MICHEREFF, S. J.; BIONDI, C. M.; NASCIMENTO, C. W. A.; SALES JÚNIOR, R. Frequência de fungos associados ao colapso do meloeiro e relação com características físicas, químicas e microbiológicas dos solos. **Summa Phytopathologica**, v.31, p. 327-333, 2005.
- ANDRADE, I. S.; MELO, C. A. F., NUNES, G. H. S.; HOLANDA, I. S. A.; GRANGEIRO, L. C.; CORRÊA, R. X. Morphoagronomic genetic diversity of Brazilian melon accessions based on fruit traits, **Scientia Horticulturae**, v. 243, p. 514-523, 2021.
- ANJOS, I. V.; SILVA, L. P.; SILVA, L. R.; ARAÚJO, K. L.; AMORIM, A. F. S.; BARELLI, M. A. A.; NEVESS, L. G. Reação de acessos de *Capsicum* spp. Ao fungo *Fusarium solani*. **Suma Phytopathology**, v.4, n.44, p. 344-349, 2018.
- ARAGÃO, F. A. S. D. **Divergência genética de acessos e interação genótipo x ambiente de famílias de meloeiro**. 2011. 137f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2011.
- ARAGÃO, F. A. S.; TORRES FILHO, J.; NUNES, G. H. S.; QUEIRÓZ, M. A.; BORDALLO, P. N.; BUSO, G. S. C.; FERREIRA NETO, F. Divergência genética entre acessos de melão da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro. **Genética e Pesquisa Molecular**, Ribeirão Preto, v.12, n.4, p.6356-6371, 2013.
- ARMENGOL, J.; JOSÉ, C. M.; MOYA, M. J.; SALES JÚNIOR, R.; VICENT, A.; GARCÍA-JIMÉNEZ, J. *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* race 1, a potential pathogen of grafting watermelon production in Spain. **OEPP Bulletin**, Paris, v. 30, p. 179-183, 2000.
- BALBINO, D.A.D. **Reação de diferentes culturas a *Monosporascus cannonballus***. 50 p. 2015. 50 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2015.
- BASIM, E.; BASIM, H.; ABDULAI, M.; BAKI, D.; OZTÜRK N. Identification and characterization of *Didymella bryoniae* causing gummy stem blight disease of watermelon (*Citrullus lanatus*) in Turkey. **Crop Protection**, Guildford, v. 90, p. 150-156, 2016.
- BELTRÁN, R. **Estudios epidemiológicos y de patogenicidad de *Monosporascus cannonballus* Pollack y Uecker**. 2006. 315f. Tese (Doutorado em Fitopatologia) - Universidad Politécnica de Valencia, Espanha, 2006.

- BELTRÁN, R.; VICENT, A.; SALES JÚNIOR, R.; GARCÍA-JIMENEZ, J.; ARMENGOL, J. Population dynamics of *Monosporascus cannonballus* ascospores in Marsh soils in eastern Spain. **European Journal of Plant Pathology**. St Paul, v.113, p.357-365, 2005.
- BEN SALEM, I.; CORREIA, K. C.; BOUGHALLEB, N.; MICHEREFF, S. J.; LEÓN, M.; ABAD-CAMPOS, P.; GARCÍA-JIMÉNEZ, J.; ARMENGOL, J. *Monosporascus eutypoides*, a cause of root rot and vine decline in Tunisia, and evidence that *M. cannonballus* and *M. eutypoides* are distinct species. **Plant Disease**, v. 97, p. 737-743, 2013.
- BRUTON B.D. Crater rot. In: Zitter TA, Hopkins DL, Thomas CE (Eds.) **Compendium of Cucurbit Diseases**. Saint Paul MN. APS Press. p. 49-50, 1996.
- BRUTON, B. D.; DAVIS, R. M.; GORDON, T. R. Occurrence of *Acremonium* sp. And *Monosporascus cannonballus* in the major cantaloupe and watermelon growing areas of California. **Plant Disease**, v. 79, p. 754, 1995.
- BRUTON, B.D. **Soilborne diseases in Cucurbitaceae: pathogen virulence and host resistance**. In: Cucurbitaceae. Alexandria: International Society for Horticultural Science, 1998.
- BRUTON, B. D.; GARCÍA JIMENEZ, J.; ARMENGOL, J.; POPHAM, T. W. Assessment of virulence os *Acremonium cucurbitacearum* and *Monosporascus cannonballus* on *Cucumis melo*. **Plant Disease**, St Paul, v.84: p. 907-913, 2000.
- BURGER, Y.; PARIS, H.S.; COHEN, R.; KATZIR, N.; TADMOR, Y.; E. LEWINSOHN, E.; SCHAFFER, A.A. Genetic diversity of *Cucumis melo*. **Horticulture Review**. v. 36, p. 165–198, 2010.
- BURGER, Y.; PARIS, H.S.; COHEN, R.; KATZIR, N.; TADMOR, Y.; E. LEWINSOHN, E.; SCHAFFER, A. A. Genetic diversity of *Cucumis melo*. **Horticulture Review**, v. 36, p.165–198, 2010. Disponível em: < <https://doi.org/10.1002/9780470527238.ch3>>. Acesso em: 06 fev. 2023.
- CARTER, W. W. Importance of *Macrophomina phaseolina* in vine decline and fruit rot of cantaloupe in south Texas. **Plant Disease Report**, Saint Paul, v. 63, p. 927-930, 1979.
- CARTER, W. W. Incidence and control of *Myrothecium roridum* on cantaloup in relation to time of fungicide application. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 64, p. 872-874, 1980.

