



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

FRANCISCO LEANDRO COSTA LOUREIRO

**HERANÇA DA COR DA POLPA, CRACKING E RENDILHAMENTO EM
MELOEIRO E EMPREGO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO EM LINHAGENS DE
MELÃO DO TIPO TIGRE**

MOSSORÓ

2023

FRANCISCO LEANDRO COSTA LOUREIRO

**HERANÇA DA COR DA POLPA, CRACKING E RENDILHAMENTO EM
MELOEIRO E EMPREGO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO EM LINHAGENS DE
MELÃO DO TIPO TIGRE**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Semi-Árido como requisito para obtenção do título de Doutor em Agronomia: Fitotecnia.

Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético

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

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.

LL892 Loureiro, Francisco Leandro Costa.
h Herança da cor da polpa, cracking e
rendilhamento em meloeiro e emprego de índices de
seleção em linhagens de melão do tipo tigre /
Francisco Leandro Costa Loureiro. - 2023.
59 f. : il.

Orientador: Glauber Henrique de Sousa Nunes.
Tese (Doutorado) - Universidade Federal Rural
do Semi-árido, Programa de Pós-graduação em
Fitotecnia, 2023.

1. Cucumis melo. 2. Controle genético. 3.
Melhoramento vegetal. 4. Múltiplos caracteres. I.
Nunes, Glauber Henrique de Sousa, orient. II.
Título.

Ficha catalográfica elaborada por sistema gerador automático em conformidade
com AACR2 e os dados fornecidos pelo autor(a).
Biblioteca Campus Mossoró / Setor de Informação e Referência
Bibliotecária: Keina Cristina Santos Sousa e Silva
CRB: 15/120

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.

FRANCISCO LEANDRO COSTA LOUREIRO

**HERANÇA DA COR DA POLPA, CRACKING E RENDILHAMENTO EM
MELOEIRO E EMPREGO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO EM LINHAGENS DE
MELÃO DO TIPO TIGRE**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Semi-Árido como requisito para obtenção do título de Doutor em Agronomia: Fitotecnia.

Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético

Defendida em: 30 / 09 / 2023.

BANCA EXAMINADORA

Documento assinado digitalmente



GLAUBER HENRIQUE DE SOUSA NUNES

Data: 27/12/2023 09:20:56-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. D. Sc. Glauber Henrique de Sousa Nunes (UFERSA)

Presidente

Documento assinado digitalmente



STEFESON BEZERRA DE MELO

Data: 26/12/2023 08:06:25-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. D. Sc. Stefeson Bezerra de Melo (UFERSA)

Membro Examinador

Documento assinado digitalmente



EDICLEIDE MACEDO DA SILVA

Data: 22/12/2023 20:00:03-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. D. Sc. Edicleide Macedo da Silva (UFERSA)

Membro Examinador

**HAILSON ALVES FERREIRA
PRESTON:00924150408**

Assinado digitalmente por HAILSON ALVES FERREIRA PRESTON:00924150408
ID: CN=HAILSON ALVES FERREIRA PRESTON:00924150408, OU=UFRN -
Universidade Federal do Rio Grande do Norte, O=ICPEdu, C=BR
Razão: Eu sou o autor deste documento
Localização:
Data: 2023.12.22 16:14:00-0300
Fonte PDF Reader Versão: 2023.2.0

Prof. D. Sc. Hailson Alves Ferreira Preston (UFRN)

Membro Examinador

Documento assinado digitalmente



ANANKIA DE OLIVEIRA RICARTE MARINHO

Data: 22/12/2023 17:14:18-0300

Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. D. Sc. Anânkia de Oliveira Ricarte Marinho (UNEMAT)

Membro Examinador

Aos meus pais, Onofre e Neusa, e à minha esposa, Talita Kelle, que sempre me apoiaram na realização deste sonho.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, que durante todo o percurso deste trabalho esteve me segurando para não desistir e seguir em frente. Mesmo diante da maior Pandemia vivida. Por me fazer acreditar que pela fé tudo é possível, me fazendo ser melhor a cada dia. Pelo presente que é todos os dias usufruir de suas bênçãos de saúde e proteção. Que seja feita a Vossa vontade.

Aos meus pais, Onofre e Neusa, meus irmãos, André e Andréia, e familiares que estiveram em orações e que nunca mediram esforços para que eu cumprisse cada etapa de minha vida. Quero honrá-los pelo apoio e retribuir. Especialmente, meu pai, que se mostrou forte neste período.

À minha amada esposa, Talita Kelle, por toda a compreensão, amor, carinho e paciência no convívio diário. Apesar da distância, lutamos sempre juntos em todos os momentos, bons e ruins. Foi difícil até chegar aqui.

À UFERSA, pela oportunidade de ingressar em um dos melhores programas de pós-graduação em Fitotecnia do país. Aos servidores e colaboradores que ajudaram na implantação, condução e avaliação dos experimentos.

Ao corpo docente e todos que fazem o Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia da UFERSA.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES, pelo apoio financeiro durante o doutorado.

Ao professor Glauber Nunes, por sua orientação, ensinamentos e amizade que irei carregar pelo resto da vida.

Aos membros da banca examinadora, pelas sugestões e contribuições para aprimorar o conteúdo da tese.

Aos colegas do Grupo de Estudos em Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal – GERMEV (Adriano Ferreira, Andreza Fontes, Carla Pereira, Cleilson Costa, Ana Cyntia, Roberta Rocha, Ruth, Francisco Linco), pela convivência nestes quatro anos.

Aos amigos (as), pela torcida a todo momento, de perto ou de longe. Compartilho com vocês com muita alegria.

Não fui eu que ordenei a você? Seja forte e corajoso! Não se apavore nem desanime, pois o Senhor, o seu Deus, estará com você por onde você andar.

Josué 1:9

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estudar a herança de caracteres qualitativos de frutos do meloeiro e selecionar linhagens promissoras de melão tipo tigre por meio de índices de seleção. Dois estudos de herança foram conduzidos em condições de campo no Pomar Didático da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA). As populações utilizadas foram derivadas de dois cruzamentos: AC-02 x 'Timeless Gold' (cruzamento 01) e I-180 x 'Timeless Gold' (cruzamento 02). Foi utilizado o delineamento genético clássico envolvendo as seguintes populações: 167 plantas da geração F2, dez plantas F1 e dez plantas de cada genitor de cada cruzamento. A partir das frequências observadas nas plantas das populações segregantes definidas para cor da polpa (salmão, verde ou branca), cracking (presente ou ausente) e textura do pericarpo (liso ou rendilhado), foi utilizado o teste Qui-quadrado (χ^2) a 5% de probabilidade. A herança da cor da polpa está condicionada à interação epistática de dominância entre dois genes. O controle genético associado a rachaduras no melão (cracking) envolve a interação gênica de dois genes do tipo epistasia dupla recessiva. O rendimento do pericarpo do melão possui controle monogênico dominante. No segundo estudo, foram avaliadas vinte e quatro linhagens do cruzamento I-180 x 'Timeless Gold' obtidas por meio de autofecundações até a geração F6. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com três repetições. Para compor os índices, foram avaliadas as características: produtividade, número de frutos por planta, peso médio do fruto, espessura de polpa, firmeza de polpa e sólidos solúveis. Foram utilizados os índices de seleção: MGIDI e FLAI-BLUP. Na análise fatorial para os métodos MGIDI e FAI-BLUP, o primeiro componente principal ($\lambda_1=2,85$) explicou 56,9% da variação, ao passo que o segundo componente ($\lambda_2 =1,09$) explicou 21,8%, totalizando 78,7% da variação total. A seleção pelos dois métodos foi semelhante, sendo selecionadas as linhagens TC-22 e TC-03 como promissoras.

Palavras-chave: *Cucumis melo*. Controle Genético. Melhoramento vegetal. Múltiplos caracteres

ABSTRACT

The aim of this study was to investigate the genetic inheritance of qualitative characteristic in melon and to evaluate Tigre-type melon lines using selection indices, with the aim of identifying genotypes that associate desirable characteristics. Two trials were conducted under field conditions at the Didactic Orchard of the Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA). The populations used originated from two crossings: AC-02 x 'Timeless Gold' (cross 01) and I-180 x 'Timeless Gold' (cross 02). The classic genetic design was used, involving the following populations: 167 plants from the F₂ generation, 10 F₁ plants, and 10 plants of each parent. Based on the observed frequencies in the segregating populations for pulp color (salmon, green, or white), cracking (present or absent), and pericarp texture (smooth or netted), the Chi-square (χ^2) test was used at a 5% probability level. The inheritance of pulp color is controlled by an epistatic interaction of dominance between two genes. The genetic control associated with melon cracking involves the gene interaction of two double recessive epistasis genes. The netting of the melon pericarp is under dominant monogenic control. Twenty-four lines from I-180 x 'Timeless Gold' cross obtained through self-fertilization up to the F₆ generation were evaluated. The design used was randomized blocks with three replications. To compose the indices, the following characteristics were evaluated: productivity, number of fruits per plant, average fruit weight, pulp thickness, pulp firmness and soluble solids. The following selection indices were used: MGIDI e FLAI-BLUP. In factor analysis to MGIDI and FAI-BLUP methods, the first principal component ($\lambda_1=2.85$) explained 56.9% of variation, while the second component ($\lambda_2 =1.09$) explained 21.8%, totaling 78.7% of the total variation. The selection using both methods was similar, with TC-22 and TC-03 lines being selected as promising.

Keywords: *Cucumis melo*. Genetic control. Plant breeding. Multiple traits.

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 1

- Figura 1.** Fruto dos acessos recorrentes AC-02 (a) e I-180 (b) e do cultivar comercial ‘Timeless Gold’ (c), utilizado como genitor doador. Mossoró, UFERSA, 2023..... 27
- Figura 2.** Frutos com as colorações de polpa encontradas na geração F2 do cruzamento AC-02 x ‘Timeless Gold’, sendo: salmão (a), branca (b) e verde (c). Mossoró, UFERSA, 2023..... 29
- Figura 3.** Frutos com as colorações de polpa encontradas na geração F2 do cruzamento I-180 x ‘Timeless Gold’, sendo: salmão (a), branca (b) e verde (c). Mossoró, UFERSA, 2023..... 30

CAPÍTULO 2

- Figura 1.** Contribuição percentual dos componentes de variância genotípica, da interação genótipo por ambientes e residual caracteres de produção e qualidade de frutos em linhagens do Tipo ‘Tigre’ avaliadas em dois experimentos. FW: Peso médio do fruto, em kg; YD: Produtividade, em Mg. ha⁻¹; SS: Sólidos solúveis, em %; PT: Espessura da polpa, em cm; e PF: Firmeza da polpa, em Kgf..... 45
- Figura 2.** (a) Correlações dos valores genotípicos entre os caracteres de produção e qualidade de frutos em linhagens do Tipo ‘Tigre’ avaliadas em dois experimentos. (b) Dispersão dos genótipos em função dos escores dos dois primeiros componentes principais. FW: Peso médio do fruto, em kg; YD: Produtividade, em Mg.ha-1; SS: Sólidos solúveis, em %; PT: Espessura da polpa, em cm; e PF: Firmeza da polpa, em Kgf..... 47
- Figura 3.** (a) Distâncias euclidianas padronizadas. (b) Agrupamento linhagens de melão do tipo Tigre e seus genitores a partir do método de ligação média UPGMA. Correlação cofenética ($r = 0,86^{**}$) 48
- Figura 4.** Classificação de linhagens e linhagens selecionadas (em vermelho) em ordem crescente para o índice de distância de ideótipo de genótipo multicaracterística (a) e índice FAI-BLUB. O círculo vermelho representa o ponto de corte de acordo com a pressão de seleção..... 51
- Figura 5.** Número de genótipos coincidentes (NGC) em função do número de genótipos selecionados (NGS) pelos índices MGDI e FAI-BLUP..... 52

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1

- Tabela 1.** Frequência absoluta, Razão esperada e teste Qui-quadrado para a coloração de polpa em populações procedentes dos cruzamentos AC-02 x ‘Timeless Gold’ e I-180 x ‘Timeless Gold’. Mossoró, UFERSA, 2023..... 30
- Tabela 2.** Frequência absoluta, Razão esperada e teste Qui-quadrado para *cracking* em populações procedentes do cruzamentos AC-02 x ‘Timeless Gold’. Mossoró, UFERSA, 2023..... 31
- Tabela 3.** Frequência absoluta, Razão esperada e teste Qui-quadrado para rendilhamento do epicarpo em populações procedentes dos cruzamentos AC-02 x ‘Timeless Gold’ e I-180 x ‘Timeless Gold’. Mossoró, UFERSA, 2023..... 32

CAPÍTULO II

- Tabela 1.** Teste LRT, estimativas de componentes de variância, herdabilidade, acurácia, coeficiente de determinação da interação G x A, correlação genética, coeficiente de variação e média de caracteres de produção e qualidade de frutos em linhagens do Tipo ‘Tigre’ avaliadas em dois experimentos..... 45
- Tabela 2.** Variância explicada, cargas fatoriais após rotação varimax e comunalidades obtidas na análise fatorial para caracteres de produção e qualidade de frutos em linhagens do Tipo ‘Tigre’ avaliadas em dois experimentos..... 49
- Tabela 3.** Média original, médias após a seleção e ganhos genéticos percentuais obtidos pelos métodos MGIDI e FAI-BLUP considerando caracteres de produção e qualidade de frutos em linhagens do Tipo ‘Tigre’ avaliadas em dois experimentos..... 50
- Tabela 4.** Classificação segundo os índices MGDI e FAI-BLUP e predições de médias genotípicas de caracteres de produção e qualidade de frutos em linhagens do Tipo ‘Tigre’ e seus genitores..... 52

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL.....	14
1.1	Importância socioeconômica do cultivo de melão no nordeste brasileiro...	14
1.2	Diversidade genética do meloeiro.....	15
1.3	Recursos genéticos e melhoramento genético do meloeiro no nordeste brasileiro.....	16
1.4	Uso de índices de seleção no melhoramento de plantas	17
	REFERÊNCIAS.....	19
	CAPÍTULO 1	
	HERANÇA DA COR DA POLPA, CRACKING E RENDILHAMENTO EM MELOEIRO	
	RESUMO.....	22
	ABSTRACT.....	23
1	INTRODUÇÃO.....	24
2	MATERIAL E MÉTODOS.....	26
2.1	Local.....	26
2.2	Obtenção das populações.....	26
2.3	Estudo de Herança	27
2.4	Análises Estatísticas	27
3	RESULTADOS	29
3.1	Herança da cor da polpa	29
3.2	Herança do <i>cracking</i>	31
3.3	Herança do rendimento	31
4	DISCUSSÃO	33
5	CONCLUSÕES	35
	REFERÊNCIAS	36
	CAPÍTULO 2	
	EMPREGO DE ÍNDICE SELEÇÃO EM LINHAGENS DE MELÃO DO TIPO TIGRE	
	RESUMO.....	38
	ABSTRACT.....	39
1	INTRODUÇÃO.....	40
2	MATERIAL E MÉTODOS.....	42

3	RESULTADOS	44
3.1	Modelo Misto	44
3.2	Correlação entre caracteres e Divergência genética	46
3.3	Análise Fatorial	49
3.4	Ganhos de seleção e genótipos selecionados	49
4	DISCUSSÃO	54
5	CONCLUSÕES	57
	REFERÊNCIAS	58

1 INTRODUÇÃO GERAL

1.1 Importância socioeconômica do cultivo de melão no nordeste brasileiro

O cultivo de melão (*Cucumis melo* L.) no Nordeste brasileiro tem sido objeto de extenso estudo devido à sua significativa importância econômica na região. A produção de melão tem desempenhado papel crucial na geração de empregos, renda e exportações, contribuindo para o desenvolvimento socioeconômico local.

