

FERNANDO ANTONIO SOUZA DE ARAGÃO

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE ACESSOS E INTERAÇÃO
GENÓTIPO X AMBIENTE DE FAMÍLIAS DE MELOEIRO**

Tese apresentada à Universidade Federal Rural do Semi-Árido, como parte das exigências para obtenção do Grau de Doutor em Agronomia: Fitotecnia, Área de Concentração: Agricultura Tropical, Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético Vegetal.

Orientador: Prof. PhD. MANOEL ABÍLIO DE QUEIRÓZ
Coorientador: Prof. D.Sc. GLAUBER HENRIQUE DE SOUSA NUNES

MOSSORÓ-RN
2011

**Ficha catalográfica preparada pelo setor de classificação e catalogação da
Biblioteca “Orlando Teixeira” da UFERSA**

A659d Aragão, Fernando Antonio Souza de.

Divergência genética de acessos e interação genótipo x ambiente de famílias de meloeiro. / Fernando Antonio Souza de Aragão. -- Mossoró, 2011.
137f. il.

Tese (Doutorado em Fitotecnia, Área de concentração: Agricultura Tropical, Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético Vegetal) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido. Pró-Reitoria de Pós-Graduação.

Orientador: Prof. D.Sc. Manoel Abilio de Queiróz
Coorientador: Prof. D.Sc. Glauber Henrique de Sousa Nunes

1.*Cucumis melo*. 2.Germoplasma. 3.Marcadores SSR. 4.Distância genética.
5.Frutos - Qualidade. I.Título.

CDD: 635.611

Bibliotecária: Vanessa Christiane Alves de Souza
CRB-15/452

“Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor”

FERNANDO ANTONIO SOUZA DE ARAGÃO

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE ACESSOS E INTERAÇÃO
GENÓTIPO X AMBIENTE DE FAMÍLIAS DE MELOEIRO**

Tese apresentada à Universidade
Federal Rural do Semi-Árido como
parte das exigências para obtenção do
Grau de Doutor em Agronomia:
Fitotecnia, Área de Concentração:
Agricultura Tropical, Linha de
Pesquisa: Melhoramento Genético
Vegetal.

APROVADA COM DISTINÇÃO EM: 29/04/2010.



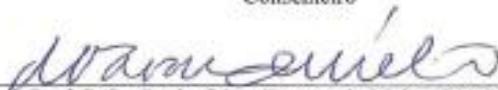
Prof. Ph.D. Manoel Abílio Queiroz - UNEB / UFERSA
Presidente (Orientador)



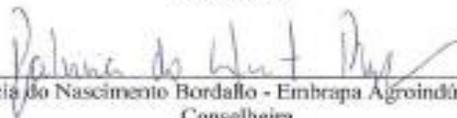
Prof. D.Sc. Glauber Henrique de Sousa Nunes - UFERSA
Co-Orientador



Prof. D.Sc. Ricardo Elesbão Alves - Embrapa Agroindústria Tropical / UFERSA
Conselheiro



Prof. D.Sc. Paulo César Tavares de Melo - ESALQ-USP
Conselheiro



D.Sc. Patrícia do Nascimento Bordallo - Embrapa Agroindústria Tropical
Conselheira

Aos pioneiros: Charles Darwin, Charles Naudin e Gregor Mendel;
aos cientistas: Vicente Casali, Leonardo Giordano e Manoel Abílio;
e aos heróis: Antonio Conselheiro, Padre Cícero e Patativa do Assaré.

Ofereço.

Aos meus pais (exemplo e admiração), aos meus irmãos (companheirismo e amizade), aos meus filhos (amor e dedicação) e, especialmente à minha esposa Helenkarcia, eternamente Minha Rainha...

Dedico.

a DEUS...

...tudo é do PAI,

toda honra e toda glória,

é DELE a vitória

alcançada em minha vida...

Devoto.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA) por possibilitar a realização do meu doutorado, inclusive, no contexto da área de produção nacional de melão;

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária pela oportunidade de qualificação profissional e concessão da bolsa de estudos;

À Embrapa Agroindústria Tropical por todo o apoio logístico e financeiro para realização deste trabalho;

Ao Banco do Nordeste do Brasil pelo financiamento de grande parte deste trabalho por meio do FUNDECI/ETENE;

Ao meu orientador Professor Manoel Abílio de Queiroz (meu Mestre) pela oportunidade de conhecê-lo, pela sabedoria e por todo o aprendizado em minha vida profissional e pessoal, ao qual serei enorme e eternamente grato. Aproveito para externar que o considero a pessoa que mais une sabedoria e humildade, é um presente que Deus deu ao Nordeste”;

Ao professor Glauber Henrique de Sousa Nunes pela amizade, companheirismo e relevante orientação e contribuição;

Ao pesquisador Ricardo Elesbão Alves pelo exemplo, amizade, contribuição neste trabalho e pela motivação constante;

Ao professor Paulo César Tavares de Melo (meu Padrinho) pelas relevantes contribuições para este trabalho e pelo exemplo de dedicação, trabalho e qualidade em tudo que faz;

À pesquisadora Patrícia do Nascimento Bordallo pela amizade, relevante orientação e revisão desta tese;

Ao pesquisador Levi de Moura Barros (meu Guru) pelos ensinamentos e companheirismo e por ser uma fonte inesgotável de conhecimentos, totalmente acessível;

Aos professores Francisco Bezerra Neto e Maria Zuleide Negreiros, exemplos de conduta e admiração, em nome de todos os professores da Pós-graduação em Fitotecnia da UFERSA;

Aos colegas Adriano da Silva Almeida, José Robson da Silva e Norma Danielle Barreto, companheiros queridos, em nome de todos dos colegas de Pós-graduação pela amizade, cumplicidade e convivência;

Ao meu colega e professor José Torres Filho, pela ajuda e cumplicidade e pelo exemplo que é para a Universidade;

Aos meus colegas Cléa Figueiredo, Morsyleide Rosa, Ana Cristina, Ana Cecília, Carlos Farley, Francisco Xavier, Mem de Sá, Ebenezer Silva, Raimundo Lima e José Carlos (Zeca) pela amizade sincera e incentivos ao meu crescimento profissional;

Aos pesquisadores Gláucia Buso e Marco Antonio (Marcão) da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia pela hospitalidade, treinamento e relevante contribuição nas atividades de manipulação de DNA;

Aos bolsistas da Embrapa Agroindústria Tropical Alexandre Nunes, Zirlane Portugal, Tomil Sousa, Fábio Costa e Antonio Abelardo pela dedicação e contribuição na coleta dos dados;

À WG Fruticultura em nome dos senhores Wilson Galdino, Galberto e Miltão, pela importante colaboração na avaliação das famílias de melão;

À Agrícola Famosa, em especial ao meu amigo Richard Muller, por sua boa vontade, compromisso e pela contribuição na avaliação das famílias de melão;

Ao pessoal da Fazenda Água, especialmente aos meus amigos Zé Ferreira e Samuel, profissionais sérios, de boa vontade e comprometidos com a qualidade;

Enfim, a todos aqueles que auxiliaram de alguma forma na realização deste trabalho.

Muitíssimo Obrigado!

RESUMO

ARAGÃO, Fernando Antonio Souza de. **Divergência genética de acessos e interação genótipo x ambiente de famílias de meloeiro**. 2010. 137f. Tese (Doutorado em Agronomia: Fitotecnia/Melhoramento Genético) - Universidade Federal Rural do Semi-árido (UFERSA).

O agronegócio do melão brasileiro tem se expandido bastante, alcançando quase 500 mil toneladas de frutos por ano e tornando o melão a principal fruta nacional, tanto em volume de exportação quanto em valor exportado, estando esta atividade concentrada no semiárido brasileiro. Contudo, o Brasil é apenas o décimo segundo país em produção e área plantada e vigésimo terceiro em produtividade, evidenciando que ainda existe muito por ser feito em termos do melhoramento e recursos genéticos desta cultura. Assim sendo, os objetivos deste trabalho foram estimar a divergência genética de acessos de meloeiro coletados em propriedades de agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, tanto por descritores do fruto quanto por marcadores microssatélites e estudar a natureza da interação genótipo x ambiente (G x A) bem como estimar parâmetros genéticos e ganhos por seleção de famílias de melão, no polo Jaguaribe-CE/Assu-RN. O estudo de divergência genética mostrou grande variabilidade entre os acessos, entre e dentro dos grupos botânicos, possibilitando avanços no melhoramento genético dos caracteres de qualidade dos frutos. A análise de agrupamento por descritores do fruto formou oito grupos, sem critérios taxonômicos. Os caracteres diâmetro lateral, número de frutos por planta, espessura da cavidade e sólidos solúveis foram os descritores que mais contribuíram para a dissimilaridade dos genótipos. Os marcadores SSR amplificaram 41 alelos com média de 2,41 alelos e três genótipos por loco. A análise filogenética molecular separou os acessos em 13 grupos, também sem coerência taxonômica nos grupos formados. O grau de associação entre as matrizes de distâncias genéticas morfoagronômica e molecular foi nulo, não havendo associação entre os descritores e os marcadores SSR, o que era previsível devido ao número distinto de grupos, a natureza quantitativa dos descritores e a forma de distribuição dos marcadores SSR no genoma. No estudo de interação genótipo x ambiente, houve heterogeneidade entre as famílias para todas as características avaliadas. As herdabilidades estimadas nas análises conjuntas foram sempre inferiores àquelas estimadas em cada ambiente. A parte simples da interação G x A foi sempre superior a 99%, exceto para firmeza da polpa, com amplo predomínio da parte complexa entre pares de ambientes A₁ e A₃ e A₂ e A₃. Os ganhos diretos com seleção foram maiores do que os ganhos indiretos para todas as características, em todos os ambientes avaliados. Os ganhos foram mais próximos dos ganhos genéticos diretos quando se praticou a seleção pela média dos três ambientes. As estimativas de parâmetros genéticos associadas à natureza simples da interação família x ambiente

permitem progresso genético por meio de métodos de melhoramento menos sofisticados. Como a interação genótipo x ambiente superestima o coeficiente de variação genético e a variância genética entre famílias em um ambiente, são necessárias avaliações dos genótipos em mais de um local, desde que a seleção seja praticada considerando a média das famílias nos ambientes. Portanto, ficou comprovado o potencial de melhoramento genético tanto no germoplasma utilizado no estudo de divergência genética quanto do germoplasma avaliado nas análises da interação genótipo x ambiente.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, germoplasma, descritores, marcadores SSR, distância genética, agrupamento, qualidade de frutos.

ABSTRACT

ARAGÃO, Fernando Antonio Souza de. **Genetic divergence of access and genotype x environment interaction of melon families.** 2010. 137f. Thesis (Doctorate in Plant Science - Plant Breeding) – Universidade Federal Rural do Semi-árido (UFERSA).