CASTILHOS, L. F. **Cultivo de melão e melancia**. Curitiba: Tecpar, 2012.

CAVALCANTE, A. L. A. **Adaptability and pathogenicity of *Monosporascus* species in cucurbits**. 2021. 47 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia), Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2021.

CHAMPACO, E. R.; MARTYN, R. D.; MILLER, M. E. Comparison of *Fusarium solani* and *F. oxysporum* as causal agents of fruit rot and root rot of muskmelon. **HortScience**, Alexandria, v. 28, p. 1174-1177, 1993.

COHEN, R., ELKIND, Y., BURGER, Y., OFFENBACH, R., NERSON, H. 1996. Variation in the response of melon genotypes to sudden wilt. **Euphytica**, v. 87, n.1, p. 91-95, 1996.

COHEN, R.; ELKABETZ, M.; EDELSTEIN, M. Variation in the responses of melon and watermelon to *Macrophomina phaseolina*. **Crop Protection**, Guildford, v. 85, p. 46-51, 2016.

COHEN, R.; OMARI, N.; PORAT, A.; EDELSTEIN, M. Management of *Macrophomina* wilt in melons using grafting or fungicide soil application: pathological, horticultural and economical aspects. **Crop Protection**, Guildford, v. 35, p. 58-63, 2012a.

COHEN, R.; PIVONIA, S.; BURGER, Y.; EDELSTEIN, M.; GAMLIEL, A.; KATAN, J. Toward integrated management of *Monosporascus* wilt of melons in Israel. **Plant Disease**, St. Paul, v. 84, n. 4, p. 496-505, 2000.

COHEN, R.; PIVONIA, S.; CROSBY, K. M.; MARTYN, R. D. Advances in the biology and management of *Monosporascus* vine decline and wilt of melons and other cucurbits. **Horticultural Reviews**, New York, v. 39, n. 1, p. 77-120, 2012b.

COHEN, R.; PIVONIA, S.; SHTIENBERG, D.; EDELSTEIN, M.; RAZ, D.; GERSTIL, Z.; KATAN, J. Efficacy of Fluazinam in suppression of *Monosporascus cannonballus*, the causal agent of sudden wilt of melos. **Plant Disease**. St Paul, v.84, p.496-505, 2000.

COHEN, R.; PIVONIA, S.; CROSBY, K. M.; MARTYN, R. D. Advances in the Biology and Management of *Monosporascus* Vine Decline and Wilt of Melons and Other Cucurbits. **Horticultural Reviews**, v. 39, n.1, 2012.

COLLADO, J.; GONZÁLEZ, A.; PLATAS, G.; STCHIGEL, A. M.; GUARRO, J.; PELÁEZ, F. *Monosporascus ibericus* sp. nov., an endophytic ascomycete from plants on saline soils,

with observations on the position of the genus based on sequence analysis of the 18S rDNA.

Mycological Research, v. 106, p. 118-127, 2002.

COMEX STAT- **Estatística de Comércio Exterior/Ministério da Indústria, Comércio Exterior e Serviços**. 2023, 03 de Jan. Disponível em:

<http://comexstat.mdic.gov.br/pt/geral/73080>.