De acordo com a FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations), o Nordeste do Brasil se destaca como um dos principais polos de produção de melão do país, graças às suas condições climáticas favoráveis e solos adequados para o cultivo dessa fruta. A produção nacional alcançou 600 mil toneladas no ano de 2021, ocupando a 10ª colocação no ranking mundial. O clima semiárido da região, com elevadas temperaturas e baixos índices pluviométricos, proporciona condições ideais para o cultivo do meloeiro, permitindo a obtenção de frutos de alta qualidade (FAO, 2022).

Conforme apontado por Nunes et al. (2016), o cultivo de melão tem gerado significativos impactos socioeconômicos positivos no Nordeste, além de proporcionar empregos diretos e indiretos em todas as fases da cadeia produtiva: desde o plantio até a comercialização, a produção de melão também tem impulsionado a economia local por meio das exportações. O Brasil se destaca como um dos principais exportadores mundiais de melão, e a região Nordeste desempenha papel crucial nesse cenário.

De acordo com dados do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, 2022), as exportações de melão provenientes do Nordeste brasileiro têm apresentado crescimento consistente nos últimos anos. A diversificação das variedades cultivadas, a adoção de tecnologias de produção avançadas e a melhoria das práticas de pós-colheita têm contribuído para a conquista de novos mercados internacionais.

No entanto, é importante destacar os desafios enfrentados pelo setor. De acordo com Santos (2021), questões como oscilações climáticas, pragas e doenças podem afetar a produção de melão e causar prejuízos significativos aos agricultores. Portanto, investimentos em pesquisa e desenvolvimento são essenciais para o aprimoramento das técnicas de cultivo e para a criação de variedades mais resistentes.

1.2 Diversidade genética do meloeiro

A diversidade genética é um fator crucial para a evolução, adaptação e sobrevivência das espécies vegetais, desempenhando papel fundamental na melhoria de culturas agrícolas importantes, como o meloeiro (*Cucumis melo* L.). A compreensão da diversidade genética do meloeiro é essencial para o desenvolvimento de variedades resistentes e produtivas capazes de enfrentar os desafios ambientais e de mercado.

A análise da diversidade genética do meloeiro tem sido extensivamente investigada em diversos estudos. Monforte et al. (2004) realizaram uma análise de sequências do gene *rbcL*, identificando a existência de diferentes grupos genéticos dentro do gênero *Cucumis*, o que evidencia a variabilidade genética presente nessa espécie. Além disso, a pesquisa de Nimmakayala et al. (2014) empregou marcadores SSR para avaliar a diversidade genética de uma ampla coleção de acessos de meloeiro. Os resultados revelaram uma rica diversidade genética entre as populações, com a identificação de subgrupos relacionados a características específicas, como resistência a doenças e qualidade de frutos.

O uso de técnicas moleculares avançadas também contribuiu para a compreensão da diversidade genética do meloeiro. Jadhav et al (2021) empregaram a técnica de *genotyping-by-sequencing* (GBS) para analisar a diversidade genética e a estrutura populacional das variedades de melão. Os resultados destacaram a importância da conservação dos recursos genéticos e revelaram variação genética considerável em diferentes acessos.

Além da análise molecular, estudos fenotípicos têm sido conduzidos para complementar a compreensão da diversidade genética do meloeiro. Pitrat (2013) relata uma revisão abrangente de características de qualidade de frutos em diferentes variedades de meloeiro, bem como o controle genético associado a estes caracteres. A pesquisa revelou ampla variação fenotípica, indicando o potencial para selecionar variedades com atributos desejados para os consumidores e produtores.

Por exemplo, a polpa (mesocarpo) dos melões pode ser verde como os tipos selvagens (presença de clorofila), branca (um alelo recessivo *wf*) ou laranja (presença de β -caroteno e alelo dominante *gf* +). O melão pode ser doce (*cantalupensis*, *reticulatus*, grupos *inodorus*, *ameri*...) ou não (*acidulus*, *flexuosus*, grupos *conomon*, *tibish*...). Um gene recessivo principal e QTLs recessivos estão envolvidos no controle genético do acúmulo de açúcar. Baixa acidez ou pH alto também são controlados por um gene recessivo (alelo pH+).

A maturação do melão pode ser climatérica ou não climatérica, com ou sem deiscência do pedúnculo dos frutos. Genes principais dominantes responsáveis pela camada de abscisão e QTLs estão envolvidos no controle genético do efeito climatérico (Tanaka et al., 2013).

O advento das abordagens genômicas tem impulsionado ainda mais a pesquisa sobre a diversidade genética do meloeiro. O sequenciamento do genoma completo do meloeiro por García-Mas et al. (2012) abriu novas perspectivas para a compreensão dos mecanismos genéticos subjacentes a características importantes, como aroma, resistência a doenças e metabolismo de açúcares.

1.3 Recursos genéticos e melhoramento genético do meloeiro no nordeste brasileiro

Considerando os diversos processos de seleção natural e aqueles realizados pelo homem que a cultura do melão sofreu ao longo do tempo, esta espécie apresenta alta variabilidade genética na região nordeste do Brasil (Queiróz; Barbieri; Silva, 2015). O Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas da Região Nordeste da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Semiárido), localizada no município de Petrolina, contém aproximadamente 150 acessos desta região e é detentor de genes muito importantes para programas de melhoramento (Silva et al., 2010).

Alguns trabalhos realizados com amostras deste germoplasma, utilizando caracterizações morfológicas e moleculares de acessos de melão, confirmaram a existência de ampla variabilidade genética. Porém, esses trabalhos não estimaram variações dentro dos acessos e utilizaram uma classificação que estabelece apenas sete e seis grupos botânicos, respectivamente, com base em apenas uma geração (Torres et al, 2009; Aragão et al, 2013).

Amorim et al. (2016) e Macêdo et al. (2017) avaliaram duas gerações sequenciais de uma amostra de acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas da Região Nordeste do Brasil e estabeleceu o conceito de sub-acessos para designar a variação dentro destes acessos, sendo que no primeiro trabalho foram desdobrados 15 acessos em 26 sub-acessos, e no segundo foram subdivididos 15 acessos em 27 sub-acessos. Em ambos, os estudos descreveram duas subespécies: *agrestis* e *melo*.

Além disso, Pitrat (2016) conduziu um novo estudo botânico de sistematização para melão, considerando a classificação anterior (PITRAT; HANELT; HAMMER, 2000) inconsistente, pois a pilosidade no ovário apresenta variação dentro de um mesmo grupo, propondo, assim, uma nova classificação com 19 grupos botânicos e subgrupos quando necessário, para representar as variações encontradas dentro dos grupos.

A Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA) possui em sua coleção de germoplasma vários acessos promissores para utilização em programas de melhoramento visando à resistência a estresses bióticos, como pragas e doenças, como também estresses abióticos, como mitigação de salinidade do solo.

Nunes (2014) identificou dois QTLs (Pm-AM55-A_1 e Pm-A55-1A_2) no grupo de ligação V no cruzamento AM55-1A x 'Védrantais' associados à resistência nos acessos AM55-1A e C-AC-15 ao Oídio causado pelo fungo *Podosphaera xanthii* em meloeiro. Costa (2017), avaliando 58 acessos deste mesmo germoplasma, identificou que os acessos C-AC-04, C-AC-08, CAC-26, C-AC-31, I 162, I 173 e MR-1 possuíram menores médias de severidade e incidência de mancha de *Alternaria* spp. e que o acesso C-AC-12 possui resistência intermediária a *Acidovorax avenae*. Além disso, os acessos AM 55 e Nantais Oblong, bem como o híbrido Rutênio, foram resistentes à mosca minadora *Liriomyza sativae* em ambiente controlado.

Os estudos de herança de caracteres importantes são bastante utilizados como objeto de estudos na UFERSA. Dantas (2015), estudando a herança de seis características quantitativas (peso médio de fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza da polpa e sólidos solúveis), concluiu que a herança é complexa, com a presença de gene de efeito maior e poligenes com efeitos aditivos e de dominância.

Ricarte (2016) investigou a herança da resistência do acesso AC-02 às raças 1 e 5 de *P. xanthii* por meio de cruzamento com a cultivar suscetível 'Védrantais'. Neste trabalho, a herança identificada é controlada, cada uma por um gene composto por dois alelos, de modo que o alelo que confere resistência domina o alelo para suscetibilidade. Posteriormente, Martins (2019) observou herança monogênica e recessiva em relação às raças 3.5 e 5 de *P. xanthii* ao utilizar o acesso AM-55 como fonte de resistência. Loureiro (2019) encontrou vários modelos de controle genético para resistência dos acessos PI 313970 e PI 414723 a *P. xanthii* como epistasia recessiva e dominante, epistasia recessiva dupla e monogênica dominante. Rocha (2022) constatou que um gene com dominância completa condiciona à resistência no acesso 'AM-RT', além de ter selecionado linhagens promissoras para melhoramento visando à resistência à mosca minadora.

1.4 Uso de índices de seleção no melhoramento de plantas

A prática milenar do melhoramento de plantas tem como objetivo aprimorar características desejáveis em variedades vegetais visando a aumentar a produtividade,

resistência a doenças, adaptação a diferentes ambientes e qualidade dos produtos. Nesse contexto, a utilização de índices de seleção surge como uma ferramenta fundamental para guiar o processo de escolha das plantas que serão utilizadas como progenitoras nas gerações seguintes.

De acordo com Viana et al. (2018), os índices de seleção são ferramentas estatísticas que possibilitam a combinação ponderada de diferentes características de interesse, permitindo a seleção de genótipos superiores de forma mais eficiente. Esses índices consideram não apenas uma característica isoladamente, como também a relação entre múltiplas características, levando em conta as interações genéticas e ambientais.

Diversos estudos têm ilustrado a eficácia dos índices de seleção no melhoramento de plantas. Silva et al. (2023) aplicaram um índice de seleção na melhoria de uma variedade de trigo, resultando em aumento significativo na produtividade e resistência a doenças em relação às variedades originais.

Dalbosco (2015) utilizou vários índices de seleção para estimar o ganho de seleção em 118 famílias de irmãos completos de uma população de maracujazeiro azedo por meio de 13 características agrônomicas. Neste trabalho foi observado que o índice de Mulamba e Mock apresentou os melhores ganhos genéticos, tendo sido os índices de seleção paramétricos restritos mais eficientes no aumento dos ganhos genéticos do que os índices de seleção não paramétricos.

Botega (2019) selecionou 20 genótipos de *Coffea arabica* com base em multi-caracteres pelo índice de seleção FAI-BLUP e comparando-o ao índice de Smith e Hazel. A partir dos resultados da comparação feita entre os índices, por meio da proporção do ganho total, foram constatados ganhos desejáveis em ambos os índices de seleção, com maior valor para o índice FAI-BLUP nos caracteres para os quais se deseja aumento de valor, ao passo que para os caracteres em que se deseja uma diminuição do seu valor o índice de Smith-Hazel foi o melhor.

As informações sobre o emprego de índices de seleção no melhoramento do meloeiro são escassas na literatura. Em face disso, os índices de seleção desempenham papel central no desenvolvimento de genótipos de meloeiro com características desejáveis. A integração de informações genéticas e fenotípicas, juntamente com uma abordagem abrangente, possibilita a seleção de genótipos que atendam às demandas dos produtores e do mercado, contribuindo para a sustentabilidade e a competitividade da produção de melões.

REFERÊNCIAS

- AMORIM, C. C. et al. Morphological diversity and identification of accessions of melon. *African Journal of Agricultural Research*, 11: 3622-3632, 2016.
- ARAGÃO, F. A. S., TORRES FILHO, J., NUNES, G. H. S., QUEIRÓZ, M. A., BORDALLO, P. N., BUSO, G. S. C., FERREIRA, M. A., COSTA, Z. P., & BEZERRA NETO, F. (2013). Genetic divergence among accessions of melon from traditional agriculture of the Brazilian Northeast. *Genetics and Molecular Research*, 12(4), 6356–6371. <https://doi.org/10.4238/2013.december.6.3>
- BOTEGA, G. P. Eficiência do índice FAI-BLUP na seleção de genótipos Bourbon. 2019. 60f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Lavras. Lavras. 2019.
- COSTA, J. M.. Novas fontes de resistência em meloeiro a *Liriomyza sativae*, *Acidovorax avenae* e *Alternaria* spp. 2017. f. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró-RN, 2017.
- DALBOSCO, E. Z. Progresso genético a partir de índices de seleção aplicado no melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro azedo. 2015. 77f. Dissertação (Mestrado) – Universidade do Estado de Mato Grosso. Tangará da Serra-MT. 2015.
- DANTAS, A. C. de A.. Análise de QTLs e herança de caracteres associados à qualidade de melão. 2015. 93p. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró-RN, 2014.
- FAO – Food and Agriculture Organization of the United Nations. FAOSTAT - database, 2021. Disponível em: Acesso em: <https://www.fao.org/faostat/es/#data/QCL/visualize>. Acesso em: 08 ago. 2022.
- FERREIRA, R. R. Herança da resistência e avaliação de linhagens resistentes à mosca minadora em meloeiro. 2022. 51f. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró-RN, 2022.
- GARCÍA-MAS, J., BENJAK, A., SANSEVERINO, W., BOURGEOIS, M., MIR, G., GONZÁLEZ, V. M., ... & CASACUBERTA, J. M. (2012). The genome of melon (*Cucumis melo* L.). *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(29), 11872-11877.
- JADHAV, M.; GANGURDE, S. S; HAKE, A. A; *et al.* (2021). Genotyping-by-Sequencing Based Genetic Mapping Identified Major and Consistent Genomic Regions for Productivity and Quality Traits in Peanut. **Frontiers in Plant Science**, v. 12. doi: 10.3389/fpls.2021.668020
- LOUREIRO, F. L. C. Herança da resistência dos acessos PI 313970 e PI 414723 a *Podospaera xanthii* em meloeiro. 2019. 48f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN, 2019.
- MACÊDO, S. S. et al. Botanical identification and genetic diversity in melons from family farming in the state of Maranhão. *Revista Caatinga*, 30: 602-613, 2017.