The Brazilian melon agribusiness is in expansion, reaching almost 500 thousand tons per year and making melon the main domestic fruit in both exported volume and value, with this activity being concentrated in the Brazilian Semiarid region. However, Brazil ranks only twelfth among the producing countries in area planted and production and the twentieth-third in productivity, demonstrating that there is still much to do on melon breeding and genetic resources of this crop. Thus, the objectives of this work were to estimate the genetic diversity of melon accessions collected from the traditional agricultural areas of the Brazilian Northeastern region by using descriptors for the fruit and microsatellite markers, and to study the nature of genotype vs. environment interaction and to estimate genetic parameters and gains by selection of melon families, in the Jaguaribe/Assú irrigation projects (Ceará and Rio Grande do Norte States, Brazil). The study of genetic diversity showed great variability among accessions, within and among the botanical groups, enabling advances in genetic improvement of fruit quality traits. Cluster analysis by fruit descriptors formed eight groups, without taxonomic criteria. The characters fruit longitudinal diameter, number of fruits per plant, cavity thickness and total soluble solids were descriptors that contributed most to the dissimilarity of the genotypes. The SSR markers amplified 41 alleles with average of 2.41 alleles and three genotypes per locus. A phylogenetic molecular analysis separated the accessions into 13 groups, also without taxonomic coherence in groups formed. The degree of association between genetic distance morpho-agronomic and molecular matrices was null. Then, there was no significant association between the descriptors and SSR markers, which was predictable due the number of distinct groups, the quantitative nature of the descriptors and the distribution of SSR markers in the genome. In the study of genotype vs. environment interaction, there was heterogeneity among the families for all traits. Heritability estimates in the combined analysis were consistently lower than those estimated for each environment. The simple part of G vs. E interaction was always above 99%, except for pulp firmness, with a predominance of the large complex part between the pairs of environments A₁ and A₃ and A₂ and A₃. The direct gains by selection were higher than the indirect gains for all traits in all environments evaluated. Gains were closer to the direct genetic gains when the selection was based on the average of the three environments. Estimates of genetic parameters associated with the simple nature of the family vs. environment interaction allowed genetic progress by simple breeding methods. As the genotype-environment interaction overestimates the coefficient of genetic variation and genetic variance among families in an environment, genotype

assessments in more than one location are necessary since that selection is made considering the average of the families on the environments. Therefore, the potential of genetic improvement was demonstrated for the germplasm used in the study of genetic diversity as well as for the germplasm evaluated in the analysis of genotype-environment interaction.

Keywords: *Cucumis melo*, germplasm, descriptors, SSR markers, genetic distance, cluster, fruit quality.

LISTA DE TABELAS

Revisão Bibliográfica

Tabela 1	Área plantada, quantidade produzida e valor da produção da lavoura melão, nos anos de 2007 e 2008, no Brasil.	22
Tabela 2	Propostas de classificação taxonômica dos melões (<i>Cucumis melo</i>), a partir da classificação de Naudin (1859).	28
Tabela 3	Principais tipos comerciais de melão, variedade botânica e alguns exemplos de híbridos comerciais cultivados no Nordeste brasileiro.	30

Capítulo I

Tabela 1	Descritores dos frutos dos acessos/cultivares de meloeiro caracterizados por Torres Filho (2008), em 2006/07. Mossoró-RN, UFERSA.	93
Tabela 2	Estimativas da contribuição relativa dos caracteres para diversidade pelo método de Singh, utilizando as distâncias generalizadas de Mahalanobis.	97
Tabela 3	Loco microssatélite, domínio, tipos de repetições, sequência repetida, temperatura de anelamento e tamanho esperado do fragmento (em pares de bases) dos 17 marcadores microssatélites polimórficos para os 41 genótipos avaliados.	99
Tabela 4	Medidas descritivas para o estudo da diversidade baseado nos marcadores microssatélites polimórficos em 41 acessos de melão, estimadas pelo programa PowerMarker®.	101

Capítulo II

Tabela 1	Estimativas dos parâmetros genéticos e ambientais das famílias F ₃ de melão. Fortaleza-CE, 2010.	121
Tabela 2	Estimativas das partes simples (S) e complexa (C) da interação genótipo x ambiente de características de famílias de meloeiro avaliadas em três ambientes, dois a dois, e na análise conjunta. Fortaleza-CE, 2010.	126
Tabela 3	Ganhos diretos e indiretos com a seleção para características de famílias de meloeiro avaliadas em três ambientes. Fortaleza-CE, 2010.	128

LISTA DE FIGURAS

Revisão Bibliográfica

- Figura 1 Desenho esquemático dos tipos de melão comercializados no Brasil (CEAGESP, 2010). 29
- Figura 2 Rota metabólica generalizada da transformação de oligossacarídeos em sacarose (FEUSI et al., 1999, KELLER e PHARR, 1986 e SCHAFFER et al., 1996 citados por SCHAFFER et al., 2000). 57

Capítulo I

- Figura 1 Variação na cor da casca e na cor da polpa dos frutos de alguns acessos de meloeiro. Mossoró-RN, UFERSA, 2008. 92
- Figura 2 Análise de agrupamento dos 41 acessos de melão por meio dos descritores do fruto, obtida pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância de Mahalanobis. CNPAT/UFERSA, Fortaleza, 2010. 96
- Figura 3 Géis de eletroforese referentes aos marcadores CMBR83(A) e CMBR140(B). 100
- Figura 4 Análise de agrupamento dos 41 acessos de melão por meio dos marcadores microssatélites, obtida pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância de Nei. CNPAT/CENARGEN, Fortaleza, 2010. 103

Capítulo II

- Figura 1 Esquema de cruzamentos para formação das famílias F_3 , a partir de dois parentais contrastantes para caracteres de qualidade dos frutos do meloeiro. 116
- Figura 2 Ampla variabilidade fenotípica observada entre e dentre as famílias F_3 avaliadas. 123

LISTA DE ABREVIATURAS

A	Ambiente
A _n	um dado ambiente avaliado
BAG	banco ativo de germoplasma
CEAGESP	Companhia de Entrepósitos e Armazéns Gerais de São Paulo
CENARGEN	Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
CNPAT	Embrapa Agroindústria Tropical
CPATSA	Embrapa Semi-Árido
CV	coeficiente de variação
DL	diâmetro longitudinal do fruto
DNA	ácido desoxirribonucleico
DS	diferencial de seleção
DT	diâmetro transversal do fruto
EC	espessura da cavidade
EP	espessura da polpa
FAO	Food and Agriculture Organization
FP	firmeza da polpa
G	Genótipo
G x A	genótipo por ambiente
GS	ganhos com seleção
h ²	herdabilidade
HDRF	honey dew red flesh
IF	índice de formato, dado pela razão entre DL/DT
IPGRI	International Plant Genetic Resources Institute
k	uma constante, obtida pela expressão $k = 1 - r - \sqrt{(1 - r)^3}$
MF	massa média do fruto

NPF	número de frutos por planta
OMS	Organização Mundial da Saúde
PCR	polymerase chain reaction
PIC	poder discriminatório dos marcadores
<i>QM</i>	quadrado médio
QTL	quantitative trait loci
<i>r</i>	coeficiente de correlação
RAPD	randomly amplified polymorphic DNA
REML	máxima verossimilhança restrita
<i>S_j</i>	contribuição relativa de cada caractere
SAS	Statistic Analysis System
SQ	soma de quadrados
SS	sólidos solúveis
SSD	single seed descent
SSR	simple sequence repeats
Taq	enzima retirada da bactéria <i>Thermus aquaticus</i>
TEB	tampão de corrida do DNA
UPGMA	unweighted pair-group method using arithmetic average
W	Watt
σ^2	Variância

SUMÁRIO

Revisão Bibliográfica

1 INTRODUÇÃO	17
2 REFERENCIAL TEÓRICO	21
2.1 Importância socioeconômica	21
2.2 Origem e diversidade	24
2.3 Botânica e sistemática	25
2.4 Planta e biologia reprodutiva	30
2.5 Cultura do melão	33
2.6 Recursos Genéticos em <i>Cucumis melo</i>	36
2.7 Caracterização e avaliação	38
2.8 Melhoramento genético	41
2.9 Divergência genética	47
2.10 Interação genótipo x ambiente	50
2.11 Qualidade dos frutos	53
3 REFERÊNCIAS	58

CAPÍTULO I - *Divergência genética em acessos de meloeiro da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro*

RESUMO	81
ABSTRACT	83
INTRODUÇÃO	84
MATERIAL E MÉTODOS	87
1 Germoplasma	87
2 Obtenção de material vegetal	87
3 Extração de DNA genômico	88
4 Reações de amplificação, eletroforese e dados moleculares	89

5	Análises Estatísticas	90
	RESULTADOS E DISCUSSÃO	91
1	Divergência genética morfoagronômica	91
2	Divergência genética molecular	98
3	Comparação entre as matrizes filogenéticas	104
	REFERÊNCIAS	105
CAPÍTULO II - <i>Interação genótipo x ambiente de famílias de meloeiro por meio de caracteres de qualidade dos frutos</i>		
<hr/>		
	RESUMO	111
	ABSTRACT	112
	INTRODUÇÃO	113
	MATERIAL E MÉTODOS	115
1	Obtenção das famílias F ₃	115
2	Experimentos	116
3	Análises Estatísticas	117
3.1	Estimação de componentes e parâmetros	117
3.2	Decomposição da interação genótipo x ambiente	118
3.3	Progresso genético com a seleção	118
	RESULTADOS E DISCUSSÃO	120
1	Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos	120
2	Interação família x ambiente	124
3	Ganhos por seleção de famílias	127
	CONCLUSÃO	130
	REFERÊNCIAS	131
	CONSIDERAÇÕES FINAIS	134
	ANEXOS	135

1 INTRODUÇÃO

Nas últimas duas décadas, o agronegócio do melão no Brasil se expandiu nove vezes, alcançando aproximadamente 500 mil toneladas por ano, quase tudo concentrado no Nordeste brasileiro. A partir de 2007, o melão passou a ser a principal fruta nacional em volume de exportação e, em 2009, a principal em valor exportado, com a característica relevante de essa atividade ser realizada no semiárido brasileiro, uma região carente de recursos e oportunidades. Nesse contexto, o destaque ficou por conta do Estado do Ceará que, nesse mesmo período, incrementou vinte e cinco vezes sua produção, tornando-se o principal produtor e exportador do melão brasileiro, em 2008 (IBGE, 2010).

A expansão da área plantada, a redução do custo de produção, o manejo integrado de pragas e doenças em nível regional, o manejo do solo, a acessibilidade dos pequenos produtores ao mercado externo e a tecnologias modernas, e principalmente o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas ao semiárido com resistências às principais pragas e doenças que ocorrem na região, são aspectos que podem incrementar mais ainda o agronegócio brasileiro do melão. Vale ressaltar que as questões ambientais têm sido cada vez mais consideradas no comércio internacional de *commodities*, portanto os produtores também devem estar atentos a essa nova demanda.

O melhoramento genético para produtividade e qualidade do fruto é a forma mais sustentável e ambientalmente correta para aumentar a competitividade do melão brasileiro no mercado internacional, principalmente se estiver associado a avanços tecnológicos no manejo do cultivo. Ao mesmo tempo, incrementar consumo *per capita* interno do melão, que é de apenas 0,36 kg/habitante/ano (IBGE, 2010), principalmente por meio do conteúdo dos sólidos solúveis, aparência e formato de fruto e firmeza de polpa.

Desse modo, novas cultivares, uniformes e mais produtivas, com melhor sabor, polpa firme e espessa, alto teor de sólidos solúveis, maior conservação pós-colheita e adaptadas ao semiárido, continuam sendo demandadas pela cadeia produtiva do melão brasileiro. Estas demandas podem ser atendidas por meio do desenvolvimento de programas de melhoramento genético de melão, que faça uso integrado de técnicas de biologia molecular e do melhoramento genético convencional.

Entretanto, as cultivares modernas, com uniformidade e elevada produtividade, podem contribuir para erosão genética, pela diminuição ou perda da variabilidade genética de espécies cultivadas, por meio da perda de plantas silvestres ou variedades tradicionais cultivadas pelos pequenos agricultores, promovendo o estreitamento da base genética das culturas (QUEIROZ, 2004).