CORREIA, K. C.; CONFORTO, C.; MICHEREFF, S. J. Manejo de doenças do sistema radicular: bases científicas, estratégias e práticas. In: Núcleo de Estudos em Fitopatologia – UFLA. (Org.). Sanidade de raízes. São Carlos: Suprema Gráfica e Editora, p.191-234, 2014.

COSTA, A. C. R. O potencial fruticultor Do Rio Grande Do Norte gerando oportunidades no mercado internacional. In: CONGRESSO DE PESQUISA E INOVAÇÃO DA REDE NORTE NORDESTE DE EDUCAÇÃO TECNOLÓGICA, 2., 2007, João Pessoa. **Artigo**. Natal: CEFET, p. 2–8, 2007.

COSTA, F. C. L. **Patogenicidade de novas espécies de *Monosporascus* em acessos de quatro grupos botânicos de meloeiro**. 2020. 39 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia), Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2020.

COSTA, N. D. (ed.). **Sistema de produção de melão**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2012. (Sistemas de Produção, 5).

CROSBY, K. M. Screening Cucumis melo L. Agrestis germplasm for resistance to *Monosporascus cannonballus*. **Subtropical Plant Science**, v. 53, p. 24-26, 2001

CROSBY, K.; WOLFF, D.; MILLER, M. Comparisons of root morphology in susceptible and tolerant melon (*Cucumis melo* L.) cultivars before and after infection by *Monosporascus cannonballus*. **Horticulture Science**, v. 35, p. 681-683, 2000.

CRUZ, C. D. **Análise multivariada e simulação**. Viçosa: UFV, p. 175, 2006.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Programa genes**: modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, p.309, 2001.

DANTAS, A. C. A.; HOLANDA, I. S. A.; NUNES, G. H. S.; PICÓ, M. B. 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.

- DANTAS, A. C. D. 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.
- DAVIS, A. R.; VEAZIE-PERKINS, P.; SAKATA, Y.; LÓPEZ-GALARZA, S.; MAROTO, J. V.; LEE, S. G.; HUH, Y. S.; SUN, Z.; MIGUEL, A.; KING, S. R.; COHEN, R.; LEE, J. M. Cucurbit grafting. **Critical Reviews in Plant Sciences**, West Lane, v. 27, p. 50-74, 2008.
- DHILLON, N.P.S., R. RANJANA, K. SINGH, I. EDUARDO, A.J. MONFORTE, M. PITRAT, N.L. Dhillon, and P.P. Singh 2007. Diversity among landraces of indian snapmelon (*Cucumis melo* var. *momordica*). **Genet. Resources Crop Evol.** v. 54, p. 1267–1283, 2007.
- DIAS, R. C. S.; PICÓ, B.; ESPINOS, A.; NUEZ, F. Resistance to melon vine decline derived from *Cucumis melo* ssp. *agrestis*: genetic analysis of root structure and root response. **Plant Breeding**, v. 123, p. 66-72, 2014.
- DIAS, R.C.S., PICÓ, B.; HERRAIZ, J.; ESPINÓS, A. NUEZ, F. Modifying root structure of cultivated muskmelon to improve vine decline resistance. **HortScience**, v. 37, p.1092-1097, 2002.
- EDELSTEIN, M.; COHEN, R.; BURGER, Y.; SHIBER, S.; PIVONIA, S.; SHTIENBERG, D. Integrated management of sudden wilt in melons, caused by *Monosporascus cannonballus*, using grafting and reduced rates of methyl bromide. **Plant Disease**, Saint Paul, v.83, p.1142-1145, 1999.
- EDELSTEIN, M.; COHEN, R.; GUR, A.; ELKABETZ, M.; PIVONIA, S.; GROSH, R.; FORSTER, P.; SCHWARZ, D. Desempenho de porta-enxertos interespecíficos de *cucurbita* em comparação com suas linhagens parentais. **Scientia Horticulturae**, v. 216, n. 1, p. 45-50, 2017.
- ESCRIBANO, S.; LÁZARO, A. Agro-morphological diversity of Spanish traditional melons (*Cucumis melo* L.) of the Madrid provenance. **Genet. Resour. Crop. Evol**, v.56, p.481-497, 2009.
- ESTEVA, J., NUEZ, F. Field resistance to melon dieback in *Cucumis melo* L. **Cucurbit Genetic Cooperative**, v.17, p. 76-77, 1994.