MARTINS, A. F. Herança da resistência do acesso AM-55 de meloeiro à *Podospaera xanthii*. 2019. 30p. Monografia (Graduação em Agronomia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN, 2019.

Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - MAPA (2022). Exportações Brasileiras do Agronegócio. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/exportacao/exportacoes-brasileiras-do-agronegocio.pdf>. Acesso em: 12 de Maio de 2022.

MONFORTE, A. J., OLIVER, M., GONZALO, M. J., ALVAREZ, J. M., DOLCET-SANJUAN, R., ARÚS, P. (2004). Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 108(4), 750-758.

NIMMAKAYALA, P., TOMASON, Y. R., ABBURI, L., ALVARADO, A., SAMINATHAN, T., VAJJA, G., REDDY, U. K. (2014). Genome-wide differentiation of various melon horticultural groups for use in genome-wide association study. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 139(1), 81-87.

NUNES, E. W. L. P. Caracterização de germoplasma, herança e identificação de marcadores SNP associados à resistência a *Podospaera xanthii* em meloeiro. 2014. 125p. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia). Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró-RN, 2014.

NUNES, G. H. S.; ARAGUÃO, F. A. S.; NUNES, E. W. P.; COSTA, J. M.; RICARTE, A. O. Melhoramento de melão. In: NICK, C.; BORÉM, A. (org.) Melhoramento de hortaliças. Viçosa: Ed. UFV, 2016. p. 331-363.

PITRAT, M. (2013). Phenotypic diversity in wild and cultivated melons (*Cucumis melo*). *Plant Biotechnology*. 30. 273-278. 10.5511/plantbiotechnology.13.0813a.

PITRAT, M. Melon Genetic Resources: Phenotypic Diversity and Horticultural Taxonomy. In: GRUMET, R.; KATZIR, N.; GARCIA-MAS, J. (Eds.). *Genetics and Genomics of Cucurbitaceae*. Suíça: Springer Nature, 2016. v. 20, cap. 3, p.25-60.

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

QUEIRÓZ, M. A.; BARBIERI, R. L.; SILVA, R. A. M. Ocorrência de variabilidade genética em plantas exóticas no Brasil. In: VEIGA, R. F. A.; QUEIRÓZ, M. A. (Eds.). *Recursos Fitogenéticos: A base da agricultura sustentável no Brasil* 1. ed. Brasília, DF: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos, 2015. cap. 11, p. 135-147.

RICARTE, A. de O. Herança da resistência do acesso AC-02 às raças 1 e 5 de *Podospaera xanthii* em meloeiro. 2016. 41f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN, 2016.

SANTOS, R. A. Análise do cenário internacional da fruticultura e dos desafios encontrados para exportação de frutas brasileiras. (2021). 45 f., il. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Gestão d Agronegócio) — Universidade de Brasília, Planaltina-DF, 2021.

SILVA, A. F. et al. Recursos Genéticos Vegetais conservados na Embrapa Semiárido. In: SA, I. B.; SILVA, P. C. G. (Eds.). *Semiárido brasileiro: pesquisa, desenvolvimento e inovação*. Petrolina, PE: Embrapa Semiárido, 2010. cap. 8, p. 274-315.

SILVA, C. M., MEZZOMO, H. C., RIBEIRO, J. P. O., FREITAS, D. S. AND NARDINO, M. (2023). Multi-trait selection of wheat lines under drought-stress condition. *Bragantia*, 82, e20220254. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20220254>

TANAKA K, AKASHI Y, FUKUNAGA K, YAMAMOTO T, AIERKEN Y, NISHIDA H, LONG CL, YOSHINO H, SATO YI, KATO K (2013) Diversification and genetic differentiation of cultivated melon inferred from sequence polymorphism in the chloroplast genome. *Breed Sci* 63:183–196

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. *Revista Caatinga*, v.22 n3: p.174-181, 2009.

VIANA, J. M. S., RIBEIRO, L. C., PENA, G. F., & VIANA, A. P. (2018). Uso de índices de seleção no melhoramento genético vegetal. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, 17(1), 1-16.

CAPÍTULO 1

HERANÇA DA COR DA POLPA, CRACKING E RENDILHAMENTO EM MELOEIRO

RESUMO

Os estudos de herança fornecem informações essenciais dentro dos programas de melhoramento do meloeiro. O objetivo deste trabalho foi estudar a herança da cor da polpa, do cracking e rendilhamento em frutos de melão. Dois estudos de herança foram conduzidos em condições de campo no Pomar Didático da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), na cidade de Mossoró-RN, de março a junho de 2021. As populações utilizadas foram derivadas de dois cruzamentos: AC-02 x ‘Timeless Gold’ (cruzamento 01) e I-180 x ‘Timeless Gold’ (cruzamento 02). Foi utilizado o delineamento genético clássico envolvendo as seguintes populações: 167 plantas da geração F2, dez plantas F1 e dez plantas de cada genitor do cruzamento 01. No segundo experimento, foram analisadas 165 plantas da geração F2, dez plantas F1 e dez plantas de cada genitor (cruzamento 02). A partir das frequências observadas nas plantas das populações segregantes definidas para cor da polpa (salmão, verde ou branca), cracking (presente ou ausente) e textura do pericarpo (liso ou rendilhado), foi utilizado o teste Qui-quadrado (χ^2) a 5% de probabilidade. A herança da cor da polpa está condicionada à interação epistática de dominância entre dois genes. O controle genético associado a rachaduras no melão (cracking) envolve a interação gênica de dois genes do tipo epistasia dupla recessiva. O rendilhamento do pericarpo do melão possui controle monogênico dominante.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, polpa, controle genético, rendilhamento.

CHAPTER 1

INHERITANCE OF PULP COLOR, CRACKING AND NET IN MELON FRUIT

ABSTRACT

The genetic inheritance studies provide essential information for melon breeding programs. The aim of this study was to investigate the genetic inheritance of pulp color, cracking, and netting in melon fruits. Two trials were conducted under field conditions at the Didactic Orchard of the Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA), in the municipality of Mossoró, state of Rio Grande do Norte, Brazil, from March to June 2021. The populations used originated from two crossings: AC-02 x 'Timeless Gold' (cross 01) and I-180 x 'Timeless Gold' (cross 02). The classic genetic design was used, involving the following populations: 167 plants from the F2 generation, 10 F1 plants, and 10 plants of each parent from cross 01. In the second trial, 165 plants from the F2 generation, 10 F1 plants, and 10 plants of each parent from cross 02 were phenotyped. Based on the observed frequencies in the segregating populations for pulp color (salmon, green, or white), cracking (present or absent), and pericarp texture (smooth or netted), the Chi-square (χ^2) test was used at a 5% probability level. The inheritance of pulp color is controlled by an epistatic interaction of dominance between two genes. The genetic control associated with melon cracking involves the gene interaction of two double recessive epistasis genes. The netting of the melon pericarp is under dominant monogenic control.

Keywords: *Cucumis melo*, pulp, genetic control, netting.

1 INTRODUÇÃO

O melão (*Cucumis melo* L.) é uma das principais frutas frescas exportadas do Brasil. Em 2021, o país exportou 257.902 toneladas de melão, um aumento de 9,2% em relação ao ano anterior. Dentre os principais importadores estão a Comunidade Europeia, os EUA, a Ásia e o Chile. Em relação à evolução da área de cultivo, no período de 1970 a 2021, a área cultivada com melão passou de 4.777 mil ha para 23.000 ha, o que representou aumento de 380%. Em termos de produtividade, passou de 1,09 Mg ha⁻¹ em 1970 para 25,9 Mg ha⁻¹, um substancial incremento de 2.276% (Benno et al, 2022).

O aumento da produtividade foi resultado do trabalho de instituições de pesquisas dedicadas a desenvolver novas tecnologias de produção. Outro fator essencial foram as novas e rigorosas exigências de padrão de qualidade requeridas pelo mercado nacional e internacional, no qual o agronegócio do melão tem mais envolvimento. Isso levou os produtores a optar por cultivares com maior produtividade e mais resistência a doenças e pragas, além do emprego de diferentes tipos de meloeiro (Salviano et al, 2017).

Os melões são divididos em “tipos comerciais”, o que facilita sua comercialização por meio dos agentes da cadeia do agronegócio. No Brasil, os tipos mais comercializados pertencem aos grupos botânicos *Ibericus* (sub-grupo Amarillo e Piel de Sapo), *Inodorus* (sub-grupo Honeydew) e *cantaloupensis* (sub-grupo American Western e Ogen) (Pitrat, 2016).

Devido ao grande interesse por novas cultivares que sejam produtivas e de boa qualidade, empresas produtoras de sementes anualmente lançam no mercado diversas cultivares no intuito de atender às necessidades de todas as regiões produtoras. Os genótipos superiores são obtidos por meio do desenvolvimento de híbridos simples, oriundos do cruzamento entre duas linhagens puras (Sousa, 2017).

O acesso de meloeiro AC-02 pertencente à coleção ativa de germoplasma da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA) vem se destacando em trabalhos associados à sua resistência a pragas e doenças do meloeiro (Ricarte, 2016). Entretanto, possui frutos com reduzido teor de sólidos solúveis, o que compromete sua comercialização. Dessa forma, é necessário iniciar programas de melhoramento para esta característica visando a sua biofortificação.

Outro acesso da coleção ativa de germoplasma da UFERSA com potencial de utilização em programas de melhoramento é o I-180, conhecido como Tiger Melon ou melão tigre, devido à presença de listras amarelas e alaranjadas que remetem ao animal tigre.

Contudo, seu tamanho, coloração de polpa e teor de sólidos solúveis não o tornam comercialmente viável.

A tendência do mercado é o aumento da demanda por melões do grupo *Cantalupensis*, aromáticos, de polpa cor salmão, maior teor de sólidos solúveis, sendo que esses frutos têm apresentado expressiva expansão nos polos agrícolas de Mossoró/Assu-RN e do Vale do Jaguaribe-CE (Santos et al., 2015). Por isso, tem aumentado o interesse dos produtores em diversificar o produto a ser oferecido para os mercados interno e externo, pela introdução de diversos genótipos de melão, especialmente do tipo rendilhado, *cantaloupensis* e do tipo *gália* (Nunes et al., 2004).

Os estudos de herança são de suma importância para iniciar um programa de melhoramento. O conhecimento do número de genes envolvidos e sua maneira de interagir permitem determinar o critério e a intensidade da seleção, método de condução de população segregante e métodos de melhoramento de maneira a obter uma linhagem que contenha o *background* genético do genitor recorrente utilizado, mas com os genes de interesse do genitor doador. Assim, estes estudos norteiam os melhoristas no processo de introgressão de alelos de interesse das fontes para os genitores comerciais (Maciel & Silva, 2008).

As informações sobre a herança da cor da polpa (mesocarpo) são mínimas para definição antecipada de estratégias nos programas de melhoramento, sendo necessário estudá-la nas etapas iniciais.

Acessos da variedade *momordica* apresentam característica de rachadura do fruto em quaisquer condições ambientais, evidenciando a presença de efeitos genéticos (Dhillon et al., 2007; Dhillon et al., 2012). Todavia, existem poucas informações sobre o controle genético da rachadura do fruto em meloeiro. O mesmo acontece para a característica de rendilhamento do pericarpo.

Tendo em vista o exposto, o objetivo deste trabalho é estudar a herança da cor da polpa, do cracking e rendilhamento em frutos de melão.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local

Dois ensaios foram conduzidos em condições de campo no Pomar Didático da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), na cidade de Mossoró-RN, de março a junho de 2021. A temperatura média no local foi de 31,5 °C e a umidade relativa do ar foi de 52,6 %. O clima de Mossoró, de acordo com a classificação de Köppen, é do tipo BSw^h, isto é, quente e seco com estação chuvosa no verão, atrasando-se para o outono (Carmo Filho & Oliveira, 1995). O município está situado na latitude Sul 5° 12'48''; longitude 37° 18'44'' W e com altitude de 37 m acima do nível do mar.

2.2 Obtenção das populações

A população utilizada para o primeiro experimento foi gerada por um cruzamento entre os genitores AC-02 (receptor de pólen) e o cultivar 'Timeless Gold' (doador de pólen), obtendo-se F1 em setembro de 2019. Uma população F2 foi produzida a partir da autofecundação da geração F1 em janeiro de 2020. Para o segundo experimento, foram produzidas as populações por meio do cruzamento entre o acesso I-180 (receptor de pólen) e cultivar 'Timeless Gold' (doador de pólen), obtendo-se F1. Uma geração F2 foi obtida pela autofecundação da geração F1 na mesma época do primeiro cruzamento.

O acesso de meloeiro AC-02 (Figura 1a) pertence à variedade botânica *momordica* (Roxb.) Duthie e Fuller, de origem indiana, possui frutos alongados, coloração de mesocarpo branca e reduzido teor de sólidos solúveis (< 6° Brix), os quais racham quando maduros. Esta característica é chamada de *cracking*. Este acesso foi coletado numa área de produção de melão localizada no município de Mossoró-RN (Ricarte, 2016).