O Nordeste brasileiro dispõe de várias espécies de cucurbitáceas introduzidas há séculos por escravos e imigrantes, das quais algumas se estabeleceram de tal maneira que esta região pode ser considerada um novo centro de diversidade, especialmente para a melancia (ROMÃO, 1995). Essas espécies são muito cultivadas pelos agricultores de sequeiro em pequenas propriedades rurais, originando diversas cultivares tradicionais (QUEIROZ, 1993). Desse modo, é importante a conservação e preservação desse excelente reservatório de alelos, em que a caracterização e a avaliação são fundamentais por proverem informações essenciais ao manejo e uso do germoplasma. No entanto, diferente de outros países, no Brasil, poucos esforços com esse propósito têm sido realizados (TORRES FILHO, 2008).

Quando se avaliam genótipos em distintos ambientes e cada ambiente age de forma distinta sobre os caracteres relacionados à avaliação do germoplasma de melão, ocorre interação genótipo x ambiente (RAMALHO *et al.*, 1993). Isso ocorre porque a interferência ambiental é mais intensa nas características quantitativas, inclusive, com maior probabilidade de haver interação genótipo x ambiente de natureza complexa (SILVA, 2006). Nesse caso, um maior controle ambiental associado à inclusão de mais ambientes auxilia na compreensão dos fatores genéticos, envolvidos no controle de

características de interesse agrônomo, na recomendação de cultivares ou orientação de cruzamentos, na seleção de indivíduos superiores nos programas de melhoramento e em casos de estudos de divergência genética.

Estudos dessa natureza permitem aos melhoristas a identificação de cruzamentos entre parentais divergentes visando à obtenção de populações segregantes com alta variabilidade e efeitos heteróticos significativos. Além disso, a divergência genética também pode auxiliar no direcionamento de cruzamentos entre linhagens de melão com o intuito de gerar os melhores híbridos, haja vista que, em muitos casos, existe correlação entre divergência genética entre linhagens e a heterose (LABORDA *et al.*, 2005). Embora os mecanismos genéticos envolvidos nesta associação possam ser distintos em cada conjunto gênico, muitas informações ainda são necessárias.

A caracterização e avaliação de germoplasma têm sido baseadas em descritores morfológicos, resistência a doenças e insetos, e em aspectos agrônômicos (LIU *et al.*, 2004; KIRKBRIDE, 1993). Para a caracterização morfológica de acessos de melão, têm sido utilizados os descritores elaborados pelo IPGRI (IPGRI, 2003). Todavia, com o advento de técnicas específicas baseadas na sequência de DNA, surgiu a caracterização molecular de germoplasma (SZABÓ *et al.*, 2005; RITSCHER *et al.*, 2004; CHIBA *et al.*, 2003). Estes estudos geram informações relativas às variantes genéticas potencialmente importantes para a ampliação da base genética dos programas de melhoramento (SHIRAN *et al.*, 2007).

O uso de marcadores moleculares tem sido uma ferramenta importante na investigação das linhagens melhoradas, mesmo dentro de grupos botânicos, pois detecta divergência genética suficiente para produzir híbridos com significativos efeitos heteróticos (DELEU *et al.*, 2009). Além disso, alguns autores relatam que os marcadores moleculares foram mais eficientes do que as características agrônômicas na predição da distância genética entre linhas melhoradas e do comportamento de híbridos, porque não sofrem influência do ambiente, podendo ser examinados em qualquer idade da planta e aplicados a grande quantidade de acessos, o que nem

sempre é possível com o estudo dos caracteres morfológicos (JOSÉ *et al.*, 2005). Desse modo, o desenvolvimento da tecnologia de marcadores moleculares promoveu um grande avanço no estudo de características quantitativas, tais como tamanho, formato, cor e conteúdo de sólidos solúveis do fruto de melão (MONFORTE *et al.*, 2004).

No Brasil, o sucesso da cultura do melão está associado à utilização de híbridos simples uniformes e produtivos, entretanto, a maioria dos híbridos cultivados comercialmente tem origem fora do país e apresentam evidentes problemas de adaptação, com forte redução no ciclo e menor teor de sólidos solúveis. Assim, embora a qualidade dos frutos do melão brasileiro tenha evoluído nos últimos anos, ainda deve melhorar muito em termos de resistência a pragas e doenças, teor de sólidos solúveis e padrão comercial dos frutos demandado por cada mercado.

Portanto, o aumento de produtividade e melhoria da qualidade dos frutos representam um estímulo à produção brasileira e desafios aos programas de melhoramento de melão que visem a obter linhagens e combinações híbridas adaptadas às condições do agroecossistema do Nordeste e, que, por conseguinte, aumentem a competitividade do melão nacional. Todavia, na prática, estes programas ainda são muito tímidos, pois não dispõem de ampla variabilidade genética e têm investido pouco em estudos básicos de genética clássica e quantitativa.

Diante do exposto, o presente trabalho tem como objetivos gerais:

a) estimar a divergência genética de acessos de meloeiro coletados em propriedades que praticam agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, tanto por descritores do fruto quanto por marcadores microsatélites;

b) estudar a natureza da interação genótipo x ambiente bem como estimar parâmetros genéticos e ganhos por seleção de famílias de melão, no polo Jaguaribe-Assu;

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância socioeconômica

A contínua incorporação de novas tecnologias tem promovido constante expansão no agronegócio do melão brasileiro. Além de resultar em relevante inserção internacional, este negócio gera emprego e renda no semiárido nordestino com destacada participação de pequenos, médios e grandes produtores nos mercados nacionais e internacionais (CRISÓSTOMO *et al.*, 2008).

As regiões do Baixo Assu no Rio Grande do Norte, Baixo Jaguaribe no Ceará e Chapada do Apodi em ambos os estados, são responsáveis pelas maiores áreas produtoras de melão no semiárido do Nordeste (DIAS *et al.*, 1998). No Brasil, a área plantada passou de 7,80 mil hectares, em 1990, para 22,05 mil hectares, em 2007, e nesse período houve crescimento da produção e da produtividade, (Tabela 1). Em 2007, foram produzidas 495 mil toneladas, com um valor de produção de R\$ 316 milhões, estando a produção brasileira concentrada no Nordeste (95,8%), principalmente nos estados do Rio Grande do Norte (46,6%), Ceará (35,0%), Bahia (10,5%) e Pernambuco (3,5%) (IBGE, 2010).

Em 2008, houve um decréscimo significativo no desempenho do cultivo de melão em relação a 2007, devido à falência da maior empresa produtora, que se situava em Mossoró-RN. Desse modo, o Estado do Ceará assumiu a liderança tanto na produção quanto nas exportações brasileiras de melão (ANUÁRIO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 2009). Esta ocorrência está refletida nas estatísticas do Estado do Rio Grande do Norte, da Região Nordeste e, obviamente, do Brasil.

Entretanto, o melão é a fruta brasileira que nas duas últimas décadas mais incrementou sua participação nas exportações, passando de 50,7 mil toneladas, em 1989, para mais de 211,8 mil toneladas, em 2008, ainda sendo a fruta brasileira mais genuína de exportação, pois em muitas safras mais de 40% da produção é exportada,

Tabela 1. Área plantada, quantidade produzida e valor da produção da lavoura melão, nos anos de 2007 e 2008, no Brasil.

União, Regiões e Estados	Área plantada				Quantidade produzida				Valor da produção			
	hectares		%		toneladas		%		mil reais		%	
	2007	2008	2007	2008	2007	2008	2007	2008	2007	2008	2007	2008
Brasil	22.048	15.788	100	100	495.323	340.464	100	100	315.872	257.515	100	100
Centro-Oeste	47	59	0,2	0,4	264	771	0,1	0,2	228	375	0,1	0,1
Distrito Federal	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Goiás	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Mato Grosso	36	53	0,2	0,3	139	681	<0,1	0,2	143	321	<0,1	0,1
Mato Grosso do Sul	11	6	<0,1	0,1	125	90	<0,1	<0,1	85	54	<0,1	<0,1
Nordeste	19.355	13.062	87,8	82,7	474.368	316.221	95,8	92,9	298.383	235.984	94,5	91,6
Alagoas	22	53	0,1	0,3	495	1.110	0,1	0,3	446	1.610	0,1	0,6
Bahia	2.964	1.219	13,4	7,7	51.886	21.702	10,5	6,4	29.427	11.199	9,3	4,3
Ceará	6.923	6.803	31,4	43,1	173.378	170.424	35,0	50,1	139.752	150.887	44,2	58,6
Maranhão	23	320	0,1	2,0	244	767	<0,1	0,2	86	311	<0,1	0,1
Paraíba	13	12	0,1	0,1	275	260	0,1	0,1	148	156	<0,1	0,1
Pernambuco	840	924	3,8	5,9	17.400	17.974	3,5	5,3	8.270	14.229	2,6	5,5
Piauí	-	140	-	0,9	-	3.400	-	1,0	-	4.080	-	1,6
Rio Grande do Norte	8.570	3.591	38,9	22,7	230.690	100.584	46,6	29,5	120.255	53.513	38,1	20,8
Sergipe	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Norte	102	42	0,5	0,3	498	314	0,1	0,1	382	346	0,1	0,1
Acre	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Amapá	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Amazonas	63	-	0,3	-	203	-	<0,1	-	78	-	0,1	-
Pará	9	12	<0,1	0,1	67	84	<0,1	<0,1	29	36	<0,1	<0,1
Rondônia	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Roraima	30	30	0,1	0,2	228	230	<0,1	0,1	276	311	0,1	0,1
Tocantins	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Sudeste	51	83	0,2	0,5	818	1.422	0,2	0,4	742	1.207	0,2	0,5
Espírito Santo	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Minas Gerais	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Rio de Janeiro	25	18	0,1	0,1	265	180	0,1	0,1	143	72	<0,1	<0,1
São Paulo	26	65	0,1	0,4	553	1.242	0,1	0,4	599	1.135	0,2	0,4
Sul	2.493	2.542	11,3	16,1	19.375	21.736	3,9	6,4	16.137	19.604	5,1	7,6
Paraná	255	257	1,2	1,6	2.457	2.226	0,5	0,7	2.903	2.630	0,9	1,0
Rio Grande do Sul	2.238	2.273	10,2	14,4	16.918	19.344	3,4	5,7	13.234	16.763	4,2	6,5
Santa Catarina	-	12	-	0,1	-	166	-	<0,1	-	210	-	0,1

Fonte: IBGE/SIDRA - Produção Agrícola Municipal (<http://www.sidra.ibge.gov.br/>).

enquanto que outras frutas não possuem mais de 5% de sua produção exportada (BRASIL, 2010). Em nível mundial, a tendência do agronegócio do melão é de forte crescimento de mercado, pois o incremento no consumo se manteve acima dos 4% nas últimas duas décadas. Somente na Europa, que é o principal mercado importador do Brasil, esse consumo cresceu 8,2% ao ano, na década de 1980, e acelerou para 10,7% ao ano na década de 1990 (CARVALHO, 1996).

As exportações evoluíram de 22 mil toneladas em 1990 para 212 mil toneladas em 2008, representando 62% do melão comercializado neste último ano e gerando divisas da ordem de U\$ 152 milhões (BRASIL, 2010). Após este período, o melão passou a ser a principal fruta nacional tanto em volume de exportação quanto em valor exportado (ANUÁRIO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 2010; IBRAF, 2010).