- FARR, D. F.; MILLER, M. E.; BRUTON, B. D. *Rhizopycnis vagum* gen. et sp. nov., a new Coelomycetous fungus from roots of melons and sugarcane. **Mycologia**, New York, v. 90, p. 290-296, 1998.
- FERGANY, M. B.; KAUR, A.J.; MONFORTE, M.; PITRAT, C.; RYS, H.; LECOQ, N.P.S.; DHILLON, S.S. Variation in melon (*Cucumis melo*) landraces adapted to the humid tropics of southern India. **Genet. Resources Crop Evol.** v.58, p. 225–243, 2011.
- FITA, A.; PICÓ, B.; NUEZ, F. Melon roots under stress: melon vine decline. **Plant Stress**, v.1, p.93- 104, 2007.
- FLORES-LEÓN, A.; PERÉZ, M. C.; MARTÍ R, B. J.; ROSELLÓ, S.; CEBOLLA-CORNEJO, J.; PICÓ, B. Spanish Melon Landraces: Revealing Useful Diversity by Genomic, Morphological, and Metabolomic Analysis. **International Journal of Molecular Sciences**. v. 23, n.13, p.7162, 2022.
- FONTES, P. C. R.; PUIATTI, M. Cultura do melão. In: FONTES, P. C. R. **Olericultura: teoria e prática**. UFV. Viçosa – MG, p 407-428, 2005.
- GARCÍA-JIMÉNEZ, J.; ARMENGOL, J.; SALES JÚNIOR, R.; JORDÁ, C.; BRUTON, B. D. Fungal pathogens associated with melon plants collapse in Spain. **EPPO Bulletin**, Paris, v. 30, n. 14, p.169-173, 2000.
- GASPAROTTO, F.; VIDA, J. B.; TESSMANN, D. J.; ALVES, T. C. A. Infecção latente de *Didymella bryoniae* em meloeiro nobre. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 37, p. 62-64, 2011.
- GATTI, I.; ANIDO, F. L.; PICARDI, L.; COINTRY, E. Selección de progenitores en espárrago. **Horticultura Brasileira**, v. 21, n. 02, p. 163-166, 2003.
- GOMES, T. R. R. **Patogenicidade de espécies de *Monosporascus* em meloeiro**. Orientador: Rui Sales Júnior. 2019. 30 f. TCC (Graduação) – Curso de Bacharel em Agronomia, Departamento de Ciências Agrônômicas e Florestais, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2019. Disponível em: https://repositorio.ufersa.edu.br/bitstream/prefix/4508/1/ThomazRRG_MONO.pdf. Acesso em 03 jan. 2023.

- GUIMARÃES, I. M. **Reação de germoplasmas de melão a *Fusarium solani* f. sp. cucurbitae e herança da resistência do acesso AC-33 a *Monosporascus cannonballus***. 2016. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2016.
- IBGE, INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA, **Produção Agrícola Municipal**, 2021, Rio de Janeiro: IBGE, 2021. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/pam/tabelas>. Acesso em: 03 de jan. 2023.
- IGLESIAS, A., NUEZ, F. Caracterización de diversas entradas de melón frente al colapso o muerte súbita. **Actas de Horticultura**, v. 22, p. 139-147, 1998.
- IGLESIAS, A., PICÓ, B.; NUEZ, F. A temporal genetic analysis of disease resistance genes: resistance to melon vine decline derived from *Cucumis melo* var. *agrestis*. **Plant Breeding**, v.118, p. 1-6, 2000.
- IGLESIAS, A., PICÓ, B.; NUEZ, F. Resistance to melon dieback in *Cucumis melo* ssp. *agrestis* Pat 81. **Phytopathology**, v.89, p.35, 1999.
- IPGRI. **Descriptors for melon (*Cucumis melo* L.)**. Rome: IPGRI, p.65, 2003.
- 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.
- LÁZARO, A.; FERNÁNDEZ, I.C.; BORRERO, M.J.; CABELLO, F.; LÓPEZ-SESÉ, A.I.; GÓMEZ-GUILLAMÓN, M.L.; PICÓ, B. Agromorphological Genetic Diversity of Spanish Traditional Melons. **Genet. Resour. Crop Evol.** v. 64, p. 1687–1706, 2017.
- LOPES-SESÉ, A.I.; STAUB, J.E.; GÓMEZ-GUILLAMÓN, M.L. Genetic analysis of Spanish melon (*Cucumis melo* L.) germplasm using a standardized molecular-marker array and geographically diverse reference accessions. **Theoretical and Applied Genetics**, v.108, p.41-52, 2003.
- LOUWS, F. J.; RIVARD, C. L.; KUBOTA, C. Grafting fruiting vegetables to manage soilborne pathogens, foliar pathogens, arthropods and weeds. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 127, n. 2, p. 127-146, 2010.