O segundo genitor (Figura 1b) é o acesso I-180, pertencente ao germoplasma de cucurbitáceas da UFERSA. É um genótipo cujos frutos são pequenos, de °Brix intermediário, com listras amarelas e vermelhas que assemelham a ferrugem. O interior é cremoso, polpa branca e as sementes pequenas. Acredita-se que as listras de tigre amarelo e laranja sejam sua fonte de nome (LUV2GARDEN, 2020).

O terceiro genitor, 'Timeless Gold' (Figura 1c), é um híbrido comercial pertencente ao grupo *cantaloupensis* e desenvolvido para longa vida útil pós-colheita. Além da sua ampla

adaptação às regiões de cultivo, possui alta produtividade, rendimento cheio e frutos com teores de sólidos solúveis acima de 10 °Brix (SAKATA, 2023).

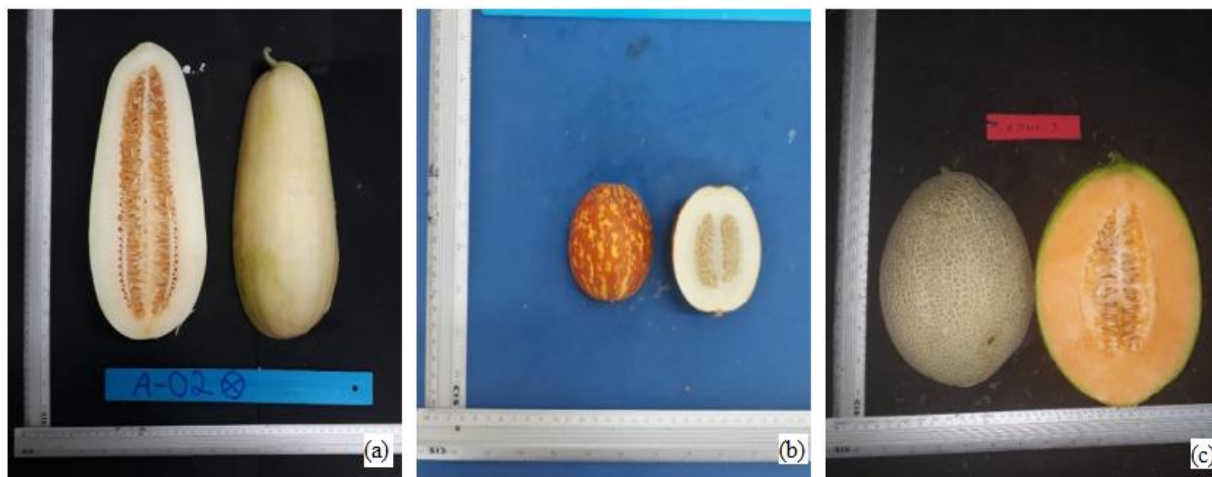


Figura 1. Fruto dos acessos recorrentes AC-02 (a) e I-180 (b) e do cultivar comercial ‘Timeless Gold’ (c), utilizado como genitor doador. Mossoró, UFERSA, 2023.

2.3 Estudo de Herança

Sementes das populações geradas pelos cruzamentos (F1, F2 e os genitores) foram semeadas em bandejas de polietileno preenchidas com substrato (Tropstrato®). Aos 12 dias após a semeadura, foram transplantadas para o campo em canteiros com espaçamento de dois metros entre canteiros cobertos por *mulching* e espaçamento entre plantas de 0,3 m. Foi utilizado o delineamento genético clássico envolvendo as seguintes populações: 167 plantas da geração F2, dez plantas F1 e dez plantas de cada genitor no primeiro experimento. No segundo experimento, foram analisadas 165 plantas da geração F2, dez plantas F1 e dez plantas de cada genitor. Os tratamentos culturais seguiram as recomendações de cultivo sugeridas por Nunes et al. (2004).

Por ocasião da colheita, realizada aos 65 dias após o transplante, foram avaliadas as seguintes características: cor da polpa, considerada aquela predominante, presença ou ausência de rachaduras (*cracking*) e textura do pericarpo (liso ou rendilhado).

2.4 Análises Estatísticas

A partir das frequências observadas nas plantas das populações segregantes definidas para cor da polpa (salmão, verde ou branca), *cracking* (presente ou ausente) e textura do

pericarpo (liso ou rendilhado), foi utilizado o teste Qui-quadrado (χ^2) para analisar os dados de fenotipagem dos indivíduos F2 e testar os modelos genéticos a fim de explicar a herança das características usando um erro nominal de 5% ($\alpha = 0,05$).

3 RESULTADOS

3.1 Herança da cor da polpa

As colorações de polpa observadas nos genitores AC-02, ‘Timeless Gold’ e I-180 em todos os frutos remetem às características originais dos genótipos (branca, salmão e branca, respectivamente), indicando pureza das sementes utilizadas (Figura 01).

No cruzamento 01, a fenotipagem da geração F1 resultou em todos os frutos com polpa salmão. O mesmo resultado foi observado no cruzamento 02. A segregação na geração F2 no cruzamento entre AC-02 x ‘Timeless Gold’ se expressou em 133 frutos de polpa salmão, 25 de polpa branca e 9 verdes (Tabela 1 e Figura 2). Isto se aproxima de uma proporção fenotípica de 12:3:1 para salmão, branca e verde, respectivamente. Com estas frequências, foi proposto um modelo que descrevesse o controle genético envolvido na herança da coloração da polpa dos frutos neste cruzamento.

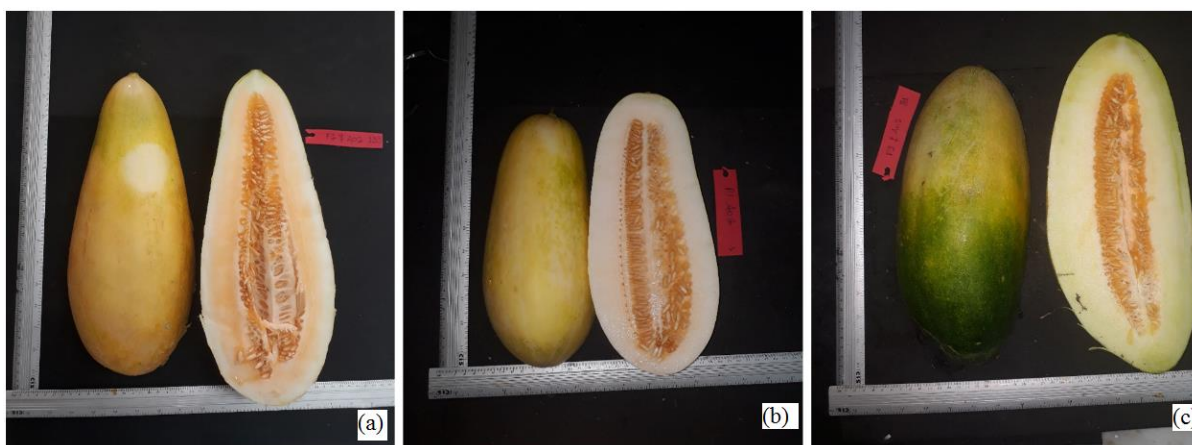


Figura 2. Frutos com as colorações de polpa encontradas na geração F2 do cruzamento AC-02 x ‘Timeless Gold’, sendo: salmão (a), branca (b) e verde (c). Mossoró, UFERSA, 2023.

O modelo genético sugere a expressão de dois genes com interação alélica do tipo epistasia dominante, onde a cor salmão é dominante na presença de cor na polpa, e que a cor branca é dominante sobre a verde. O teste Qui-quadrado comprova, com valor χ^2 de 1,950 e $p = 0,377$ (Tabela 1). O valor de $p \geq 0,05$ indica que o teste não foi significativo, ou seja, a frequência observada não difere da frequência esperada e que os desvios são meramente devido ao acaso. Assim, aceitamos a hipótese nula, apontando que a herança da coloração da polpa neste cruzamento envolve dois genes com epistasia dominante.

Tabela 1. Frequência absoluta, Razão esperada e teste Qui-quadrado para a coloração de polpa em populações procedentes dos cruzamentos AC-02 x ‘Timeless Gold’ e I-180 x ‘Timeless Gold’. Mossoró, UFERSA, 2023.

Progênie	Frequência absoluta			Razão	χ^2	p
	Salmão	Branca	Verde			
<i>Cruzamento 01</i>						
AC-02 (P1)	0	10	0	(0:1:0)		
‘Timeless Gold’ (P2)	10	0	0	(1:0:0)		
F1 (P1 X P2)	10	0	0	(1:0:0)		
F2 (F1 X F1)	133	25	9	(12:3:1)	1,950	0,377 ^{ns}
<i>Cruzamento 02</i>						
I-180 (P1)	0	10	0	(0:1:0)		
‘Timeless Gold’ (P2)	10	0	0	(1:0:0)		
F1 (P1 X P2)	10	0	0	(1:0:0)		
F2 (F1 X F1)	115	37	13	(12:3:1)	2,237	0,326 ^{ns}

ns: não significativo

No cruzamento I-180 x ‘Timeless Gold’, foi observado que na geração F1 todos os frutos apresentavam polpa salmão. Em F2, foram constatados 115 frutos de polpa salmão, 37 de cor branca e 13 de cor verde (Tabela 1 e Figura 3). A proporção fenotípica neste cruzamento se parece com 12:3:1 para salmão, branca e verde, respectivamente. O resultado corrobora o mostrado anteriormente no cruzamento AC-02 x ‘Timeless Gold’, sendo proposto o mesmo modelo de herança genética para coloração de polpa. Os valores de $\chi^2 = 2,237$ e $p = 0,326$ sustentam a hipótese nula de que a herança está condicionada à interação epistática de dominância entre dois genes como visto na geração F2 do cruzamento 01.



Figura 3. Frutos com as colorações de polpa encontradas na geração F2 do cruzamento I-180 x ‘Timeless Gold’, sendo: salmão (a), branca (b) e verde (c). Mossoró, UFERSA, 2023.

3.2 Herança do *cracking*

Para a característica de *cracking*, observou-se que todos os frutos do AC-02 apresentavam esta característica a partir de rachaduras que chegavam a atingir mais de 50% do comprimento (Tabela 2). Por sua vez, o genitor ‘Timeless Gold’, por ser do grupo *cantaloupensis*, não mostra rachaduras ao longo do seu pericarpo. Na geração F1, foi verificado que todos os frutos racharam, sendo considerada a presença do *cracking*.

De acordo com a Tabela 2, em F2 foi constatada a presença de *cracking* em frutos de 95 indivíduos e 72 indivíduos com ausência de rachaduras. A segregação nesta população mostra uma razão esperada de nove frutos que racham para sete frutos que não racham. O modelo proposto para herança desta característica é o que envolve a interação gênica de dois genes do tipo epistasia dupla recessiva. Os valores de $\chi^2 = 0,024$ e $p = 0,876$ comprovam esta teoria.

Neste caso, a herança seria controlada por dois genes compostos por dois alelos cada, sendo os alelos recessivos epistáticos, além da presença de dominantes nos dois *loci* produzir indivíduos com a presença de rachaduras.

Tabela 2. Frequência absoluta, Razão esperada e teste Qui-quadrado para *cracking* em populações procedentes do cruzamentos AC-02 x ‘Timeless Gold’. Mossoró, UFERSA, 2023.

Progênie	Frequência absoluta		Razão	χ^2	p
	Presente	Ausente			
AC-02 (P1)	10	0	(1:0)		
‘Timeless Gold’ (P2)	0	10	(0:1)		
F1 (P1 X P2)	10	0	(1:0)		
F2 (F1 X F1)	95	72	(9:7)	0,024	0,876 ^{ns}

ns: não significativo

3.3 Herança do rendimento

O rendimento do pericarpo é característico de frutos do cultivar ‘Timeless Gold’. Em virtude disso, foi estudada a herança deste caráter nos dois cruzamentos. Não foi observado rendimento nos frutos do AC-02 e I-180 (Tabela 3). Na geração F1, por sua vez, todos os frutos mostravam-se com presença de rendimento.

Tabela 3. Frequência absoluta, Razão esperada e teste Qui-quadrado para rendilhamento do epicarpo em populações procedentes dos cruzamentos AC-02 x ‘Timeless Gold’ e I-180 x ‘Timeless Gold’. Mossoró, UFERSA, 2023.

Progênie	Frequência absoluta		Razão	χ^2	<i>p</i>
	Presente	Ausente			
<i>Cruzamento 01</i>					
AC-02 (P1)	0	10	(1:0)		
‘Timeless Gold’ (P2)	10	0	(0:1)		
F1 (P1 X P2)	10	0	(1:0)		
F2 (F1 X F1)	130	37	(3:1)	0,517	0,472 ^{ns}
<i>Cruzamento 02</i>					
I-180 (P1)	0	10	(1:0)		
‘Timeless Gold’ (P2)	10	0	(0:1)		
F1 (P1 X P2)	10	0	(1:0)		
F2 (F1 X F1)	132	33	(3:1)	2,587	0,108 ^{ns}

ns: não significativo

Na geração F2 do cruzamento AC-02 x ‘Timeless Gold’, a fenotipagem indicou 130 indivíduos com frutos rendilhados e 37 com rede ausente. No segundo cruzamento, 132 plantas com frutos rendilhados e 33 sem a presença de rede no pericarpo (Tabela 3). A partir das frequências observadas em ambos os cruzamentos, foi proposto o modelo de uma herança simples, com um gene composto por dois alelos (*A* e *a*). O alelo que confere a presença de rede é dominante sobre o alelo que confere ausência e a proporção fenotípica esperada é de três plantas com frutos rendilhados para uma planta com frutos de pericarpo liso.

Foi comprovada a validade do modelo, pois os testes χ^2 foram iguais a 0,517 e 2,587 com $p \geq 0,05$, respectivamente. Assim, a herança do rendilhamento do pericarpo em frutos de meloeiro é do tipo monogênica dominante. Este tipo de herança dificulta a obtenção de frutos lisos nos programas de melhoramento envolvendo cruzamentos com melões do grupo *cantaloupensis*.

4 DISCUSSÃO

Em epistasia dominante, um alelo dominante (*A*) inibe a expressão do alelo (*B*). Para que (*B*) seja expresso, um par de alelos (*aa*) deverá estar presente em outro loco. Assim, o genitor ‘Timeless Gold’ mostrou frutos de cor salmão devido à presença do alelo dominante (*A*). Por sua vez, o AC-02 e I-180, por conter a presença do par de alelos (*aa*), permite a manifestação de (*B*). Em F1 de ambos os cruzamentos são observados frutos de polpa salmão, pois a presença de um alelo dominante no genitor ‘Timeless Gold’ impede o aparecimento de frutos brancos. Na geração F2, são esperados 12 indivíduos *A*___ (salmão), para três indivíduos *aa/B*_ (branca) para um indivíduo *aabb* (verde).