No cenário internacional, em 2007, o melão brasileiro teve pouca expressão em termos de área cultivada (1,6%) e de produção (1,8%). No ranque dos países, o Brasil foi apenas o décimo segundo em produção e área plantada e vigésimo terceiro em produtividade, todavia, destacou-se em segundo nas exportações (FAO, 2010), tendo lugar de destaque nas grandes cadeias internacionais de supermercados da Europa e da América do Norte (SOUZA, 2005). O baixo percentual na área cultivada e produção mundial provavelmente explica o pouco investimento das companhias internacionais de sementes no desenvolvimento de genótipos adaptados às condições de produção do semiárido brasileiro. Contudo, algumas empresas começam a instalar estações experimentais na região, com o intuito de selecionar genótipos nas condições locais.

Estes índices econômicos poderão ser mantidos ou ampliados por meio do melhoramento genético que vise um incremento na qualidade dos frutos de melão produzidos no Brasil, especialmente para o aumento do conteúdo e composição de sólidos solúveis, o aumento da produtividade e da resistência aos estresses bióticos dando competitividade do produto brasileiro no mercado internacional e incrementando o consumo interno de melão.

Além do Brasil, países como China, Turquia, Irã, Espanha, EUA, Egito, Marrocos, Itália, Índia, México e Guatemala têm relevante produção comercial de melão, alguns com considerável montante de exportação (FAO, 2010). Atualmente, novas áreas de cultivo de melão estão em expansão em outros países, como por exemplo, em Angola.

2.2 Origem e diversidade

Existe certo consenso na literatura que o centro de origem do melão envolve as regiões tropicais e subtropicais da África (AKASHI *et al.*, 2001), onde são encontradas muitas de espécies não cultivadas do gênero *Cucumis* (WHITAKER e DAVIS, 1962).

Os melões foram introduzidos na Ásia e Oriente Médio, por volta de 2000 a 1500 a.C., e sua exploração como cultivo resultou na formação de distintos centros de origem secundários nos territórios que hoje correspondem à Índia, Irã China, Turquia e repúblicas asiáticas (KARCHI, 2000). Esses relatos corroboram a hipótese de Simmonds (1976), segundo a qual, o melão é originário da África, espalhou-se inicialmente para a Índia e posteriormente, para outras áreas, e são congruentes com as observações de Pitrat *et al.* (2000), os quais mencionam que melões silvestres são encontrados da África até a Ásia, entretanto, ainda podem ser encontrados na Austrália e em ilhas do Pacífico (KIRKBRIDE, 1993).

Todas estas referências dão subsídios à constatação de Silva e Costa (2003), os quais citam vários estudos que sugerem a existência de centros primários e secundários do melão, como: Arábia e Sul da Ásia (ASHIZAWA e YAMATO, 1965), África e Mianmar (WITHAKER e DAVIS, 1962), China (PANGALO, 1933) e Índia (De CANDOLLE, 1882).

Pitrat *et al.* (2000), citando estudos de Vavilov (1926), Pangalo (1951) e Filov (1960), baseados na avaliação de 4.500 acessos de melão coletados em diversas partes do mundo pelo Instituto de Indústria Vegetal da antiga União Soviética, sugerem que o

melão atualmente cultivado se originou na região que envolve o Irã, Transcaucásia, Ásia Menor e Índia. Posteriormente, sua domesticação pode ter ocorrido independentemente ou em paralelo na Ásia e na África (MALLICK e MASSUI, 1986).

Adicionalmente, existem evidências de que trezentos anos após o início da era Cristã, o melão estava difundido na Itália e, no Século XV, foi introduzido na França. Nas Américas, esta hortaliça foi introduzida por Colombo, passando a ser utilizada pelos indígenas e espalhando-se rapidamente pelo continente (McCREIGHT *et al.*, 1993).

2.3 Botânica e sistemática

O melão é membro da subtribo Cucumerinae, tribo Melotricae, família Cucurbitaceae, gênero *Cucumis* e espécie *Cucumis melo*, a qual compreende duas subespécies: *C. melo* ssp *melo*, com ovário piloso, e *C. melo* ssp *agrestis*, com ovário ceroso (JEFREY, 1980). É uma espécie altamente polimórfica (KARCHI, 2000), sendo a mais variável do gênero *Cucumis* e, mesmo entre os vegetais, a grande diversidade de forma e tamanho de frutos é reconhecida, havendo classificação de variedades botânicas de interesse para a agricultura (McCREIGHT *et al.*, 1993). O próprio Carl von Linné descreveu dezesseis espécies: *C. acutangulus*, *C. anguinus*, *C. anguria*, *C. arada*, *C. chate*, *C. colocynthis*, *C. lagenaria*, *C. maderaspatanus*, *C. pedatus*, *C. prophetarum*, *C. sativus*, *C. trilobatus* e *C. trilfoliatus*, *C. flexuosus* e *C. dudaim* e *C. melo*. Contudo, algumas denominações, tais como *C. callosus* (Rittler) Cogniaux, *C. chate* Hasselquist, *C. conomon* Thunberg, ou *C. momordica* Roxburgh, agora são consideradas como sinônimos de *C. melo* (KIRKBRIDE, 1993).

Naudin (1859a,b), ao trabalhar com uma coleção de 2.000 espécimes, dividiu a espécie *Cucumis melo* em dez variedades. O trabalho pioneiro de Naudin (ANEXO I) serviu de base para todas as outras classificações e estudos subsequentes (COGNIAUX e HARMS, 1924; PANGALO, 1933; FILOV, 1960; WHITAKER e DAVIS, 1962;

GREBENŠCIKOV, 1986; MUNGER e ROBINSON, 1991; PITRAT *et al.*, 2000) (Tabela 2). A classificação sugerida por ROBINSON e DERECK-WALTERS (1997) é a mais utilizada na literatura atual e divide a espécie *Cucumis melo* em seis variedades ou grupos botânicos: *cantalupensis*, *inodorus*, *conomon*, *dudaim*, *flexuosus* e *momordica*.

No Brasil, os principais tipos comerciais de melão pertencem às seguintes variedades botânicas:

- *Cucumis melo* var. *inodorus*, Naud

Apresenta frutos sem aroma (inodoros), não climatéricos, de casca lisa ou levemente enrugada, coloração amarela, branca ou levemente verde-escura. Geralmente, a polpa é espessa (20 a 30 mm), com coloração que varia de branca a verde-clara. Seus frutos têm longo período de conservação pós-colheita, são resistentes ao transporte e, geralmente, são maiores e mais tardios que os aromáticos. Quando maduros não se desprendem do pedúnculo. Os melões do tipo Amarelo são típicos deste grupo taxonômico, mas também incluem os Pele de Sapo, que têm casca verde escura e polpa verde clara, e os *Honey dew*, de casca lisa variado de branca a verde claro e cor de polpa oscilando de verde a salmão (ROBINSON e DERECK-WALTERS, 1997; MUNGER e ROBINSON, 1991).

- *Cucumis melo* var. *cantalupensis* Naud

De modo geral, possui frutos aromáticos, climatéricos, com baixa resistência ao transporte, reduzida vida pós-colheita e desprendem do pedúnculo, quando maduros. Podem ter casca recoberta com rendilhamento corticoso, de coloração ligeiramente amarelada a esverdeada ou casca verde rugosa, apresentando gomos ou suturas bem características, no sentido longitudinal. Ambos os tipos de frutos têm a polpa espessa, com cerca de 25 mm. Os frutos rendilhados têm polpa com coloração variando de amarela a salmão, já os frutos com suturas têm cor da polpa variando de laranja a salmão. Geralmente, são chamados de melão Cantaloupe (ROBINSON e DERECK-WALTERS, 1997; MUNGER e ROBINSON, 1991).

Visando a facilitar a comercialização, os melões cultivados são agrupados numa classificação comercial, denominada “tipo”. Esta classificação define um grupo de cultivares com características semelhantes, facilmente identificadas e diferenciadas das demais por meio de aspectos de casca, cor, presença ou ausência de suturas quando maduros, cicatrizes, reticulado ou rendilhado, formato do fruto e/ou cor da polpa (McCREIGHT *et al.*, 1993). Para o mercado brasileiro, esta classificação comercial compreende, principalmente, os seis tipos:

- *Melão Amarelo*: introduzido da Espanha e por isso também conhecido como Melão Amarelo Espanhol ou Melão Amarelo Valenciano. É inodoro e tem casca amarela e polpa branco-creme (Figura 1a).
- *Melão Pele de Sapo*: também são inodoros, de casca e polpa verdes. Os melões Pele de Sapo, como o ‘Meloso’, ‘Doncel’ e ‘Sancho’ têm casca verde-claro com manchas verde-escuro, denominada “escriturada”. O fruto é de tamanho grande, com polpa verde e consistência firme. Recentemente, foram lançados híbridos com frutos arredondados e de menor peso, cerca de 1 kg (Figura 1b).
- *Melão Honey Dew*: apresenta frutos firmes, de tamanho médio a grande com formato esférico, de casca lisa com a cor variando entre o branco e o amarelo, podendo sua polpa ser de cor verde, salmão ou branca (Figura 1c).
- *Melão Cantaloupe*: são melões aromáticos de origem americana, sendo os mais produzidos no mundo. Têm frutos esféricos, com ou sem suturas, polpa salmão e são bastante aromáticos (Figura 1d).
- *Melão Gália*: inclui melões aromáticos, reticulados, de origem israelense. Os frutos caracterizam-se pela forma arredondada, casca verde no início e amarela quando o fruto está maduro. Têm pouca reticulação e peso médio entre 0,7 e 1,3 kg. A polpa é branco-esverdeada (Figura 1e). O melão Gália foi desenvolvido pelos israelenses em meados da década de 1960 e o primeiro híbrido simples desenvolvido por um programa de melhoramento realizado em Israel é resultante do cruzamento de uma linhagem de melão Ogen e outra de

Tabela 2. Propostas de classificação taxonômica dos melões (*Cucumis melo*), a partir da classificação de Naudin (1859).

Naudin (1859)	Alefeld (1866)	Cogniaux e Harms (1924)	Pangalo (1958)	Whitaker e Davis (1952)	Filov (1960) ¹	Grebenscikov (1986)	Pyzhenkov e Malinina (1994)	Robinson e Decker-Walters (1997) ²	Pitrat, Hanelt e Hammer (2000)
Tribos	variedades-grupo	series	espécies (no gênero Melo)	grupos	variedades ou subespécies	Covariiedades	variedades (ou covariiedades)	grupos	variedades
cantalupensis	cantalupensis	cantalupensis	cantalupa	cantalupensis	cantalupa	melo	cantalupa	cantalupensis	cantalupensis
reticulatus	reticulatus	reticulatus	ambiguus	reticulatus	rokkiford	ambiguus	melo		reticulatus
saccharinus		saccharinus							
			adana			adana	(europeus)		adana
			chandalak		chandalak	chandalak	chandalak		chandalak
			ameri		oestivales	ameri	ameri		ameri
inodorus	melitensis	inodorus	cassaba	inodorus	(orientale)	cassaba	(orientale)	inodorus	inodorus
			zard		autumnales	zard	rigidus		
(<i>C. momordica</i>)		momordica				conomon pp ³	momordica	momordica	momordica
(<i>C. chate</i>)		inodorus	adzhur		chate	adzhur	adzhur	flexuosus	chate
flexuosus	elongatus pp	flexuosus	flexuosus	flexuosus	tara	flexuosus	flexuosus		flexuosus
acidulus		acidulus			acidulus pp	conomon pp	chinensis		acidulus
		utilissimus					indica		
chito	microcarpus	chito		chito	chito	dudaim	dudaim	dudaim	chito
dudaim	dudaim	dudaim	microcarpus	dudaim	dudaim				dudaim
erythraeus		erythraeus							
	elongatus pp?	conomon	conomon	conomon	conomon	conomon pp	conomon	conomon	conomon
			monoclinus		monoclinus		monoclinus		makuwa
			chinensis		acidulus pp		chinensis		chinensis
									tibish

^{1/} Outros grupos cultivados foram descritos por Filov (20 variedades) e Pyzhenkov e Malinina (19 covariiedades); ^{2/} Classificação adotada nesta Tese; ^{3/} pp = pro parte. Fonte: Pitrat *et al.*, 2000.

melão *Honey Dew* (ODET, 1985). Os frutos de melão *Gália* são esféricos, aromáticos, peso entre 1,0 a 1,5 kg, de polpa esverdeada e teor de sólidos solúveis entre 13 e 15 % (KARCHI, 2000).