MACEDO, S. S.; QUEIROZ, M.; AQUINO, I. P. F.; OLIVEIRA, R. S. Botanical identification and genetic diversity in melons from family farming in the state of Maranhão. **Caatinga**, v. 30, n. 3, p. 602-613, 2017.

MALLOCH, D.; CAIN, R. F. New cleistothecial Sordariaceae and a new family, Coniochaetaceae. **Canadian Journal of Botany**, v. 49, p. 869-880, 1971.

MALUF, W. R. Heterose e emprego de híbridos F1 em hortaliças. In: NASS, Luciano Lourenço et al. (Org.). **Recursos Genéticos e Melhoramento-Plantas**. Rondonópolis-MT: Fundação MT, p. 327-355, 2001.

MARINHO, R. E. M.; SALES JÚNIOR, R.; MARACAJÁ, P. B.; SILVA, G. F.; COSTA, F. M.; SILVA, E. C. Identificação de microflora associada a raízes de meloeiro nos estados do Rio Grande do Norte e Ceará. **Caatinga**, Mossoró, v. 15, n. 1, p. 25-28, 2002.

MARTINELLO, G. E.; LEAL, N. R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, M. G.; DAHER, R. F. Divergência genética em acessos de quiabeiro com base em marcadores morfológicos. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 01, p. 52-57, 2002.

MARTYN, R. D. *Monosporascus root rot* and vine decline of melos. **The Plant Health Instructor**. v. 10, p. 0612-01, 2002.

MARTYN, R. D.; MILLER, M. E. *Monosporascus root rot* and vine decline: an emerging disease of melons worldwide. **Plant Disease**, v. 80, p. 716-725, 1996.

MELO, D. R. M.; NUNES, G. H. S.; DANTAS, D. J.; ARAGÃO, F. A. S.; NUNES, E. W. L. P. Divergência genética entre linhagens de melão do grupo *Inodorus*. **Ciência Agrônômica**, v. 42, n. 2, p. 448-456, 2011.

MERTELY, J. C.; MARTYN, R. D. MILLER, M.E.; BRUTON B. D. The role of *Monosporascus cannonballus* and other fungi in a root rot disease of muskmelon. **Plant Disease**, v. 75, p. 1133-1137, 1991.

MERTELY, J.C., MARTYN, R.D., MILLER, M.E., BRUTON, B.D. An expanded host range for the muskmelon pathogen *Monosporascus cannonballus*. **Plant Disease**, v. 77, p.667-673, 1993.

MIRANDA, J. E. C.; CRUZ, C. D.; COSTA, C. P. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annum* L.) pela divergência genética dos progenitores. **Revista Brasileira de Genética**, v. 11, n. 03, p. 750-758, 2004.

MOHAMMED, S.; ALI-SHTAYEH.; JAMOUS, R. M.; MUNQEZ, J.; SHTAYA, O. B.; MALLAH. IMAD S.; EID. SALAM Y.; ABU ZAITOUN. Morphological characterization of snake melon (*Cucumis melo* var. *flexuosus*) populations from Palestine. **Genet Resour Crop Evol**, v.64, p.7-22, 2017.

NEGREIROS, A. M. P.; SALES JUNIOR, R.; RODRIGUES, A. P. M. S.; LEÓN, M.; ARMENGOL, J. Prevalent weeds collected from cucurbit fields in Northeastern Brazil reveal new species diversity in the genus *Monosporascus*. **Annals of Applied Biology**, v. 174, p. 349-363, 2019.

NORONHA, M. A.; MICHEREFF, S. J.; MOREIRA, P. A. A.; XAVIER FILHA, M. S.; SALES JÚNIOR, R.; MIZUBUTI, S. G. Variabilidade de isolados de *Myrothecium roridum* provenientes de meloeiro cultivado no Estado do Rio Grande do Norte. **Tropical Plant Pathology**, Oxford, v. 33, p. 432-438, 2008.