Os primeiros trabalhos que relacionam a herança da cor do mesocarpo foram realizados por Hughes (1948) e Imam et al. (1972), que identificaram a presença de dois genes, os quais foram denominados de *gf* (*green fresh*) e *wf* (*white fresh*) condicionando as colorações verde e branca, respectivamente. Clayberg (1992) descreveu que a cor salmão é dominante em relação às cores verde e branca. Além disso, relatou que há epistasia entre *gf* e *wf*, de modo que as combinações genótípicas produzem frutos de polpa salmão, branca e verde, sendo salmão dominante entre as cores e branca dominante sobre verde, corroborando os resultados observados nos cruzamentos AC-02 x ‘Timeless Gold’ e I-180 x ‘Timeless Gold’.

Entretanto, Fukino et al. (2008) observaram que a cor da polpa era controlada por um gene dominante único em análise da herança envolvendo cruzamento do melão PMAR N° 5 (polpa salmão) x ‘Harukei N° 3 (polpa verde), sendo toda geração F1 de mesocarpo salmão e em F2 apenas melões de polpa salmão e verde foram encontrados. A referida herança simples foi presumida ao gene *gf* localizado no grupo de ligação IX.

Posteriormente, Tzuri et al. (2015) denominaram de SNP ‘Golden’ um alelo em CmOr sendo responsável pelos fenótipos não salmão e salmão, sugerindo a edição do genoma do gene Or para biofortificação nutricional do melão. Silva (2017), estudando a herança do teor de β -caroteno em cruzamento derivado da linhagem A-16 (polpa branca) x ‘Védrantais’ (polpa salmão), indicou que a segregação sugere que esta característica é controlada por um gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância associado aos poligenes de efeitos aditivos.

Dois genes independentes (*A* e *B*) com epistasia dupla recessiva estão relacionados à presença de *cracking* no cruzamento entre AC-02 e ‘Timeless Gold’. Neste caso, cada gene possui dois alelos (*A* e *a* no gene *A*; *B* e *b* no gene *B*) e há uma relação de dominância

completa. Os genótipos são caracterizados da seguinte forma: AC-02 (P1), *AABB* (racham), ‘Timeless Gold’ (P2), *aabb* (não racham), F1 *AaBb* (racham), F2, (9) *A_B_* (racham): (3) *A_bb* (não racham): (3) *aaB_* (não racham): (1) *aabb* (não racham). Nota-se que o *cracking* só ocorre quando há no mínimo um dos alelos dominantes em cada loco (*A_B_*). Neste caso, será necessária a presença de alelos dominantes em cada loco para expressão da rachadura.

Alguns cultivares de meloeiro são mais sensíveis do que outros a rachaduras (*cracking*). Essa condição é atribuída na maioria das vezes às variações de temperatura, irrigação e nutrição durante o estágio de maturação que predispõe os frutos a rachaduras (Fernández-Trujillo et al., 2013).

Entretanto, há poucas evidências de que esta anomalia possui caráter genético. Qi et al. (2015), estudando modelos de herança em um cruzamento envolvendo a variedade ‘RE-33’ (resistente a rachaduras) e a variedade ‘MOIN-10’ (suscetível ao *cracking*), demonstraram que o modelo mais adequado para explicação deste caráter é o que envolve dois genes principais com efeitos aditivos e de dominância com epistasia. Além disso, a herdabilidade encontrada sugere também influência ambiental ou interação genótipo x ambiente.

Informações importantes sobre as bases moleculares e metabólicas da reticulação e sua estreita associação com ligno-suberização da casca durante o desenvolvimento do melão foram obtidas por Cohen et al (2019). A casca reticulada é caracterizada pela expressão induzida de genes biossintéticos atuando nas vias centrais de fenilpropanoide, suberina, lignina e lignana. Transcrições de genes associados com montagem de polímero lipídico, organização da parede celular e afrouxamento são altamente enriquecidos em tecido reticulado. Estas assinaturas são exclusivas para estruturas reticuladas e ausentes em superfícies lisas observadas entre as regiões reticuladas e na pele de fruto liso.

5 CONCLUSÕES

A herança da cor da polpa está condicionada à interação epistática de dominância entre dois genes.

O controle genético associado a rachaduras no melão (*cracking*) envolve a interação gênica de dois genes do tipo epistasia dupla recessiva.

O rendimento do pericarpo do melão possui controle monogênico dominante.

REFERÊNCIAS

- BENNO, B. K.; CARVALHO, C.; BELING, R. R. Anuário Brasileiro de HORTI & FRUTI 2022. – Santa Cruz do Sul, Editora Gazeta Santa Cruz, 2022.
- CARMO FILHO, F.; OLIVEIRA, O. F. Mossoró: um município do semi-árido nordestino, caracterização climática e aspecto florístico. Mossoró: ESAM, (Coleção Mossoroense, Série B) 62p. 1995
- CLAYBERG, C. D. Interaction and linkage test of flesh color genes in *Cucumis melo* L. Cucurbit Genetic Cooperative Reporter, v.15, p. 53, 1992.
- COHEN, H. A Multilevel Study of Melon Fruit Reticulation Provides Insight into Skin Ligno-Suberization Hallmarks. *Plant Physiology*, April 2019, Vol. 179, pp. 1486–1501
- CUEVAS, H. E.; STAUB, J. E.; SIMON, P. W. Inheritance of beta-carotene-associated mesocarp color and fruit maturity of melon (*Cucumis melo* L.). *Euphytica*, v. 173, n. 2, p.129-140, 2010.
- DHILLON, N. P. S.; RANJANA, R.; SINGH, K.; EDUARDO, I.; MONFORTE, A. J.; PITRAT, M.; DHILLON, N. K.; SINGH, P. P. Diversity among landraces of Indian snapmelon (*Cucumis melo* var. *momordica*). *Genet Resour Crop Evol.*, v. 54, p. 1267–1283, 2007.
- DHILLON, N. P. S.; MONFORTE, A. J.; PITRAT, M.; PANDEY, S.; SINGH KUMAR, P.; REITSMA, K. R.; GARCIA-MAS, J.; SHARMA, A.; MCCREIGHT, J. D. Melon landraces of India: contributions and importance. *Plant Breeding Reviews*, v. 35, p. 85-150, 2012.
- DIAZ, A., FERGANY, M., FORMISANO, G. A consensus linkage map for molecular markers and quantitative trait loci associated with economically important traits in melon (*Cucumis melo* L.). *BMC Plant Biology*. v. 11, p. 111-125, 2011.
- FERNÁNDEZ-TRUJILLO, J. P. et al. (2013) P. Pre and Postharvest Muskmelon Fruit Cracking: Causes and Potential Remedies *HortTechnology*, 261–278, v. 23, n. 3, p. 266-275, 2013.
- FUKINO, N., OHARA, T., MONFORTE, A., SUGIYAMA, M., SAKATA, Y., KUNIHISA, M., MATSUMOTO, S. Identification of QTLs for resistance to powdery mildew and SSR markers diagnostic for powdery mildew resistance genes in melon (*Cucumis melo* L.). *Theoretical Applied Genetics*, v.118, n. 1, p. 165-175, 2008.
- HAREL-BEJA, R., TZURI, G., PORTNOY, V. ET AL. A genetic map of melon highly enriched with fruit quality QTLs and EST markers, including sugar and carotenoid metabolism genes. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 121, n. 3 p. 511-533, 2010
- HUGHES, M.B. The inheritance of two characters of *Cucumis melo* and their interrelationship. *Proceedings American Society Horticultural Science*, v. 52, p. 399-402, 1948

IMAM, M. K. L.; ABO-BAKR, M. A.; HANNA, H. Y. Inheritance of some economic characters in crosses between sweet melon and snake cucumber. I. Inheritance of qualitative characters. *Assiut Journal Agronomy Scotland*, v. 3, p. 363-380, 1972.

LUV2GARDEN. Tiger Melons Planting Guide for Tiger Melons. (2020). Disponível em: <https://luv2garden.com/tigger_melons.html>. Acesso em 01 de mar de 2020.

MACIEL, G. M.; SILVA, E. C. Herança do formato do fruto em tomateiro do grupo cereja. *Horticultura Brasileira*, v. 26, p. 495-498, 2008.

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

RICARTE, A. de O.. Herança da resistência do acesso AC-02 às raças 1 e 5 de *Podosphaera xanthii* em meloeiro. 2016. 41f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN, 2016.

ROBINSON, R.W.; DECKER-WALTERS, D.S. Cucurbits. CAB International, Oxon (UK). p. 226. 1997.

SAKATA VEGETABLES. Timeless Gold - Carrot. Disponível em: <https://sakatavegetables.com/vegetable/timeless-gold/>. Acesso em: 10 ago. 2023.

SALVIANO, A. M.; FARIA, C. M. B. de; TERAPO, D.; SILVA, D. J.; BATISTA, D. C. A cultura do melão. Editor técnico, Nivaldo Duarte Costa; 3. ed. rev. e atual. – Brasília, DF: Embrapa, 2017. 202 p. (Coleção Plantar, 76).

SANTOS, F. G. B. et al. (2015). Production and quality of Cantaloupe melon grown in protected cultivation temporarily with row cover in Mossoró, Rio Grande do Norte State, Brazil. *Revista Ceres*, v.62, n.1, p.93, 2015.

SILVA, J. M. C. Herança dos teores de β -caroteno e sacarose em melão. 2017. 88f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró-RN, 2017.

SOUSA, H. C. X. Produção de haplóides de melão (*Cucumis melo*) por meio de cruzamento interespecífico entre melão e outras espécies da família cucurbitaceae. 2017. Monografia (Graduação em Agronomia) – Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2017.

TZURI, G.; et al (2015). A ‘golden’ SNP in CmOr governs the fruit flesh color of melon (*Cucumis melo*). *The Plant Journal*, v. 82, n. 2, p. 267-279, 2015.

QI, Z., LI, J., RAZA, M. A., ZOU, X., CAO, L., RAO, L., & CHEN, L. (2015). Inheritance of fruit cracking resistance of melon (*Cucumis melo* L.) fitting E-0 genetic model using major gene plus polygene inheritance analysis. *Scientia Horticulturae*, 189, 168–174. doi:10.1016/j.scienta.2015.04.004

CAPÍTULO 2

EMPREGO DE ÍNDICE SELEÇÃO EM LINHAGENS DE MELÃO DO TIPO TIGRE

RESUMO

O meloeiro é a principal cucurbitácea de importância econômica para o semiárido brasileiro e nos últimos anos há a tendência de diversificação do produto com diferentes tipos de melão no mercado. O objetivo do presente trabalho foi selecionar linhagens de melão do tipo Tigre utilizando-se índices de seleção FAI-BLUP (*Factor analysis and genotype-ideotype design*) e MGIDI (*Multi-trait Genotype-Ideotype Distance Index*). Foram avaliadas 24 linhagens em dois experimentos conduzidos em blocos casualizados com três repetições durante os anos de 2021 e 2022. Para compor os índices, foram avaliados os seguintes caracteres: produtividade, número de frutos por planta, peso médio do fruto, espessura de polpa, firmeza de polpa e sólidos solúveis. A intensidade de seleção adotada foi de 15%. A seleção baseada no índice MGIDI proporciona maior ganho com a seleção para a produtividade (YD), peso médio do fruto (FW), firmeza da polpa (PF) e sólidos solúveis (SS) do que aquela realizada com o índice FAI-BLUP. Considerando os dois métodos, as linhagens mais promissoras para as etapas subsequentes do programa de melhoramento para melão do tipo Tigre são TC-02, TC-03, TC-14 e TC-22.

Palavras-chave: *Cucumis melo*. Melhoramento genético. Múltiplos caracteres.

CHAPTER 2

MULTI-TRAIT SELECTION OF TIGER MELON LINES

ABSTRACT

The melon is the main cucurbit of economic importance for the Brazilian semi-arid region and in recent years there has been a tendency to diversify the product with different types of melon on the market. The objective of the present work was to select Tigre-type melon lines using selection indices FAI-BLUP (Factor analysis and genotype-ideotype design) and MGIDI (Multi-trait Genotype-Ideotype Distance Index). Twenty-four lines were evaluated in two experiments carried out in randomized blocks with three replications during the years 2021 and 2022. To compose the selection indexes, the following traits were evaluated: yield, number of fruits per plant, average fruit weight, pulp thickness, pulp firmness and soluble solids. The selection intensity adopted was 15%. Selection based on the MGIDI index provides greater gains from selection for yield (YD), average fruit weight (FW), pulp firmness (PF) and soluble solids (SS) than that carried out using the FAI-BLUP index. Considering both methods, the most promising lines for the subsequent stages of the breeding program for Tiger melon are TC-02, TC-03, TC-14 and TC-22.

Keywords: *Cucumis melo*. Genetic breeding. Multiple traits.

1 INTRODUÇÃO

A produção brasileira de melão (*Cucumis melo* L.) está concentrada nos Estados do Rio Grande do Norte e Ceará, que juntos são responsáveis por mais de 90% do melão produzido e quase a totalidade exportada pelo país. As razões do sucesso do meloeiro no semiárido são as condições favoráveis de luminosidade, temperatura e fotoperíodo para o seu desenvolvimento. Associado às boas condições climáticas, está o uso de alta tecnologia por parte das empresas produtoras, permitindo que a cultura atinja produtividades acima de 25 t ha⁻¹ (Nunes et al., 2016).

Nos programas de melhoramento genético, é usual a mensuração de vários caracteres com objetivo de se praticar a seleção simultânea para alguns deles. As opções de seleção de vários caracteres são agrupadas em três metodologias: 1: Tandem, que se baseia na seleção de uma característica por vez, considerado um procedimento demorado e de eficiência duvidosa, além de poquíssimo praticado; 2: Níveis independentes de seleção, que estabelece níveis mínimos ou máximos para cada característica, podendo haver descarte de indivíduos fora do limite previamente estabelecido para determinada característica, porém ótimos para as demais; 3: E por último, os índices de seleção, que combinam a informação de todos os caracteres, de modo que a seleção é fundamentada em um único valor, envolvendo todos os demais (Ramalho et al., 2012).