- *Melão Charentais*: são melões aromáticos de origem francesa. São encontrados os tipos de casca lisa, forma arredondada e, às vezes, achatada, com suturas ou costelas e casca verde-claro ou ligeiramente cinza. Existem os tipos de casca verde-escuro e polpa salmão e um terceiro tipo de casca bastante reticulada com costelas verde-escuras, formato redondo ou semiovalado, polpa salmão e muito aromáticos. Esses três tipos fazem parte da variedade botânica *cantalupensis* (Figura 1f).

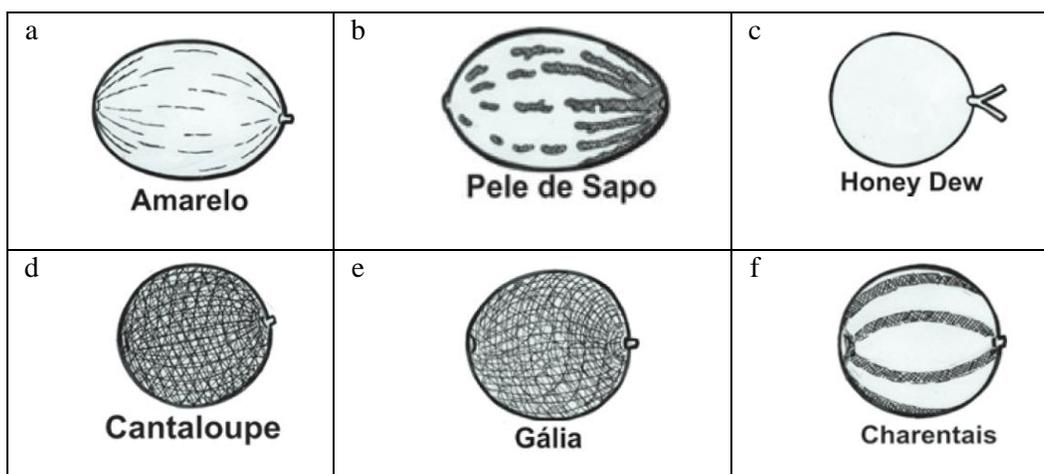


Figura 1. Desenho esquemático dos principais tipos de melões comercializados no Brasil (CEAGESP, 2010).

Atualmente, os melões Amarelos são os mais cultivados no Nordeste brasileiro, seguidos pelos tipos Cantaloupe e Pele de Sapo, com alguns híbridos ocupando áreas substanciais. Entre os Amarelos destacam-se, como os mais cultivados, ‘Goldex’ e ‘Natal’; entre os Cantaloupes o ‘Caribbean Gold’ e, o melão Pele de Sapo ‘Sancho’, que ocupa quase toda a área plantada (Tabela 3). Ainda vale ressaltar outros melões

como o melão Caipira e os “Net melons”, que também são cultivados no Brasil, mas com importância econômica restrita a áreas específicas do país.

Tabela 3. Principais tipos comerciais de melão, variedade botânica e alguns exemplos de híbridos comerciais, cultivados no Nordeste brasileiro.

Tipo comercial	Variedade botânica	Híbridos comerciais
Amarelo	<i>C. melo</i> var. <i>inodorus</i> Naud	Goldex, Natal, Vereda, Fitó 1000 e Gold Mine.
Pele de Sapo	<i>C. melo</i> var. <i>inodorus</i> Naud	Sancho, Medelin, Meloso, Fitó 1500 e Daimiel.
Honey Dew	<i>C. melo</i> var. <i>inodorus</i> Naud	Orange County, Royal Sweet e Athenas.
Gália	<i>C. melo</i> var. <i>cantalupensis</i> Naud	Estoril, Amaregal, McLaren, Cyro e Galileo.
Cantaloupe	<i>C. melo</i> var. <i>cantalupensis</i> Naud	Caribbean Gold, Florentino, Sedna e Torreón.
Charentais	<i>C. melo</i> var. <i>cantalupensis</i> Naud	Concorde, Magrite, Sunrise, Mehary e Apodi.

Os diversos tipos de melão podem ser cruzados entre si, sem barreiras. De fato, até existe uma continuidade entre eles. As diferentes características fenotípicas dos tipos de melão podem ser combinadas e exploradas em programas de melhoramento dessa cultura, propiciando tanto a produção de genótipos superiores com criação de novos tipos de melão, como nos casos do Gália, “Net japonês” e outros melões orientais (PAIVA *et al.*, 2003; PAIVA *et al.*, 2002; McCREIGHT *et al.*, 1993).

2.4 Planta e biologia reprodutiva

O melão, *Cucumis melo* L. é uma planta diploide, de polinização cruzada, com número de cromossomos igual a 12 ($2x=2n=24$) (WANG *et al.*, 1997) e tamanho do genoma estimado em $4.5-5.0 \times 10^8$ bp (ARUMUGANATHAN e EARLE, 1991). Botanicamente, o meloeiro é uma olerícola, no entanto, de modo geral, seus frutos são consumidos como fruta.

A maior parte da variação é observada em seus frutos. O meloeiro tem frutos com formato que varia de esféricos a extremamente alongados, com peso de poucos gramas a vários quilogramas, sabor da polpa de amargo a doce e com diferentes colorações tanto de polpa quanto de casca (STEPANSKY *et al.*, 1999a).

A espécie apresenta plantas anuais, herbáceas, de caule prostrado, sulcado, não aculeado, hispido, com um número de hastes ou ramificações variável e que podem atingir até três metros, dependendo da cultivar. As folhas são alternadas simples, limbo inteiro, trilobado, pentalobado, 3- ou 5- palmada, angulosas quando jovens e subcudiformes quando completamente desenvolvidas (KIRKBRIDE, 1993). Possui gavinhas, órgãos de sustentação da planta, nas axilas das folhas. O sistema radicular é ramificado, vigoroso e pouco profundo, concentrado nos primeiros 20 a 30 cm de solo, com pouca capacidade de regeneração após traumatismos, o que dificulta a propagação da cultura por meio de transplantes de mudas (GÓMEZ-GUILLAMÓN *et al.*, 1983a).

O melão pode apresentar quatro tipos de expressão sexual: andromonoica, ginomonoica, ginoica, monoica e hermafrodita (MATHEW *et al.*, 1986). Em geral, as variedades americanas são andromonoicas, enquanto que as europeias são monoicas (PITRAT, 2008).

As flores masculinas são axiliares e agrupadas numa inflorescência tipo cacho, enquanto as hermafroditas são solitárias. A flor masculina consiste de uma corola, um verticilo simples de cinco estames, dos quais dois pares são unidos com as anteras, quase obstruindo o pequeno tubo da corola. Na base da corola, um estilete rudimentar é cercado pelos nectários. A flor hermafrodita tem anteras e um grande estigma com três lobos, na base dos quais existe o nectário. A corola da flor hermafrodita é terminada com um ovário alongado (GÓMEZ-GUILLAMÓN *et al.*, 1985).

As flores do melão se abrem algum tempo após o aparecimento do sol, e esse tempo depende da luz solar, temperatura e umidade. Quando a temperatura é baixa, a umidade é alta, ou o dia está nublado, a abertura é retardada (GÓMEZ-GUILLAMÓN *et al.*, 1983b). No Nordeste brasileiro, a abertura das flores ocorre entre sete e oito

horas da manhã. As flores se fecham permanentemente à tarde do mesmo dia. A atividade das abelhas começa logo que há a abertura das flores, e alcança o pico por volta das 11 horas, cessando às 5 horas da tarde (SOUSA *et al.*, 2009).

O isolamento de melões de insetos polinizadores tem provado que as flores hermafroditas são incapazes de desempenhar a autopolinização. O pólen deve ser transferido da antera para o estigma por insetos. A abelha melífera (*Apis mellifera* L.) é o polinizador mais eficiente da cultura do melão, assegurando altos índices de produtividade (SOUSA *et al.*, 2009). Existe alta correlação entre o número de sementes e o tamanho do fruto; logo, quanto maior for o número de sementes, maior será o tamanho do fruto, dentro da variedade. Aumentando-se o número de visitas pelas abelhas, o número de sementes produzidas também aumenta (SOUSA, 2008). A polinização também influencia positivamente o formato do fruto de melão.

Pelo menos um grão de pólen viável deve ser depositado sobre o estigma para fertilizar um óvulo e possibilitar a formação da semente. O período efetivo, no qual esse pólen pode ser depositado sobre o estigma, não é mais do que algumas horas pela manhã e, em altas temperaturas o período pode ser somente poucos minutos. A polinização por abelhas, frequentemente, é mais eficiente na produção de frutos do que a polinização manual (HOSOKI *et al.*, 1990).

Alguns autores classificam o meloeiro como uma planta alógama. Entretanto, registros do percentual de cruzamento evidenciam que se trata de uma espécie de reprodução mista (MATHEW *et al.*, 1986). Alguns frutos podem ser resultado da polinização cruzada, outros de autopolinização e, finalmente, pode ocorrer uma mistura destes dois tipos de polinização, corroborando o sistema de reprodução misto (LENZI *et al.*, 2005; PITRAT *et al.*, 2004).

Crisóstomo *et al.* (2004), avaliando as fases do florescimento de sete híbridos comerciais de melão amarelo, nas condições do Estado do Ceará, mostraram a importância da biologia reprodutiva, tanto na produção comercial quanto no melhoramento genético. Estes autores relataram que, em média: (1) as flores

masculinas são emitidas a partir dos 26,9 dias e as hermafroditas dos 32,1 dias após o plantio; (2) os híbridos emitiram flores masculinas durante 20,6 dias e flores hermafroditas por 10,7 dias; (3) foram emitidas 29 flores, sendo 26 masculinas e apenas três hermafroditas; e (4) o período de emissão de flores hermafroditas está contido no período de emissão de flores masculinas. Os autores ainda destacaram diferenças estatísticas entre os híbridos, para todas as características avaliadas. Esses resultados foram diferentes dos apresentados por ABREU *et al.* (2008), os quais observaram que as flores masculinas foram emitidas durante 30 dias começando aos 14 dias e que a emissão de flores hermafroditas inicia-se aos 20 dias e permanece por 15 dias.

Contudo, ambos os trabalhos apresentam valores muito inferiores aos observados na Espanha, onde a floração iniciou-se aos 76 dias do plantio e permaneceu emitindo flores masculinas por 42 dias (MAROTO, 1983), o que era de se esperar pelo fato do ciclo fenológico do melão ser de 120 dias naquele país, praticamente o dobro do tempo deste ciclo no Brasil.