NUNES, E. W. L. P.; RICARTE, A. O.; MARTÍNEZ, E. M.; ESTERAS, C.; NUNES, G. H. S.; PICÓ, M. B. Morphological and molecular characterization of new melon germplasm resistant to *Podosphaera xanthii*. **Acta Horticulturae**, v. 1151, p. 69–74, 2017.

NUNES, G. H. S.; ARAGÃO, F. A. S.; NUNES, E. W. L. P.; COSTA, J. M.; RICARTE, A. O. **Melhoramento de Melão**. Viçosa: Ed. UFV. Cap. 11 p. 331-363, 2016.

NUNES, G. H. S.; SANTOS JÚNIOR, J. J. S.; ANDRADE, F. V.; BEZERRA NETO, F.; ALMEIDA, A. H. B.; MEDEIROS, D. C. Aspectos produtivos e de qualidade de híbridos de melão cultivados no agropolo Mossoró-Assu. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 22, p. 744-747, 2004.

NUNES, G.H.S.; MADEIROS, A.E.S.; GRANGEIRO, L.C.; SANTOS, G.M.; SALES JÚNIOR, R. Estabilidade fenotípica de híbridos de melão amarelo avaliados no polo agrícola Mossoró-Assú. **Pesq. agropec. bras.**, vol.41, n.9, pp. 1369-1376, 2006.

PAIVA, W.O. Divergência genética entre linhagens de melão e a heterose de seus híbridos. **Horticultura Brasileira** v.20, n.1, p.34-37, 2002.

- PATIL, S. D.; RAMESH, C. Notes on some fungi of Pleosporaceae (Loculoascomycetes) from Maharashtra (India). **Transactions of the Mycological Society of Japan**, v. 28, p. 229-236, 1987.
- PENHA, T.; Estrutura e Dinâmica do Sistema Agroalimentar Mundial: Uma Análise dos Mercados de Fruticultura dos Pólos Irrigados de Açú-Mossoró e Petrolina-Juazeiro. **Mauritius: Novas edições acadêmicas**, 2018.
- PITRAT, M. Melon. In: J. PROHENS and F. NUEZ (eds.), **Handbook of plant breeding**. Springer, New York. p. 283-315, 2008.
- PIVONIA, S.; COHEN, R.; KAFKAFI, U.; BEM ZE"EV, I. S.; KATAN, J. Sudden wilt of melons in Southern Israel: fungal agentes and relationship with plant development. **Plant Disease**, Saint Paul, v.81, n.11, 1997.
- PIVONIA, S.; COHEN, R.; KATAN, J.; KIGEL, J. Effect of fruit load on the water balance of melon plants ifected with *Monosporascus cannonballus*. **Physiological and Molecular Plant Pathology**. Japão, v. 60, p. 39-49, 2002.
- POLLACK, F. G.; UECKER, F. A. Development and cytology of *Monosporascus cannonballus*. **Botanical Gazette**. USA, v. 136, p. 333-340, 1975.
- POLLACK, F. G.; UECKER, F. A. *Monosporascus cannonballus*, an unusual ascomycete in cantaloupe roots. **Mycologia**, v. 66, p. 346-349, 1974.
- R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org>. 2020.
- REUVENI, R.; KRIKUN J.E.; SHANI N. The role of *Monosporascus eutypoides* in a collapse of melon plants in an arid area of Israel. **Phytopathology**, v. 73, n. 9, p. 1223-1226, 1983.
- ROCHA, R.H.; SILVA, E. D. O.; SALOMÃO, L. C. C.; VENTRELLA, M. C. Caracterização morfoanatômica do melão gália no ponto de colheita. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.32, n.2, p.375-385, 2010.
- RODRIGUES, A. P. M. S. **Variabilidade de isolados de *Monosporascus cannonballus* oriundos de plantas daninhas presentes em campos de produção de meloeiro**. 2017. 100

f. Tese (Doutorado em Fitotecnia), Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2017.

SALARI, M.; PANJEHKEH, N.; NASIRPOOR, Z.; ABKHOO, J. Reaction of melon (*Cucumis melo* L.) cultivars to soil-borne plant pathogenic fungi in Iran. **African Journal of Biotechnology**, v. 11, n. 87, p. 15324-15329, 2011.