Dentre as três opções supracitadas, é notório que os dois primeiros são eficientes apenas para características com alta associação genética. Esta situação é bastante limitada, pois o melhorista de melão precisa levar em conta muitos atributos simultaneamente. Ao utilizar índices de seleção, busca-se obter ganhos simultâneos para diversas características, facilitando significativamente decisões de seleção adequadas (Michel et al., 2019; Céron-Rojas; Crossa, 2020). Além disso, os ganhos são mais bem distribuídos entre o conjunto de características consideradas importantes para seleção no programa de melhoramento.

Existem diversos índices de seleção citados na literatura que são usados no melhoramento vegetal, dentre os quais vale destacar: Smith (1936) e Hazel (1943) e o de Mulamba; Mock (1978), dentre outros. Todavia, para obter ganhos mais confiáveis com a seleção, devem ser escolhidas ferramentas que permitam inferências sobre valores genotípicos, o que permite ao melhorista selecionar genótipos com maior precisão (Candido et al., 2020b). Nesse sentido, a utilização da metodologia REML/BLUP pode ser considerada um procedimento adequado, pois permite maior precisão nas estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos (Resende, 2016). Neste contexto, o uso de índices

baseados em valores de BLUPs pode ser uma alternativa promissora para a seleção de genótipos superiores.

Por outro lado, o melhorista muitas vezes tem em mente um conjunto de características das plantas que se reunidos em um novo genótipo levaria a alto desempenho. Nesta situação, o genótipo alvo é tratado como ideótipo, conceito introduzido por Donald (1968) e Wricke and Weber (1986). A ideia subjacente ao design de ideótipos é a seleção de genótipos com base em múltiplas características simultaneamente. Para o caso do melão, busca-se uma planta que tenha alta produtividade e qualidade de frutos.

Os índices FAI-BLUP (*Factor analysis and genotype-ideotype design*) (Rocha et al., 2018) e MGIDI (*Multi-trait Genotype-Ideotype Distance Index*) (Olivoto; Nardino, 2020) combinam as predições de médias genóticas e a ideia de ideótipo, constituindo metodologias multivariadas promissoras para a seleção de genótipos. O primeiro método tem como principal o ranqueamento baseado em multicaracterísticas sem problemas de multicolinearidade. O segundo método, por sua vez, tem por objetivo estimar a distância do genótipo ao ideótipo por meio da técnica multivariada de análise fatorial agregando as múltiplas características em estudo. Esses dois índices têm sido utilizados em várias culturas como trigo, morango, mandioca, café, capim elefante, dentre outros (Olivoto et al., 2022; Ladarosa, 2021; Olivoto; Nardino, 2020; Rocha et al., 2018), mas ainda não foram testados para a seleção de genótipos de meloeiro.

Diante dessas considerações, o objetivo do presente trabalho foi selecionar linhagens de melão do tipo Tigre utilizando-se índices de seleção multivariados FAI-BLUP e MGIDI, com o intuito de identificar genótipos que associem características desejáveis para a produção e qualidade de frutos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Foram realizados dois ensaios em campo, sendo o primeiro em 2021 e o segundo em 2022, entre os meses de setembro a dezembro. Os dois experimentos foram conduzidos na Fazenda Rafael Fernandes, situada em Alagoinha, localizada a 20 km dos municípios de Mossoró, Rio Grande do Norte, sob as coordenadas geográficas 5°03'40.3"S 37°23'52.3"W e 79 m de altitude.

Foram avaliadas 24 linhagens de melão do Tipo Tigre, na geração F₆, oriundas do Programa de Melhoramento genético de meloeiro desenvolvido na Universidade Federal Rural do Semi-árido (UFERSA), e seus genitores foram o híbrido cantaloupe 'Timeless' e o acesso I-180.

As sementes dos genótipos foram semeadas em bandejas de polietileno preenchidas com substrato comercial específico para produção de mudas. O transplante para o campo foi realizado 12 dias após a semeadura, em canteiros cobertos por *mulching*. A adubação de fundação utilizada foi 250 kg ha⁻¹ superfosfato simples e cobertura com fertirrigação diariamente para atendimento da demanda de nutrientes. Após o transplante, foi colocada a manta de TNT, a qual foi retirada no início da antese para polinização. Os tratamentos culturais foram realizados de acordo com a produção comercial de melão da região com controle de pragas e doenças.

Por ocasião da colheita aos 65 dias após o transplante, foram avaliadas as seguintes características referentes a uma amostra de cinco frutos por parcela: a) Produtividade: obtida pela pesagem dos frutos provenientes da área da parcela, expresso em t ha⁻¹; b) Peso médio do fruto: obtido pela soma total dos pesos dos frutos da amostra da parcela dividido pelo número de frutos, em kg; c) Espessura de polpa: foi medida com uma régua a espessura da polpa de um dos lados da metade do fruto, calculando-se a média dessas duas medidas, em cm; d) Firmeza de polpa: o fruto foi dividido longitudinalmente, e em cada parte foi medida a resistência por meio de um penetrômetro manual na região mediana da polpa de um dos lados do fruto (duas leituras por fruto em regiões distintas). Os resultados no aparelho foram expressos em libras (lb); e) Sólidos solúveis: estimados por meio de refratometria digital, pela leitura em duas partes da polpa de um dos lados do fruto cortado longitudinalmente, expresso em porcentagem de graus brix.

O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com três repetições e 10 (dez) plantas por parcela, nos dois anos. O espaçamento adotado foi de 2,0 m entre linhas e 0,3 m entre plantas.

Os dados foram submetidos à análise de deviance considerando o efeito de genótipos e da interação genótipos por ambientes como aleatórios, ao passo que os demais efeitos foram considerados como fixos. Foram estimados os componentes de variância e preditas as médias genóticas pelo método REML/BLUP. Foram estimados os seguintes índices de seleção multivariados: a) FAI-BLUP (*Factor analysis and genotype-ideotype design*) (ROCHA et al., 2018) e b) MGIDI (*Multi-trait Genotype-Ideotype Distance Index*) (Olivoto; Nardino, 2020). A partir das médias genóticas, foram estimadas as distâncias euclidianas padronizadas e a análise de componentes principais. Utilizou-se o método da ligação média entre grupos (*Average linkage* ou *Unweighted Pair-Group Average* - UPGMA).

Todas as análises foram realizadas pelo Programa R v. 4.3.1. (R CORE TEAM, 2023).

3 RESULTADOS

3.1 Modelo misto

Praticamente todas as estimativas de acurácia seletiva foram superiores 0,90. A exceção foi o valor de 0,784 para a firmeza da polpa (PF) (Tabela 1), indicando elevada precisão experimental na análise conjunta.

Verificou-se efeito de linhagens para todos os caracteres avaliados, evidenciando heterogeneidade no grupo de linhagens (Tabela 1). Constatou-se a presença da interação genótipos por ambientes (G x A) para a firmeza da polpa (PF) e a produtividade (YD). A presença da interação indica comportamento diferenciado das linhagens nos dois ambientes de avaliação. A interação é predominantemente do tipo simples, ou seja, decorrente da magnitude da diferença entre as variâncias genéticas nos dois ambientes de avaliação (Tabela 1).

Com exceção da firmeza de polpa (PF), com estimativa intermediária para a correlação genética considerando os dois ambientes, verificou-se magnitudes elevadas para todas as variáveis, evidenciando ordenamentos semelhantes das linhagens nos dois ambientes, ratificando a predominância da interação do tipo simples.

Com relação às estimativas de componentes de variância, verificou-se predomínio da variância genotípica para os caracteres peso médio do fruto (FW), espessura da polpa (PT), sólidos solúveis (SS) e produtividade (YD), ao passo que para a firmeza da polpa (PF) verificou-se predominância da variância residual (Figura 1). A magnitude do componente de variância da interação G x A foi maior para a firmeza da polpa (PF) em relação àquela observada para a produtividade (YD).

Tabela 1. Teste LRT, estimativas de componentes de variância, herdabilidade, acurácia, coeficiente de determinação da interação G x A, correlação genética, coeficiente de variação e média de caracteres de produção e qualidade de frutos em linhagens do Tipo ‘Tigre’ avaliadas em dois experimentos.

Efeito	Caracteres				
	FW	PT	PF	SS	YD
Completo	-332,64	-140,09	52,49	203,07	793,40
Genótipo	-262,98**	-81,54**	57,95*	238,19**	809,54**
G x A	-332,63	-140,08	61,93**	203,18 ^{ns}	803,75**
V ² _G	0,127	0,296	0,188	1,863	66,765
V ² _{GA}	0,019	0,001	0,140	0,029	18,245
V ² _E	0,127	0,074	0,289	0,779	35,319
h ² _E	0,975	0,959	0,614	0,928	0,816
As	0,988	0,979	0,784	0,963	0,904
C ² _{GA}	0,001	0,002	0,227	0,011	0,152
R	0,998	0,998	0,573	0,985	0,785
CV _E					
CV (%)	18,88	9,490	21,588	13,000	22,179
Média	0,73	2,868	2,494	6,787	26,796

V²_G: Variância genotípica; V²_{GA}: Variância da interação genótipos por ambientes; V²_E: Variância do erro experimental; h²_E: Herdabilidade média; As: Acurácia seletiva; C²_{GA}: Coeficiente de determinação da interação; r: Correlação genotípica entre todos os ambientes. FW: Peso médio do fruto, em kg; PT: Espessura da polpa, em cm; PF: Firmeza da polpa, em Kgf; SS: Sólidos solúveis, em %; YD: Produtividade, em Mg. ha⁻¹.

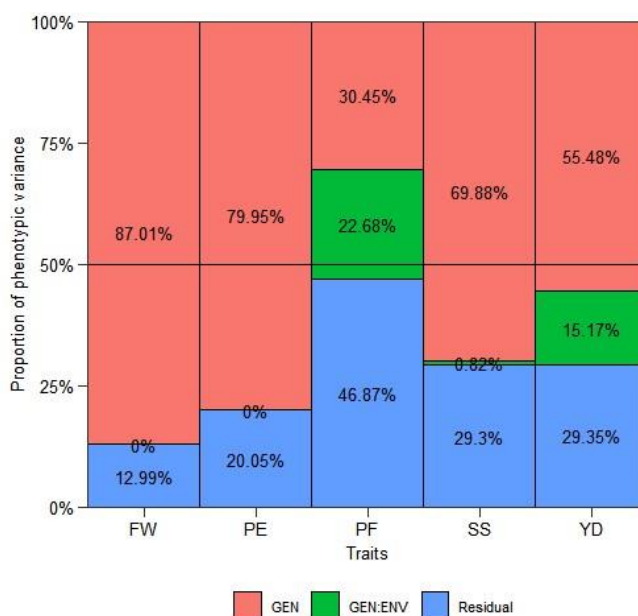


Figura 1. Contribuição percentual dos componentes de variância genotípica, da interação genótipo por ambientes e residual caracteres de produção e qualidade de frutos em linhagens do Tipo ‘Tigre’ avaliadas em dois experimentos. FW: Peso médio do fruto, em kg; YD: Produtividade, em Mg. ha⁻¹; SS: Sólidos solúveis, em %; PT: Espessura da polpa, em cm; e PF: Firmeza da polpa, em Kgf.

3.2 Correlação entre caracteres e Divergência genética

Na Figura 2a, estão as correlações dos valores genotípicos entre os caracteres de produção e qualidade de frutos em linhagens do Tipo ‘Tigre’ avaliadas em dois experimentos. As estimativas significativas variaram 0,44 a 0,91.

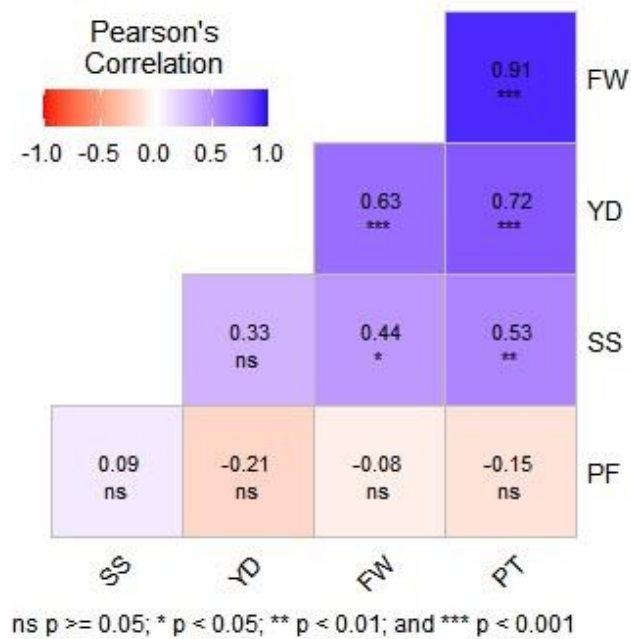
A espessura da polpa (PT) apresentou estimativa elevada do coeficiente de correlação com o peso médio do fruto (FW) e produtividade (YD) e valor moderado com sólidos solúveis (SS). O peso médio do fruto (FW) correlacionou-se moderada e positivamente com a produtividade (YD) e sólidos solúveis (SS) (Figura 2a).

No que concerne à análise de componentes principais (ACP), observou-se que o primeiro componente principal explicou 58,2% da variação total, ao passo que o segundo explicou 23%. Portanto, os dois primeiros componentes principais explicaram conjuntamente 81,2% da variação total (Figura 2b).