Essa redução no ciclo causa problemas de adaptação, resultando em menor produtividade e frutos de qualidade inferior, principalmente quanto ao teor de sólidos solúveis (SILVA e COSTA, 2003), que são baixos por não haver tempo para o acúmulo de açúcares (PARDOSSI *et al.*, 2000). Além disso, estas cultivares não apresentam, de forma geral, resistência às pragas e doenças importantes para a cultura do melão no país, o que contribui com os problemas já citados, além do encarecimento da produção pela maior utilização de defensivos químicos (NEVES *et al.*, 2002).

2.5 Cultura do melão

Registros arqueológicos com base em sementes, iconografia e análise dos textos antigos, pressupõem que o melão era cultivado na China desde 3000 anos a.C., na Índia, desde 2000 a.C. e no Egito, desde 1500 a.C. (STOL, 1987; MANNICHE

1989; WALTERS, 1989; DECKER-WALTERS, 1999). Recentemente, arqueólogos acharam, no oeste do Japão, o mais antigo melão já encontrado, pois segundo as análises, o pedaço de fruta tem cerca de 2.100 anos (ASSOCIATED PRESS, 2007). Segundo os cientistas, a descoberta foi possível porque o melão estava em uma camada úmida abaixo do solo isolada por vácuo, inóspita para microorganismos. Entretanto, não há muitos relatos de antigos melões, provavelmente porque seus tecidos são ricos em água, o que dificulta a documentação dos registros. Além disso, há dificuldades de interpretações em textos e representações antigas devido à semelhança de alguns grupos botânicos, como *conomon* ou *flexuosus* com o pepino (PITRAT, 2008).

No período Greco-romano, muitos autores descreveram *Cucumis* de uma forma genérica, o que poderia representar o melão, a melancia ou mesmo o pepino. No entanto, Plínio menciona um *Cucumis* com aroma forte e deiscência do pedúnculo do fruto, o que é claramente um melão. Pinturas encontradas nas ruínas de Herculano e Pompeia também mostram melões. Em suas viagens pela Ásia Central, Marco Polo (segunda metade do século XIII) e Ibn Battuta (primeira metade do século XIV) descreveram melões ou melancias de qualidade superior. O *Theatrum sanitatis*, pintado, por volta de 1400, no norte da Itália, continha representações de três tipos de melões. Em sua primeira viagem ao Novo Mundo, Colombo introduziu o melão, o qual foi imediatamente adotado e cultivado pelos índios (PITRAT, 2008).

No Brasil, o cultivo do melão em escala comercial teve início nos primeiros anos da década de 1960. Até então, o mercado brasileiro desta fruta era abastecido por melões importados, principalmente, do Chile e da Espanha. A cultura estabeleceu-se primeiramente nos estados de São Paulo e Rio Grande do Sul, mas por motivo de melhor adaptação climático-fisiológica, começou a ser transferida para a região Nordeste do Brasil, no início dos anos 1980 (DELLA VECCHIA, 2010). Entretanto, vale ressaltar a especulação de que a introdução do melão no Brasil se deu por meio da imigração dos açorianos a partir de meados do século XVII. Inclusive, o melão foi citado como uma cultura hortícola no terceiro capítulo (Das hortas, e das Searas) do

livro “A Guia do Jardineiro – Horticultor e Lavrador Brasileiro” escrito por Custódio de Oliveira Lima, em 1853 (MADEIRA *et al.*, 2008).

Todavia, a produção comercial de melão no Brasil passou a ter expressão na década de 1970, quando foi cultivado o melão ‘Valenciano Amarelo’, com vida de prateleira suficientemente longa para que a produção fosse efetuada no Pará e o consumo nos estados do Sul e Sudeste. Neste período, foram lançadas as cultivares da série da Cooperativa Agrícola de Cotia (MAKISHIMA, 1991), seguido do lançamento da cultivar Eldorado-300 pelo CNPH/CPATSA (PESSOA *et al.*, 1988).

Quando o cultivo passou a ser efetuado no Nordeste brasileiro, tornou-se possível colher até três safras/ano (IBRAF, 1996). Cultivares e híbridos introduzidos nesta região para substituir a cultivar Valenciano Amarelo mostraram o ciclo vegetal encurtado, tornando-se precoces. Quando cultivados nos Estados Unidos, melões do tipo cantaloupe produzem frutos aos 92 dias e os amarelos aos 82-85 dias, enquanto que no Brasil, esses mesmos híbridos cultivados produzem frutos aos 60-67 dias e aos 56-65 dias, respectivamente.

Esta precocidade, muitas vezes contabilizada como vantagem, pode ser responsável por uma menor qualidade do fruto. De acordo com Welles e Buitelaar (1988), a produção de frutos com maiores teores de sólidos solúveis é alcançada por meio de cultivares com amadurecimento tardio, cultivo em baixa temperatura noturna e um desenvolvimento vigoroso da planta (PEDROSA *et al.*, 1999). A produção e a qualidade do fruto ainda são prejudicadas por problemas de origem fitossanitária, como vírus, fungos, bactérias e, principalmente, as pragas mosca branca e mosca minadora. Além desses, existem problemas de conservação pós-colheita, notadamente nos melões aromáticos (*C. melo var. cantaloupensis*) (ALVES *et al.*, 1995).

Os problemas verificados com a baixa adaptação do melão para condições brasileiras ainda não foram completamente contornados. Nos demais países produtores, a adaptação não tem sido problema porque há muito tempo o melão vem sendo melhorado para aquelas condições de cultivo. Nesses locais, os esforços já passaram a

ser mais concentrados para a resistência às doenças e inúmeros exemplos de sucesso na seleção ou na transferência da resistência às doenças podem ser citados (McGREIGHTH *et al.* 1993; SOWELL, 1981; VIDA *et al.*, 1996).

No Nordeste brasileiro, é necessário que além da melhor adaptação às condições de cultivo em altas temperatura e intensidade luminosa e comprimento do dia, o melhoramento genético contemple resistência a pragas e doenças e qualidade de frutos, principalmente para o melão Amarelo, o mais plantado e consumido no país.

2.6 Recursos Genéticos em *Cucumis melo*

Existem bancos ativos de germoplasma (BAG) de melão em diferentes países, com destaque para Rússia (>2900 acessos), E.U.A. (>2300 acessos), França (>1800 acessos) e China (>1200 acessos). Entretanto, atividades de coletas continuam ocorrendo em vários países (MLIKI *et al.*, 2001). Desse modo, há uma considerável parcela dos recursos genéticos de melão conservada *ex-situ*.

No Brasil, algumas instituições dispõem de coleções ou banco de germoplasma, com destaque para o BAG de melão da Embrapa Hortaliças, com cerca de 400 acessos e a coleção de germoplasma de melão da Embrapa Semi-Árido, com 150 acessos. Vale ressaltar que, no Brasil, a preocupação com a coleta de recursos genéticos de hortaliças, visando a resgatar a variabilidade de populações de grande importância, antecede a criação do International Board for Plant Genetic Resources - IBPGR, na década de 1970 (SILVA *et al.*, 2001). No entanto, a ação interdisciplinar para o estudo do manejo dos recursos genéticos ainda é muito incipiente, principalmente na interação entre curadores de bancos de germoplasma e melhoristas (QUEIROZ, 1999).

O melão não está incluído no Tratado Internacional Multilateral para o Acesso aos Recursos Fitogenéticos para a Alimentação e Agricultura, o que pode reduzir o intercâmbio de acessos coletados a partir de 1993. Além disso, as provisões da

Convenção da Diversidade Biológica têm incentivado legislações nacionais de afirmação da soberania sobre os recursos genéticos, o que dificulta o fluxo desses recursos, em âmbito internacional (QUEIROZ e LOPES, 2007). Entretanto, as colaborações entre bancos de germoplasma têm aumentando devido a iniciativas como o Programa de Cooperação Europeu para a Rede de Recursos Genéticos das Plantas Cultivadas (DÍEZ *et al.*, 2007). Outra ação que também contribuiu para aumentar o manejo e uso dos recursos genéticos de melão foi a publicação dos descritores pelo IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute, hoje Bioversity International) (IPGRI, 2003), que facilitam as interrelações entre os bancos de germoplasma, de qualquer país. Todavia, ainda há pouco intercâmbio

Os recursos genéticos podem ser estruturados em grupos em função da origem geográfica e pelas características fenotípicas, formando grupos botânicos (STAUB *et al.*, 2004). Entretanto, outras características também têm sido utilizadas para discriminação de acessos, como as isoenzimas que, durante a década de 1980, foram muito utilizadas como marcadores de polimorfismo (ESQUINAS-ALCAZAR, 1981; DANE, 1983; PERL-TREVES *et al.*, 1985; SUJUTHA *et al.*, 1991; MEGLIC *et al.*, 1994; KATO *et al.*, 1998; AKASHI *et al.*, 2001; McCREIGHT *et al.*, 2004). Posteriormente, este polimorfismo passou a ser estudado por meio de diferentes tipos de marcadores moleculares, como RAPD, RFLP, AFLP e SSR (NEUHAUSEN, 1992; KATZIR *et al.*, 1995, GARCIA *et al.*, 1998; STEPANSKY *et al.*, 1999b; GARCIA-MAS *et al.*, 2000; STAUB *et al.*, 2000; AKASHI *et al.*, 2001; MLIKI *et al.*, 2001; BABA *et al.*, 2002; LIU *et al.*, 2002; LÓPEZ-SESÉ *et al.*, 2002; LEE e KIM, 2003; MONFORTE *et al.*, 2003; LÓPEZ-SESÉ *et al.*, 2004; STAUB *et al.*, 2004). De modo geral, há significativa concordância entre os grupos de genótipos formados a partir dos diferentes tipos de marcadores (STAUB *et al.*, 1997; GARCIA-MAS *et al.*, 2000; STAUB *et al.*, 2000; LÓPEZ-SESÉ *et al.*, 2002).

Adicionalmente, as relações entre os distintos grupos de genótipos e os marcadores moleculares têm sido investigadas e acessos pertencentes a um dado grupo

botânico ou bioquímico geralmente são agrupados por meio de marcadores moleculares (GARCIA *et al.*, 1998). Todavia, em muitos casos, acessos de origem geográfica diferente são agrupados conjuntamente (MLIKI *et al.*, 2001). Por outro lado, esta ferramenta tem sido pouco utilizada na gestão das coleções, por exemplo, na definição das coleções nucleares (LÓPEZ-SESÉ *et al.*, 2002).

Considerando as características de interesse hortícolas ou agrônômicas, as avaliações dos recursos genéticos, regularmente envolvem qualidade de frutos e/ou resistência a pragas e doenças (LÓPEZ-SESÉ *et al.*, 2004).

2.7 Caracterização e avaliação

Os recursos genéticos podem ser coletados em lavouras familiares, hortas e pomares caseiros, mercados, feiras e nos *habitats* silvestres. No caso das cucurbitáceas, as principais coletas têm sido feitas em propriedades de pequenos agricultores e feiras. Mais especificamente no caso do meloeiro, as coletas são feitas em propriedades de agricultores (QUEROL, 1993). Após coletados, os germoplasma são anexados a um BAG, nos quais passarão por outras atividades, que são: documentação, caracterização, avaliação e conservação (RAMOS *et al.*, 2007; VALLS, 1998; HAWKES, 1982).