SALARI, M.; PANJEHKEH, N.; NASIRPOOR, Z.; ABKHOO, J. Reaction of Melon (*Cucumis melo* L.) Cultivars to *Monosporascus cannonballus* (Pollack & Uecker) and their effect on total phenol, total protein and peroxidase activities. **Journal of Phytopathology**, v.161, p. 363-368, 2013.

SALES JÚNIOR, R; VICENT, A.; ARMENGOL, J.; GARCÍA-JIMÉNEZ, J.; KOBORI, R. F. Comportamento de cultivares de meloeiro e melancia inoculados com *Acremonium cucurbitacearum* e *Monosporascus cannonballus*. **Fitopatologia Brasileira**, v. 27, n. 2, pág. 206-210, 2002.

SALES JÚNIOR, R.; BALBINO, D.A.D.; NEGREIROS, A.M.P.; BARBOZA, H.S.; MEDEIROS, E.V.; ARMENGOL, J. Cotton, cowpea and sesame are alternative crops to cucurbits in soils naturally infested with *Monosporascus cannonballus*. **Journal of Phytopathology**, v. 166, p. 396-402, 2018.

SALES JÚNIOR, R.; NASCIMENTO, I. J. B.; FREITAS, L. S.; BELTRÁN, R.; ARMENGOL, J.; VICENT, A.; GARCÍA-JIMÉNEZ, J. First report of *Monosporascus cannonballus* on melon in Brazil. **Plant Disease**, v. 88, p. 84, 2004.

SALES JÚNIOR, R.; NEGREIROS, A. M. P.; BELTRÁN, R.; ARMENGOL, J. Podridão de raízes por *Monosporascus* e declínio de ramas no meloeiro: grave problema sem solução. In: LOPES, U. P.; MICHEREFF, S. J. (org.). **Desafios do manejo de doenças radiculares causadas por fungos**. Recife: Universidade Federal Rural de Pernambuco, p. 111-130, 2018.

SALES JÚNIOR, R.; OLIVEIRA, O.F.; MEDEIROS, E.V.; GUIMARÃES, I.M.; CORREIA, K.C.; MICHEREFF, S.J. Ervas daninhas como hospedeiras alternativas de patógenos causadores do colapso do meloeiro. **Revista Ciência Agrônoma**, v. 43, p. 195-198, 2012.

SALES JÚNIOR, R.; SANTANA, C. V. S.; NOGUEIRA, D. R. S.; SIVA, K. J. P.; GUIMARÃES, I. M. First Report of *Monosporascus cannonballus* on Watermelon in Brazil. **Plant Disease**, Saint Paul, v. 94, n. 2, p. 278, 2010.

SALES JÚNIOR, R.; SENHOR, R. B.; MICHEREFF, S. J.; NEGREIROS, A. M. P. Reaction of melon genotypes to the root's rot caused by *Monosporascus*. **Caatinga**. Mossoró, v.32, n.1, p.288-294, 2019.

SALES JÚNIOR, R.; SENHOR, R.F.; MICHEREFF, S.J.; MEDEIROS, E.V. Influência da adubação verde no declínio de *monosporascus* em solo naturalmente infestado. **Horticultura Brasileira**, v. 35, p. 135-140, 2017.

SCOTT, A.; KNOTT, M. **Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance**. **Biometrics**, Washington, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.

SILVA, A. E. A.; NUNES, G. H. S.; SILVA, J. M. C.; NUNES, E.W. L. P.; MORAIS, P. L. D.; VIEIRA, A. B.; FERREIRA, R. R. Inheritance of hydrogen potential (pH) and titratable acidity in the melon. **Ciência Agronômica**, v. 53, n.6, 2022.

SILVA, K. J. P.; CORDEITO, A. G.; NOGUEIRA, D. R. S.; SALES JUNIOR, R. *Monosporascus cannonballus*: Agente causal do colapso ou morte súbita do meloeiro. **Revista Verde**, Pombal, v.5, n.4, p. 11-18, 2010.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, p. 2, p. 237-245, 1981.

SIVANESAN, A. *Monosporascus cannonballus*. **Mycopathologia**. 114:53, 1991.

STANGHELLINI, M. E.; WAUGH, M. M.; RADEWALD, K. C.; KIM, D. H.; FERRIN, D. M.; TURINI, T. Crop residue destruction strategies that enhance rather than inhibit reproduction of *Monosporascus cannonballus*. **Plant Pathology**. St Paul, v. 53, p. 50-53, 2004.