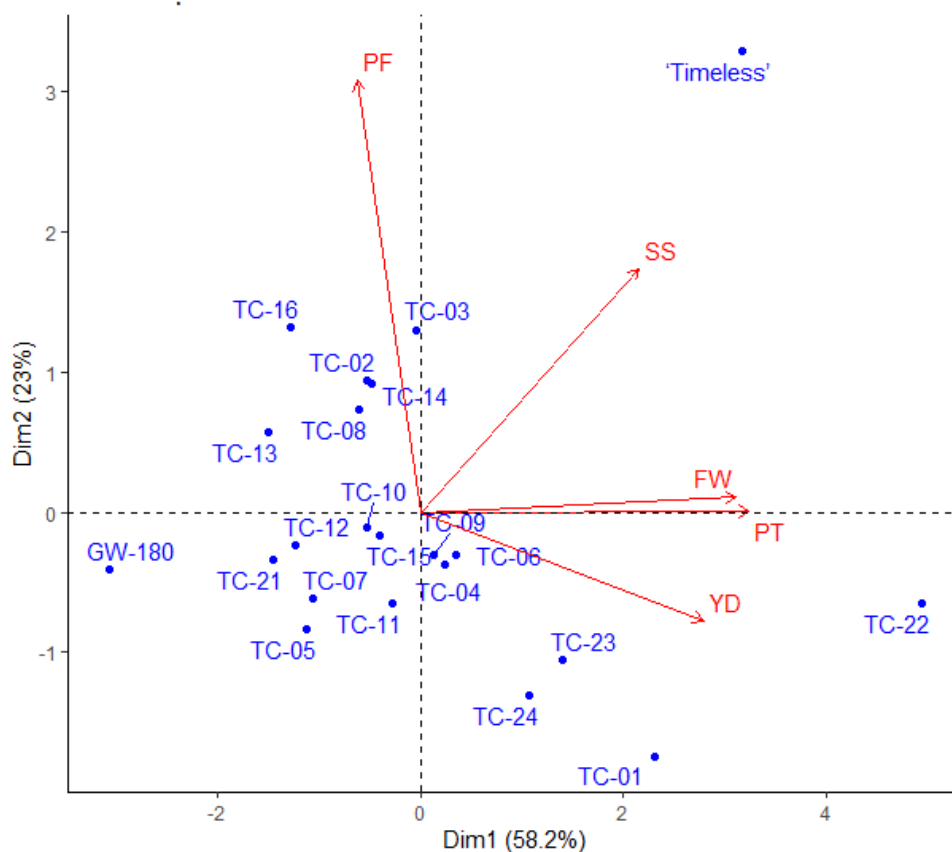
As variáveis espessura da polpa (PT), peso médio do fruto (FW) e produtividade (YD), nesta ordem, foram aquelas que mais contribuíram para o primeiro componente principal, ao passo que as variáveis firmeza da polpa (PF) e sólidos solúveis (SS) foram aquelas associadas ao segundo componente principal.

Verificou-se a formação de dois grupos de genótipos na ACP, sendo o primeiro composto pelos genótipos ‘Timeless’ e TC-22, e o segundo, pelos demais genótipos. O híbrido ‘Timeless’ destacou-se com elevada média genotípica para sólidos solúveis e firmeza de polpa, ao passo que a linhagem TC-22 sobressaiu para a produtividade (YD), espessura de polpa (PT), peso médio do fruto (FW) e sólidos solúveis (SS) (Figura 2b). As demais linhagens apresentaram variação para todas as variáveis, especialmente para peso médio do fruto (FW) e produtividade (YD).

As maiores distâncias euclidianas foram observadas quando estava envolvida a linhagem TC-22 ou o híbrido ‘Timeless’ em relação aos demais genótipos (Figura 3a). A maior distância foi verificada entre o genitor GW-180 e a linhagem TC-22. Este fato contribuiu para que no agrupamento UPGMA fossem formados dois grupos de genótipos, o primeiro por ‘Timeless’ e TC-22, e o segundo pelos demais genótipos (Figura 3b), ratificando o agrupamento da análise ACP apresentado na Figura 2b. O agrupamento UPGMA pode ser considerado de alta qualidade, uma vez que a correlação entre a matriz de distâncias original e a matriz final, denominada matriz cofenética, foi superior a 0,80 ($p < 0,01$).

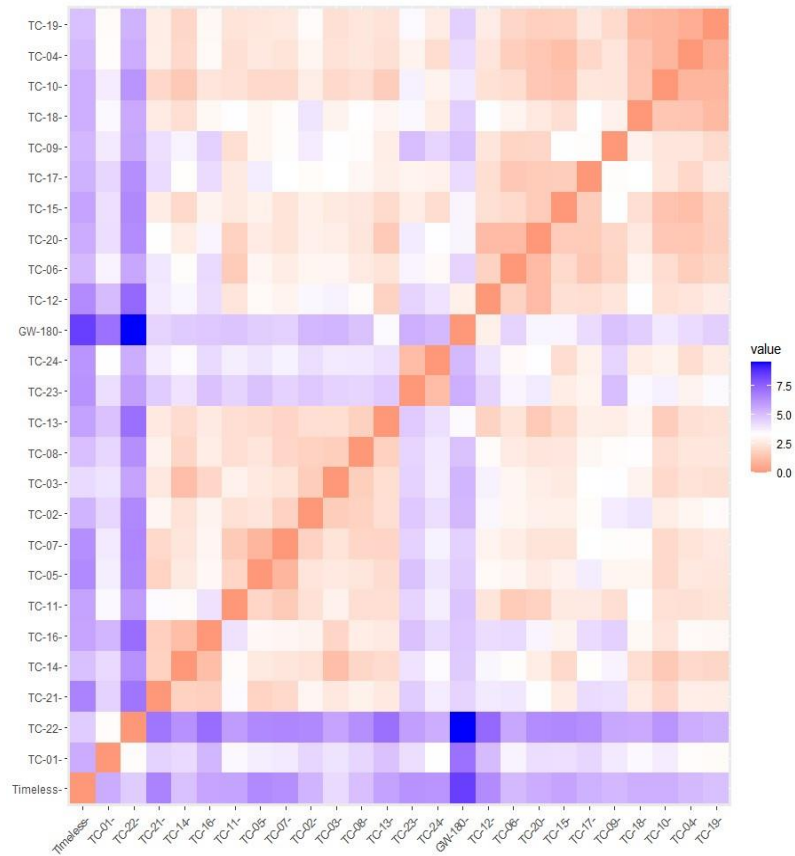


a

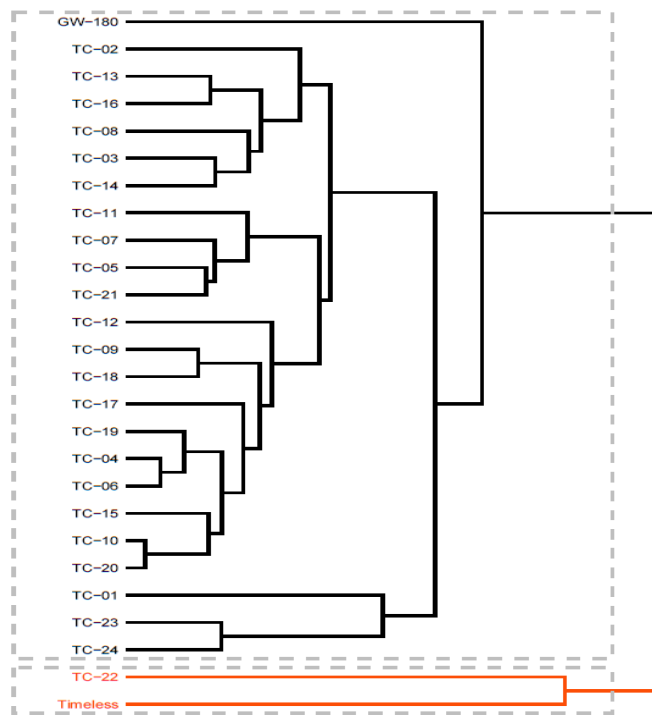


b

Figura 2. (a) Correlações dos valores genotípicos entre os caracteres de produção e qualidade de frutos em linhagens do Tipo 'Tigre' avaliadas em dois experimentos. (b) Dispersão dos genótipos em função dos escores dos dois primeiros componentes principais. FW: Peso médio do fruto, em kg; YD: Produtividade, em Mg.ha⁻¹; SS: Sólidos solúveis, em %; PT: Espessura da polpa, em cm; e PF: Firmeza da polpa, em Kgf.



a



b

Figura 3. (a) Distâncias euclidianas padronizadas. (b) Agrupamento linhagens de melão do tipo Tigre e seus genitores a partir do método de ligação média UPGMA. Correlação cofenética ($r = 0,86^{**}$).

3.3 Análise Fatorial

Na análise fatorial para os métodos MGIDI e FAI-BLUP, o primeiro componente principal ($\lambda_1=2,85$) explicou 56,9% da variação, enquanto o segundo componente ($\lambda_2 =1,09$) explicou 21,8%, totalizando 78,7% da variação total.

Na Tabela 2, estão os resultados da análise de fatorial concernente aos índices de distância de ideótipo de genótipo multicaracterística e FAI-BLUB. Os caracteres foram agrupados em dois fatores, com a comunalidade média igual a 0,79. A comunalidade média explicou **uma alta proporção da** variação total observada. Os caracteres peso do fruto, espessura da polpa, sólidos solúveis constituíram o primeiro fator, enquanto a firmeza da polpa constituiu o segundo fator.

Tabela 2. Variância explicada, cargas fatoriais após rotação varimax e comunalidades obtidas na análise fatorial para caracteres de produção e qualidade de frutos em linhagens do Tipo ‘Tigre’ avaliadas em dois experimentos.

Variável	Fatores		Comunalidade
	1°	2°	
FW	-0,91	0,03	0,83
PE	-0,96	0,08	0,92
PT	0,11	-0,93	0,87
SS	-0,66	-0,41	0,61
YD	-0,80	0,26	0,71
Média			0,79

FW: Peso médio do fruto, em kg; PT: Espessura da polpa, em cm; PF: Firmeza da polpa, em Kgf; SS: Sólidos solúveis, em %; YD: Produtividade, em Mg ha⁻¹

3.4 Ganhos de seleção e genótipos selecionados

Na Tabela 3, estão a média original, médias após a seleção e ganhos genéticos em porcentagem de ganho genético para os métodos MGIDI e FAI-BLUP, considerando os caracteres avaliados. Verificou-se que a média de seleção para os caracteres peso do fruto, espessura da polpa, sólidos solúveis e produtividade foi superior no método MGIDI quando comparadas àquelas do método FAI-BLUP. Por consequência, os ganhos percentuais com a seleção nos referidos caracteres foram superiores no método MGIDI.

Tabela 3. Média original, médias após a seleção e ganhos genéticos percentuais obtidos pelos métodos MGIDI e FAI-BLUP considerando caracteres de produção e qualidade de frutos em linhagens do Tipo ‘Tigre’ avaliadas em dois experimentos.

Variável	Fator	X _o	X _{s(MGIDI)}	X _{s(FAI-BLUP)}	GS(MGIDI)	GS(FAI)
FW	1	0,72	1,25	0,92	72,5	26,36
PF	1	2,87	3,45	3,06	20,5	6,86
PT	2	2,50	2,87	3,05	14,9	22,12
SS	1	6,79	8,00	7,56	17,8	11,37
YD	1	26,87	31,60	26,89	18,1	0,39

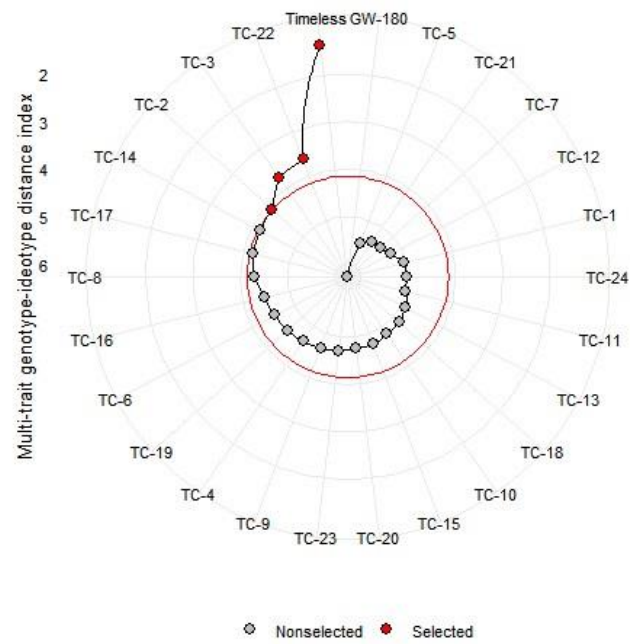
FW: Peso médio do fruto, em kg; PT: Espessura da polpa, em cm; PF: Firmeza da polpa, em Kgf; SS: Sólidos solúveis, em %; YD: Produtividade, em Mg.ha⁻¹.

Considerando uma intensidade de seleção de 15%, foram observados ganhos com a seleção para todos os caracteres. No caso do índice MGIDI, os ganhos variaram de 14,9% para espessura de polpa (PT) a 72,5% para o peso médio do fruto (FW). Para o caso do índice FAI-BLUP, os ganhos variaram de 0,39% para a produtividade (YD) a 26,36% para o peso médio dos frutos (FW).

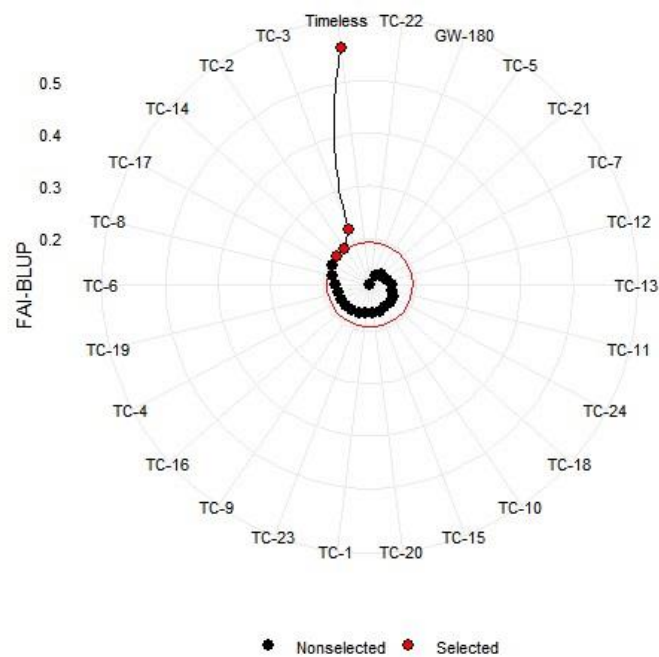
Os genótipos selecionados pelo método MGIDI foram o genitor ‘Timeless’ e as linhagens TC-22, TC-02 e TC-14 (Figura 4a), ao passo que os genótipos selecionados no método FAI-BLUP foram ‘Timeless’, TC-03, TC-02 e TC-14 (Figura 4b).