O germoplasma disponível precisa ser adequadamente caracterizado e avaliado pelo curador, que é responsável pelas atividades de um BAG. Cinco etapas são consideradas nestes processos: (1) correta identificação botânica; (2) elaboração e cadastro de acessos por espécie; (3) caracterização propriamente dita; (4) avaliação preliminar e (5) avaliação complementar (VALLS, 1998). Além de contribuir para o conhecimento dos acessos, estas atividades podem detectar eventuais duplicações indesejáveis.

A caracterização de germoplasma envolve a mensuração de caracteres qualitativos, os quais são controlados por um ou poucos genes, com pouca ou nenhuma influência ambiental, alta herdabilidade e de rápido progresso genético pelo

melhoramento, podendo ser morfológica, fenológica, reprodutiva, bioquímica, citogenética e molecular. Por outro lado, a avaliação engloba características quantitativas, em que a herança genética envolve de poucos a muitos genes sob forte influência ambiental, de difícil manipulação, mas importantes no processo de melhoramento (IBPGR, 1982).

Deste modo, a caracterização agrônômica envolve a caracterização e avaliação de germoplasma, pois são estudados caracteres qualitativos da planta, principalmente do fruto, e caracteres quantitativos relacionados ao tamanho e formato do fruto, reação às pragas e doenças e produtividade (RAMOS *et al.*, 2007). O uso de métodos altamente discriminatórios para a identificação e caracterização de genótipos é essencial para programas de melhoramento e até para a proteção de cultivares (REZENDE *et al.*, 2009).

A caracterização dos recursos genéticos é realizada com base em descritores e pode ser utilizada como ferramenta para: (1) realizar estudos de diversidade genética e, conseqüentemente, nortear cruzamentos entre acessos; (2) determinar a importância dos caracteres na avaliação da diversidade, possibilitando eventuais descartes de caracteres correlacionados; (3) determinar a relação entre os caracteres; (4) auxiliar na descrição e na classificação dos acessos e (5) elaborar coleções nucleares (UPADHYAYA *et al.*, 2006; KOTTAPALLI *et al.*, 2007). Adicionalmente, a obtenção de descritores pode ser feita em várias etapas com o objetivo de identificar caracteres que possam ser úteis na seleção precoce (TORRES FILHO, 2008). Dessa forma, tem sido comum a observação e/ou mensuração de vários caracteres em um mesmo genótipo (CURY, 1993).

Estatisticamente, de modo geral, as inúmeras informações obtidas são manuseadas por análise univariada, o que gera dificuldades na seleção de indivíduos superiores, na determinação da diversidade, em medidas que visem a redução de custos e na otimização do manejo e uso das coleções (PEREIRA, 1989). Por outro lado, análises multivariadas avaliam o indivíduo na sua multidimensionalidade,

proporcionando ampla visão de cada genótipo (DIAS, 1994). Para este autor, as técnicas multivariadas têm se mostrado muito adequadas para discriminar caracteres e estimar a diversidade sem representar custos adicionais.

No Brasil, técnicas multivariadas têm sido empregadas na seleção de caracteres e na quantificação da diversidade de espécies de cucurbitáceas, como abóbora (AMARAL JÚNIOR *et al.*, 1996), melancia (SILVA, 2007) e melão (TORRES FILHO, 2008).

Classicamente, a caracterização e avaliação de germoplasma têm sido baseadas em descritores morfológicos, resistência a doenças e insetos, e em aspectos agronômicos (LIU *et al.*, 2004; MONFORTE *et al.*, 2004; KIRKBRIDE, 1993). Para a caracterização morfológica de acessos de melão, têm sido utilizados os descritores elaborados pelo IPGRI (IPGRI, 2003). Todavia, com o advento de técnicas específicas baseadas na sequência de DNA, surgiu a caracterização molecular de germoplasma (SZABÓ *et al.*, 2005; MORALES *et al.*, 2004; RITSCHER *et al.*, 2004; CHIBA *et al.*, 2003; PÉREIN *et al.*, 2002). Estes estudos geraram informações relativas às variantes genéticas potencialmente importantes para a ampliação da base genética dos programas de melhoramento (SHIRAN *et al.*, 2007; VIRK *et al.*, 1995).

A utilização de marcadores moleculares tem possibilitado a realização de vários estudos envolvendo o polimorfismo do DNA para o mapeamento genético, melhoramento de plantas assistido por marcadores, *fingerprinting* de genomas, proteção de cultivares e para a investigação do grau de parentesco genético (DE BENEDETTI *et al.*, 2001).

A caracterização e avaliação dos recursos genéticos, além do aspecto informativo, têm um caráter estratégico, pois, segundo a Convenção Internacional de Direitos de Recursos Genéticos, para que um país tenha a posse assegurada de determinado recurso genético, é fundamental que esse recurso esteja devidamente caracterizado e avaliado (JARAMILLO e BAENA, 2000). Entretanto, no Brasil, é necessário ampliar a avaliação da variabilidade existente e examinar a necessidade de

novas coletas para se obter germoplasma de cucurbitáceas para conservação de longo prazo e para uso em programas de melhoramento (QUEIROZ, 2004).

2.8 Melhoramento genético

As cucurbitáceas são espécies de reprodução mista, porém, dada sua estrutura populacional, são cultivadas com tamanho efetivo populacional bastante reduzido, e devem ter desenvolvido um balanço homozigótico, e por isso não mostram muita depressão quando submetidas à endogamia (ALLARD, 1996). Portanto, o meloeiro é uma planta que tanto pode ser considerada de polinização cruzada quanto de autofecundação, ou seja, mista, podendo ser submetida a métodos de melhoramento apropriados para ambos os tipos de planta.

Além da estrutura genética da espécie, que suporta autofecundações sucessivas, sem perda de vigor por endogamia, a utilização de híbridos de melão é possível pela possibilidade de produção de sementes híbridas a um preço acessível e pela estratégia de controle de doenças importantes por meio da incorporação de alelos de resistência em pelo menos uma das linhagens parentais dos híbridos (McCREIGHT *et al.*, 1993).

A aplicação de métodos de melhoramento em paralelo, promovendo o acúmulo de alelos favoráveis em linhagens elite, permitem o uso de híbridos F₁ de melão com resistência múltipla, alta qualidade de frutos e adaptadas às áreas-alvo de produção (McCREIGHT *et al.*, 1987). As cultivares híbridas de melão têm tido a preferência dos produtores que utilizam níveis elevados de tecnologia devido às características superiores, como alta produtividade, resistências múltiplas às doenças importantes, além da uniformidade de colheita e qualidade dos frutos (CRISÓSTOMO, 2000).

Além da produção dos frutos de melão, a adaptação ambiental e o vigor vegetativo são atributos importantes e também sujeitos a considerável influência ambiental (NELSON e BURGUER, 1996). Outras características, como formato, firmeza da polpa, sabor, presença ou ausência de rendilhamento, também sofrem a

influência ambiental, havendo variações entre e dentro de grupos botânicos. Para minimizar esses problemas na avaliação dos genótipos, tem sido sugerida a utilização de métodos de melhoramento baseados em modelos estatísticos que possibilitem alto controle experimental (NG *et al.*, 1980; ANDRUS e BHON, 1967; DAVIS *et al.*, 1964). Se o objetivo do melhoramento de melão é a produção de híbridos e envolve, principalmente, caracteres associados tanto à natureza discreta quanto à contínua ou quantitativa, a seleção recorrente é uma alternativa apropriada.

No Brasil, de modo geral, o cultivo comercial do melão se caracteriza inicialmente por cultivares de polinização aberta ‘Amarelo’ e ‘Amarelo CAC’. Outro que pode ser citado é o ‘Eldorado 300’, um melão do tipo amarelo, tolerante ao vírus WMV-1, doce e cultivado, principalmente no Vale do São Francisco (PESSOA *et al.*, 1988). A partir da década de 1980, assim como no resto do mundo, começou a utilização de híbridos simples F_1 , no caso do Brasil, importados principalmente dos Estados Unidos, da Europa, de Israel e do Chile, com predominância dos tipos de melões amarelos e em menor quantidade os tipos Pele de Sapo e Cantaloupe (ALVES, 2000). A exceção fica por conta de agricultores que produzem melão a partir de sementes F_2 e até F_3 , principalmente no Vale do São Francisco (PEDROSA *et al.*, 1999). Entretanto, esta produção apresenta menor qualidade e gera elevado percentual de frutos refugo, sendo destinada ao mercado local, com baixo retorno econômico. Por outro lado, pode estar contribuindo para aumentar a diversidade do germoplasma de melão, na região.

Em sua maioria, as cultivares híbridas em uso foram desenvolvidas em áreas de produção situadas no Hemisfério Norte, sob condições ambientais diferentes das encontradas nas áreas de produção do Brasil, especialmente do Nordeste brasileiro (CRISÓSTOMO *et al.*, 2003). Com isso, o cultivo de híbridos introduzidos em substituição às cultivares de polinização aberta apresenta problemas de adaptação. As plantas mostram-se muito precoces, produzindo frutos com baixos teores de açúcares, a maioria não possui resistência às principais pragas e doenças que ocorrem nas áreas

produtoras no país e, ainda, há problemas de produtividade (MIGUEL, 2001; MAROTO, 1983).

Assim sendo, há poucos genótipos que apresentam aqui o mesmo desempenho de quando são produzidos em seus sítios de origem, não atendendo às demandas por qualidade exigidas pelos mercados consumidores alvos da produção nacional, principalmente o europeu (CRISÓSTOMO *et al.*, 2008). Isto acarretou reclamações de produtores (BARRETO FILHO, 1999) e consumidores nacionais e internacionais, os quais vêm gradualmente substituindo a aquisição de melão amarelo por melões do tipo Cantaloupes, mais doces e mais rentáveis (MAGALHÃES, 2001; ARRUDA, 1997). Além da ineficiência dos programas de melhoramento de melão do setor público brasileiro, a escassez de híbridos adaptados às condições brasileiras pode ser compreendida pela reduzida representatividade internacional do Brasil em termos de área cultivada de melão, que alcançou apenas 1,2% da área mundial, no quinquênio 2002/2006 (FAO, 2010). Em contrapartida, algumas empresas multinacionais começam a instalar estações experimentais no polo Jaguaribe-Assu.

Segundo Forsberg e Smith (1980), o uso de sementes híbridas é restrito a espécies cujos aumentos nos custos de produção são suplantados pela superioridade dos híbridos em função do vigor híbrido e/ou uniformidade na qualidade, em relação às cultivares de polinização aberta. Suas técnicas de desenvolvimento incluem: (1) o desenvolvimento de conjuntos gênicos superiores por meio das fases de seleção e recombinação em programas cíclicos de seleção; (2) desenvolvimento de linhagens por meio de autofecundações e (3) testes de linhagens selecionadas em combinações híbridas para identificação dos híbridos superiores. Já segundo Fehr (1987) o desenvolvimento de linhagens endogâmicas a partir de uma população segregante tem seis fases: (1) formação de uma população segregante; (2) endogamia de indivíduos da população até um nível estável de homozigose; (3) avaliação do desempenho das linhagens *per se*; (4) avaliação da capacidade geral e específica das combinações das linhagens; (5) avaliação dos híbridos potenciais e (6) produção de sementes híbridas.

Portanto, em linhas gerais, o esquema básico para obtenção do melão híbrido é o mesmo utilizado em milho (VIEGAS e MIRANDA FILHO, 1978), e segue três etapas: obtenção das linhagens, obtenção dos híbridos e a avaliação agrônômica dos mesmos.