STAUB, J. E.; DANIN-POLEG, Y.; FAZIO, G.; HOREJSI, T.; REIS, N.; KATZIR, N. Comparative analysis of cultivated melon groups (*Cucumis melo* L.) using random amplified polymorphic DNA simple sequence repeat markers. **Euphytica**, v. 115, n.1, p. 225-241, 2000.

STEPANSKY, A.; KOVALSKI, I; PERL-TREVES, R. Intraspecific classification of melons (*Cucumis melo* L.) in view of their phenotypic and molecular variation. **Plant Systematic Evolution**, v.217, n.2, p.313-332, 1999.

SUDISHA, J.; VASANTH KUMAR, T.; NIRANJANA, S. R.; SHEKAR SHETTY, H. First report of gummy stem blight caused by *Didymella bryoniae* on muskmelon (*Cucumis melo*) in India. **Plant Pathology**, Oxford, v. 53, p. 533, 2004.

SZAMOSI, C.; SOLMAZ, I.; SARI, N.; CSABA BÁRSONY, C. Morphological evaluation and comparison of Hungarian and Turkish melon (*Cucumis melo* L.) germplasm. **Scientia Horticulturae**, v.124, p.170-182, 2010.

TORRES FILHO, J. **Caracterização morfo-agronômica, seleção de descritores e associação entre a divergência genética e a heterose em meloeiro**. 2008. 150f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2008.

TORRES FILHO, J.; NUNES, G. H. S.; VASCONCELOS, J. J. C.; FILHO, J. H. C.; COSTA, G. G. Caracterização morfológica de acessos de meloeiro coletados no nordeste brasileiro. **Caatinga**, Mossoró, v.22, n. 3, p. 174- 181, 2009.

TSAY, J. G.; CHEN, R. S.; TUNG, B. K. Survival of *Monosporascus cannonballus* in the field soils. **Plant Pathology Bulletin**. St Paul, v.8, n.3, p.121-124, 1999.

VALADARES, R.N.; MELO, R. A.; SARINHO, I. V. F.; OLIVEIRA, N. S.; ROCHA, F. A. T.; SILVA, J. W.; MENEZES, D. Genetic diversity in accessions of melon belonging to *Momordica* group. **Horticultura Brasileira**, v.36, p. 253-258, 2018.

VAZ PATTO, M.C.; SATOVIC, Z.; PÊGO, S.; FEVEREIRO, P. Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germoplasm using microsatellite markers. **Euphytica**, v.1, n.137, p.63-72, 2004.

WATANABE, T. *Monosporascus cannonballus*, an ascomycete from wilted melon roots described in Japan. **Transactions of the Mycological Society of Japan**, Kyoto, v. 20, n. 3, p. 312-316, 1979.

WAUGH, M.; KIM, D. H.; FERRIN, D. M.; STANGHELLINI, M. E. Reproductive potencial of *Monosporascus cannonballus*. **Plant Disease**. St Paul, v.87, p.45-50, 2003.

WHITAKER, T.W.; DAVIS, G.N. **Curcubita botany, cultivation and utilization**. London: Leonard Hill, p.250, 1962.

WOBBROCK, J. O.; FINDLATER, L.; GERGLE, D.; HIGGINS, J. J. The Aligned Rank Transform for nonparametric factorial analyses using only ANOVA procedures. In: P

proceedings of the ACM Conference on Human Factors in Computing Systems (CHI '11). Vancouver, British Columbia (May7-12, 2011). New York: ACM Press, p. 143-146, 2011.

WOLF, D. W. Avaliação de germoplasma de melão para resistência à expressão de sintomas de podridão radicular de *Monosporascus* / declínio da videira em melão (*Cucumis melo* L.). In: PROCEDIMENTOS, REUNIÃO DA EUCARPIA SOBRE GENÉTICA E CRIAÇÃO DE CUCURBIT, 6. **Anais...**Málaga, p. 224-228, 1995.

WOLFF, D.W., MILLER, M.E. Tolerance to *Monosporascus* root rot and vine decline in melon (*Cucumis melo* L.) germplasm. **HortScience**, v. 33, p. 287-290, 1998.

WU, Z.; TU, M.; YANG, M.; XU, J.; YU, Z. Effect of cutting and storage temperature on sucrose and organic acids metabolism in postharvest melon fruit. **Postharvest Biology and Technology**, v.161, p.1-12, 2020.