Nessa intensidade de seleção, a coincidência de genótipos selecionados nos dois métodos foi 75%, ou seja, dos quatro genótipos selecionados, três foram comuns nos dois métodos. Na Figura 5, observa-se que o número de genótipos coincidentes selecionados nos dois índices é diretamente proporcional ao número de genótipos selecionado com estimativa de coeficiente de correlação de $\hat{\rho} = 0,996$ ($p < 0,01$) (Figura 4).

Considerando a correlação de Spearman para a classificação dos genótipos nos dois índices (Tabela 4), a estimativa foi 0,81 ($p < 0,01$), indicando que a seleção dos genótipos pelos dois índices foi muito semelhante.



a



b

Figura 4. Classificação de linhagens e linhagens selecionadas (em vermelho) em ordem crescente para o índice de distância de ideótipo de genótipo multicaracterística (a) e índice FAI-BLUP. O círculo vermelho representa o ponto de corte de acordo com a pressão de seleção.

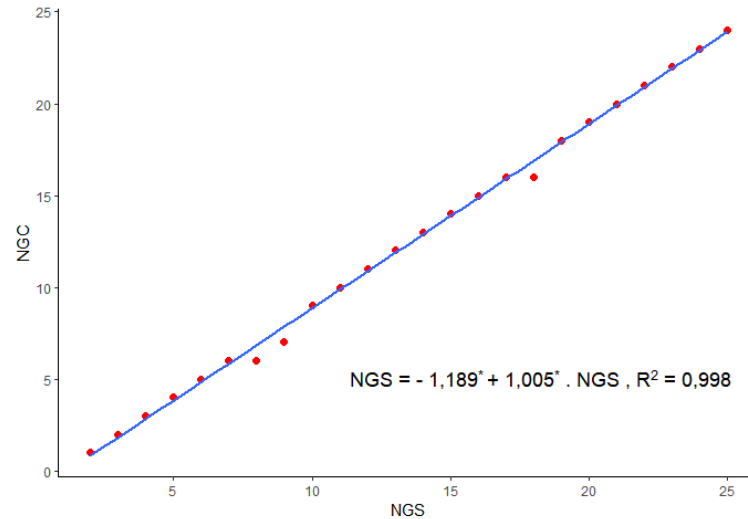


Figura 5. Número de genótipos coincidentes (NGC) em função do número de genótipos selecionados (NGS) pelos índices MGDI e FAI-BLUP.

Tabela 4. Classificação segundo os índices MGDI e FAI-BLUP e previsões de médias genotípicas de caracteres de produção e qualidade de frutos em linhagens do Tipo ‘Tigre’ e seus genitores.

Genótipo	Classificação		$(\mu + \hat{g})$				
	MGDI	FAI-BLUP	FW	PT	PF	SS	YD
TC-01	4	3	1,35	3,78	1,98	7,99	35,23
TC-02	3	2	0,83	2,80	3,12	7,18	26,90
TC-03	11	9	0,87	2,89	2,99	8,90	24,29
TC-04	25	24	0,70	2,97	2,31	9,13	27,07
TC-05	9	7	0,75	2,62	2,40	6,68	20,83
TC-06	23	22	0,75	2,95	2,37	9,02	28,82
TC-07	7	6	0,65	2,61	2,56	6,58	25,67
TC-08	12	11	0,52	2,52	2,88	8,59	30,04
TC-09	16	16	0,77	3,04	2,17	9,67	19,52
TC-10	19	19	0,56	2,82	2,41	8,82	22,35
TC-11	22	21	0,67	3,00	2,45	7,38	27,33
TC-12	18	20	0,43	2,44	2,35	8,75	20,06
TC-13	5	4	0,47	2,35	2,72	8,44	19,70
TC-14	15	15	0,62	2,75	2,82	9,01	23,95
TC-15	8	10	0,50	2,73	2,49	8,61	28,37
TC-16	6	5	0,55	2,45	2,99	8,68	19,83
TC-17	17	17	0,52	3,06	2,58	9,20	31,57
TC-18	10	8	0,65	2,94	2,09	9,83	23,68
TC-19	14	14	0,68	3,04	2,27	9,49	24,99
TC-20	24	23	0,57	2,77	2,43	8,93	23,13
TC-21	2	26	0,58	2,44	2,52	7,27	20,49
TC-22	13	12	1,96	4,31	2,10	10,76	42,99
TC-23	20	18	0,68	2,96	2,19	9,39	44,41
TC-24	1	1	0,76	3,04	2,13	8,64	39,04
GW-180	26	25	0,16	1,45	2,27	8,40	14,03

'Timeless'	21	13	1,35	3,81	3,27	13,15	32,41
------------	----	----	------	------	------	-------	-------

FW: Peso médio do fruto, em kg; PT: Espessura da polpa, em cm; PF: Firmeza da polpa, em Kgf; SS: Sólidos solúveis, em %; YD: Produtividade, em Mg.ha⁻¹.

4 DISCUSSÃO

Em ensaios de avaliação de cultivo e uso, uma preocupação inicial é a qualidade dos ensaios. A acurácia seletiva pode ser utilizada como medida de precisão dentro do contexto dos modelos mistos. A acurácia seletiva refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos (Resende; Duarte, 2007). Considerando a classificação dos referidos autores, conforme a magnitudes das acurácias, a precisão para todos os caracteres avaliados é muito alta ($\geq 0,90$), com exceção da firmeza da polpa (PF), cuja característica é considerada alta ($\geq 0,70$), como mostra a Tabela 1. Assim sendo, pode-se verificar que os ensaios foram conduzidos com alta precisão experimental.

A significância do efeito genotípico para todas as características avaliadas na análise conjunta dos dois experimentos indica a existência de variabilidade genética no grupo de linhagens e a possibilidade de seleção de genótipos superiores de melão do tipo Tigre. As estimativas de herdabilidade obtidas indicam importante contribuição da variância genotípica à variação total observada para o conjunto de características. Além disso, as estimativas obtidas para a acurácia expressam alta correlação entre valores genéticos previstos e observados (Lima et al., 2022; Resende; Duarte, 2007).

Ressalta-se que, embora tenha sido detectada, a variabilidade genética nos caracteres avaliados não permitiu a discriminação dos genótipos em muitos grupos, conforme o estudo da divergência genética, uma vez que apenas dois grupos de genótipos foram formados, tendo em um dos grupos locados praticamente todos os genótipos estudados. Todavia, mesmo assim, é possível obter ganhos genéticos selecionando no grupo linhagens desta população.

Considerando a variabilidade genética presente, o conhecimento da variação conjunta entre os caracteres de importância econômica é fundamental na definição de estratégias no processo seletivo, que podem ser desenhadas para a seleção de genótipos superiores. Nesse sentido, as estimativas do coeficiente de correlação obtidas neste trabalho indicam a existência de alta associação linear entre a espessura da polpa (PT) com o peso médio do fruto (FW) e produtividade (YD) e intermediária com sólidos solúveis (SS). Por outro lado, o peso médio do fruto (FW) correlacionou-se positivamente com a produtividade (YD) e sólidos solúveis (SS). Associações positivas entre variáveis permitem que a seleção indireta possa ser uma estratégia a ser executada, definindo-se a variável com a maior facilidade de fenotipagem. Neste caso, considerando que as correlações significativas foram todas positivas, é possível obter genótipos com elevadas produtividade e qualidade de frutos.

Por outro lado, conhecendo a estrutura da relação entre os caracteres, a utilização de índices de seleção é uma estratégia eficiente porque permite combinar múltiplas informações, para que seja possível selecionar com base em um complexo de variáveis reunindo diversos atributos de interesse econômico. Neste contexto, diversas propostas de índices de seleção têm sido apresentadas, desde os clássicos índices de Smith (1936) e Hazel (1943) até metodologias mais recentes. Dentre as mais recentes, destacam-se os índices multivariados de FAI-BLUP (*Factor analysis and genotype-ideotype design*) (Rocha et al., 2018) e MGIDI (*Multi-trait Genotype-Ideotype Distance Index*) (Olivoto; Nardino, 2020). Ambos os índices exigem a aplicação de uma análise fatorial, um método eficaz que ajusta os genótipos observados por fatores latentes não observados, maximizando a variância comum entre genótipos correlacionados. Esses índices não exigem a necessidade de estabelecer pesos econômicos. Além disso, no caso do índice MGIDI, há a vantagem da sua capacidade de lidar com a multicolinearidade. No presente estudo, não se verificou elevada multicolinearidade na matriz de correlação.

Os ganhos com a seleção utilizando o índice MGIDI foram maiores quando comparados àqueles obtidos pelo método FAI-BLUP em todos os caracteres, com exceção da espessura da polpa. Utilizando cinco índices e a intensidade de 20% para selecionar genótipos de trigo, Casagrande et al. (2022) observaram que o índice FAI-BLUP forneceu as menores estimativas de GS% considerando a soma total, corroborando os resultados do presente trabalho.

Não obstante os maiores ganhos genéticos observados no índice MGIDI, verificou-se alta coincidência de genótipos selecionados nos dois métodos (75%), ou seja, dos quatro genótipos selecionados, três foram comuns nos dois métodos. Os genótipos selecionados pelo método MGIDI foram o genitor 'Timeless' e as linhagens TC-22, TC-02 e TC-14, enquanto os genótipos selecionados no método FAI-BLUP foram 'Timeless', TC-03, TC-02 e TC-14. Em adição, a correlação entre os ordenamentos nos dois métodos foi elevada ($> 0,80$) e positiva.

O mercado de meloeiro tem uma tendência para a diversificação nos próximos anos. Com efeito, programas de melhoramento capazes de gerar novos tipos de melão são necessários e relevantes. No caso da Universidade Federal Rural do Semi-árido (UFERSA), vários programas paralelos têm sido realizados para gerar diferentes tipos de melão para atender a vários nichos de mercado. Dentre eles, o melão denominado de Tigre, oriundo do cruzamento entre 'Timeless' e GW-180, tem potencial para sucesso inovador. O referido tipo de melão tem como principais características de seu fruto a casca de coloração laranja com

manchas amarelas pardas e polpa salmão e formato arredondado. Além disso, os frutos herdaram as nervuras do genitor 'Timeless' e o formato arredondado do genitor GW-180.

Do ponto de vista pragmático, diante do resultado do presente trabalho, serão executadas três estratégias com as linhagens selecionadas TC-02, TC-03, TC-14 e TC-22. Na primeira, as linhagens serão autofecundadas para a obtenção da geração F₇ e avaliadas em condições de campo e manejo em algumas propriedades do setor produtivo visando a selecionar aquela mais promissora. Na segunda, as linhagens serão inter cruzadas para gerar uma população base da qual serão selecionados frutos sem nervuras, alta produtividade, tamanho até 1,5 kg, além da qualidade, especialmente sólidos solúveis (> 11%). Na última estratégia, as linhagens serão reunidas para formar uma variedade de polinização aberta que será avaliada pelo setor empresarial e pelo pequeno produtor.

5 CONCLUSÕES

A seleção baseada no índice MGIDI proporciona maior ganho com a seleção para a produtividade (YD), peso médio do fruto (FW), firmeza da polpa (PF) e sólidos solúveis (SS) do que aquela realizada com o índice FAI-BLUP.

Considerando os dois métodos, as linhagens mais promissoras para as etapas subsequentes do programa de melhoramento para melão do tipo Tigre são TC-02, TC-03, TC-14 e TC-22.

REFERÊNCIAS

- CANDIDO, W. S.; SILVA, C. M.; COSTA, M. L.; SILVA, B. E. A.; MIRANDA, B. L.; PINTO, J. F. N.; REIS, E. F. Selection indexes in the simultaneous increment of yield components in topcross hybrids of green maize. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 55, p. 1-8, 2020.
- CASAGRANDE, C. R.; MEZZOMO, H. C.; CRUZ, C. D.; BORÉM, A.; NARDINO, M. (2020). Choosing parents tropical wheat genotypes through genetic dissimilarity based on REML/BLUP. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 20, n. 3, 2020.
- CÉRON-ROJAS, J. J.; CROSSA, J. Expectation and variance of the estimator of the maximized selection response of linear selection indexes with Normal Distribution. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 133, p. 2743-2758, 2020.
- DONALD, C. M. The breeding of Crop ideotypes. *Euphytica*, v. 17, p. 385-403, 1968.
- HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, v. 28, p. 476-490. 1943.
- LIMA, G. W.; SILVA, C. M.; MEZZOMO, H. C.; CASAGRANDE, C. R.; OLIVOTO, T.; BOREM, A.; NARDINO, M. Genetic diversity in tropical wheat germplasm and selection via Multi-trait index. *Agronomy Journal*, v. 114, p. 887-899, 2022.
- MICHEL, S.; LÖSCHENBERGER, F.; AMETZ, C.; PACHLER, B.; SPARRY, E.; BÜRSTMAYR., H. Simultaneous selection for grain yield and protein content in genomics-assisted wheat breeding. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 132, p. 1745-1760, 2019.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt Journal of Genetics and Cytology*, v. 7, p. 40-51, 1978.
- NUNES, G. H. S.; ARAGÃO, F. A. S.; NUNES, E. W. L. P.; COSTA, J. M.; RICARTE, A. O. Melhoramento de Melão. In: NICK, C.; BORÉM, A. (org.). *Melhoramento de Hortaliças*, 1, 331-363. 2016.
- OLIVOTO, T.; NARDINO, M. MGIDI: toward an effective Multivariate selection in biological experiments. *Bioinformatics*, v. 37, p. 1383-1389, 2020.
- OLIVOTO, T.; DIEL, M. I.; SCHMIDT, D. *et al.* MGIDI: a powerful tool to analyze plant multivariate data. *Plant Methods*, v. 18, p. 121, 2022.
- R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing (version 4.3.1) [Software]. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>. 2023.
- RAMALHO, M. A. P. et al. *Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas*. Lavras: UFLA, 2012. 522p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. V. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37, 182-194. 2007.

RESENDE, M. D. V. Software *Selegen*-REML/BLUP A Useful Tool for Plant Breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 16, p. 330-339, 2016.

ROCHA, J. R. A. S. C.; MACHADO, J. C.; CARNEIRO, P. C. S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. *Global Change Biology Bioenergy*, v. 10, p. 52-60. 2018.

SMITH, H. A discriminant function for plant selection. *Ann. Eugenics*, v. 7, p. 240–250, 1936.

WRICKE, G., WEBER, E. *Quantitative genetics and selection in plant breeding*. New York: De Gruyter. 1986. 321p.