Os métodos que podem ser utilizados para o desenvolvimento de linhagens endogâmicas incluem o Método de Pedigree, “Single Seed Descent” (SSD) e o Teste de Gerações Iniciais de Endogamia (“early generation testing”), sendo o SSD a forma mais rápida e eficiente de geração de linhagens em processos de endogamia realizados fora da área ou da época de cultivo (FEHR, 1987).

Contudo, como o cultivo de melão apresenta forte influência das condições ambientais (ex. tipo de solo, temperaturas diurnas e noturnas, comprimento do dia, qualidade da água) e com as práticas culturais (ex. data de plantio, níveis de fertilizante, irrigação, entre outros), os híbridos experimentais devem ser testados obrigatoriamente para produtividade e qualidade de frutos nas áreas de interesse, utilizando-se as práticas culturais usuais à cultura na região (McCREIGHT *et al.*, 1993). Portanto, somente caracteres com alta herdabilidade ou para características de resistência a doenças de herança mono ou oligogênica podem ser avaliados fora das áreas de produção alvo.

No melhoramento do pepino, a avaliação das linhas endogâmicas com repetições no mesmo ambiente ou em ambientes diferentes tem sido recomendada por Lower e Edwards (1986). O sucesso na obtenção de novas cultivares com ampla adaptação ao ambiente de interesse depende da avaliação dos genótipos, que será mais eficiente quanto maior for o número de locais e épocas de experimento (ALLARD, 1996; FEHR, 1987). Os genótipos também devem ser avaliados quanto aos fatores bióticos que ocorrem na região onde se pretende efetuar a exploração comercial (McCREIGHT *et al.*, 1993). Esses procedimentos permitem avaliar a capacidade dos genótipos, identificando aqueles com ampla ou restrita adaptação e o tipo de interação genótipo-ambiente envolvida (CRUZ e REGAZZI, 1997; VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

De outra maneira, o uso de marcadores moleculares tem sido uma importante ferramenta na investigação das linhagens melhoradas, mesmo dentro de grupos botânicos, pois detecta divergência genética suficiente para produzir híbridos com significativos efeitos heteróticos (DELEU *et al.*, 2009; JOSÉ *et al.*, 2005; STAUB *et al.*, 2004). Segundo Garcia *et al.* (1998), marcadores moleculares foram mais eficientes do que as características agronômicas na predição da distância genética entre linhas melhoradas e do comportamento de alguns híbridos. Ademais, o desenvolvimento da tecnologia de análise genômica promoveu um grande avanço no estudo de características herdadas quantitativamente, fortemente afetadas pelo ambiente, tais como tamanho, formato e conteúdo de sólidos solúveis do fruto de melão (SZABÓ *et al.*, 2005; MONFORTE *et al.*, 2004; LÓPEZ-SESÉ *et al.*, 2002).

Marcadores RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA) foram utilizados em melão por Katzir *et al.* (1996) e Garcia *et al.* (1998), proporcionando a detecção de polimorfismo entre tipos diferentes de melões e, até mesmo, entre linhagens proximamente relacionadas dentro do mesmo tipo. Além disso, Garcia *et al.* (1998) utilizaram RAPD também para verificar a correlação entre divergência genética e heterose. Neste caso, verificou-se que cruzamentos tanto entre linhagens de Gália quanto de Pele de Sapo produziram excelentes híbridos, os quais hoje já estão no mercado. Gontijo *et al.* (2006), usando marcadores RAPD identificaram acessos e linhagens com alta divergência e promissores para o programa de melhoramento, analisando cerca de 200 acessos do BAG de melão da Embrapa Hortaliças.

A caracterização molecular por meio do uso de marcadores microssatélites (SSR - Simple Sequence Repeats) tem sido a técnica mais utilizada em estudos de divergência genética de melão, na última década (FUKINO *et al.*, 2008; SZABÓ *et al.*, 2005; GARCIA-MAS *et al.*, 2004; DANIN-POLEG *et al.*, 2001). Em um dos trabalhos pioneiros, Katzir *et al.* (1996) desenvolveram cinco *primers* SSR para melão, dos quais quatro deles detectaram polimorfismo entre diferentes grupos de melão (*reticulatus*,

inodorus, *conomon* e *acidulus*). Mais recentemente, Ritschel *et al.* (2004) desenvolveram mais de 250 *primers* SSR para melão.

Segundo Ferreira e Grattapaglia (1998), marcadores SSR constituem uma classe de marcadores moleculares que detectam polimorfismo em regiões hipervariáveis do DNA e são ideais para estudos de divergência pela riqueza de informação genética que oferecem, bem como pela facilidade de obtenção dos dados genéticos via PCR (Polymerase Chain Reaction), após seu desenvolvimento. Estes marcadores baseiam-se no uso de dois pares de *primers* e da reação de PCR para detectar variações em *loci* de sequências repetitivas. As principais características dos marcadores SSR são: (1) codominância, possibilitando distinguir homozigotos e heterozigotos em cada loco analisado, assim como identificar o genótipo específico de cada indivíduo de acordo com os alelos presentes na população estudada; (2) facilmente amplificáveis por PCR; (3) abundância em todos os cromossomos, aparentemente distribuídos por todo o genoma; (4) possibilidade de serem multialélicos; e (5) dependência de pequena quantidade de DNA. Além disso, os *primers* microssatélites podem ser facilmente intercambiados e utilizados por outros laboratórios. Entretanto, apresentam as desvantagens de ter que ser desenvolvidos especificamente para uma dada cultura, além de serem mais caros.

O melhoramento de caracteres quantitativos controlados por muitos genes, como sólidos solúveis, normalmente é uma tarefa difícil e de longo prazo, pois são características de baixa herdabilidade, muito influenciadas pelo ambiente e, em nível fenotípico, dificilmente avaliadas de modo adequado. Para a maioria das características quantitativas, existem poucas informações sobre o número, posição cromossômica, magnitude do efeito e interações dos *loci* que controlam a sua expressão (RITSCHER *et al.*, 2004). É grande a dificuldade de isolar os *loci* gênicos que controlam estas características e selecionar os alelos positivos que contribuem para o incremento da característica de interesse. Divergência e mapas genéticos com base em marcadores moleculares oferecem a possibilidade de estudar a arquitetura de características

quantitativas, ou seja, identificar, mapear e medir a magnitude do efeito dos principais fatores genéticos envolvidos no controle destas características e, potencialmente, manipular estes fatores em base individual, durante os procedimentos de seleção e recombinação genética (PÉREIN *et al.*, 2002). Os poucos estudos de identificação de QTL's (Quantitative trait loci) associados ao controle da qualidade de fruto em melão sugerem o uso de germoplasma exótico em seu melhoramento genético (STEPANSKY *et al.*, 1999b).

Vale ressaltar que a utilização da divergência genética disponível nas coleções de trabalho e bancos de germoplasma, que se configura como a matéria-prima do melhoramento genético vegetal, depende da caracterização e documentação dos genótipos de forma que o melhoramento possa identificar a potencialidade de uso destas constituições genéticas (BORÉM, 1997).

2.9 Divergência genética

Quanto mais divergentes forem os genitores, maior a variabilidade resultante na população segregante, e maior a probabilidade de reagrupar os alelos em novas combinações favoráveis (BARBIERI *et al.*, 2005). Melões silvestres e cultivados de distintas origens geográficas têm sido descritos e alto nível de variabilidade morfológica em caracteres de folhas, plantas e frutos tem sido mostrado dentro desta espécie (PITRAT *et al.*, 2000). Com base nesta variação, pesquisadores têm identificado cruzamentos divergentes e obtido populações segregantes com alta variabilidade, por meio da realização de estudos de divergência genética (CHUNG *et al.*, 2006; STAUB *et al.*, 2004).

A divergência genética tem importância para o melhoramento, pois quando adequadamente explorada, pode reduzir a vulnerabilidade da cultura a doenças e, ao mesmo tempo, acelerar o progresso genético para determinados caracteres (CUI *et al.*, 2001). Para escolha de genitores por meio da estimativa da divergência genética, várias

metodologias podem ser empregadas (BENIN *et al.*, 2003; MACHADO *et al.*, 2000), as quais utilizam procedimentos de análises multivariadas, tais como: agrupamento, distância Euclidiana, distância generalizada de Mahalanobis, análise de fatores, componentes principais, variáveis canônicas (CRUZ e REGAZZI, 1997; MACHADO *et al.*, 2002). Segundo Cruz (1990) estes procedimentos apresentam maior capacidade discriminatória e são eficientes na predição do comportamento dos genótipos.

Escribano e Lázaro (2009) encontraram grande variabilidade em uma pequena região, mas com enorme importância histórica na produção de melão na Espanha. Além da variabilidade dentre as variedades tradicionais, constataram diferenças significativas entre estas variedades tradicionais e variedades de outras áreas da Espanha, já observado por Molina *et al.* (1986). Essas variedades locais também mostraram especificidades morfológicas ainda não descritas, as quais representam uma marca de qualidade do melão em várias regiões espanholas, provando a necessidade de conservar estes recursos genéticos e abrindo novas perspectivas para o melhoramento.

Estudos de divergência também auxiliam os melhoristas na tomada de decisão sobre quais cruzamentos entre linhagens podem gerar os melhores híbridos (OLIVEIRA *et al.*, 1996). A relação da divergência genética entre linhagens de melão e a heterose de seus híbridos evidenciou correlações significativas entre a distância de Mahalanobis e a heterose para produção por planta e diâmetro da cavidade interna (PAIVA, 2002). Entretanto, nesse estudo, o cruzamento entre linhagens divergentes não garantiu heterose favorável, enquanto que linhagens com pequenas distâncias de Mahalanobis produziram híbridos com efeitos heteróticos. Barros (2005) também não observou correlação significativa entre a divergência genética e a heterose.

Heterose é um termo empregado para descrever a superioridade de uma combinação híbrida em relação à média dos seus genitores, o vigor híbrido (BOS e CALIGARI, 1995). A heterose se manifesta quando a média fenotípica do híbrido é maior (heterose positiva) ou menor (heterose negativa) do que a média das linhagens genitoras. Vale ressaltar que é possível se obter híbridos de variedades (híbrido

intervarietal), de híbridos simples (híbrido duplo), de um híbrido simples com uma linhagem (híbrido triplo), entre outros (ALLARD, 1996; FEHR, 1987).

A heterose ainda pode ser definida como o produto entre o quadrado da divergência (y^2) genética e a dominância (d). Assim sendo, para a manifestação da heterose é preciso que os pais sejam divergentes nos *loci* com dominância. Se não houver dominância, ou se a divergência entre os genitores for nula, então a heterose não se manifesta. A heterose também pode ser definida pela expressão $h = \overline{F}_1 - (\overline{P}_1 + \overline{P}_2)/2$, em que \overline{F}_1 é a média da geração filial e \overline{P}_1 e \overline{P}_2 são as médias dos genitores 1 e 2, respectivamente (FALCONER, 1981).

Ainda segundo a teoria da genética quantitativa, em qualquer grau de dominância superior a zero, a heterose é decorrente da diferença nas frequências alélicas entre os genitores, e existe correlação positiva entre divergência genética e heterose (FALCONER e MAKAY, 1996). Por esse motivo, estimativas de divergência genética entre linhagens, por meio de marcadores moleculares, contribuem para poupar esforços de polinizações manuais, possibilitam a obtenção de grupos heteróticos e direcionam os cruzamentos na tentativa de se obter híbridos mais vigorosos (LABORDA *et al.*, 2005). Desse modo, o emprego de marcadores moleculares também tem sido muito importante na avaliação da diversidade genética entre linhagens e na determinação de grupos heteróticos entre elas. No entanto, a correlação entre divergência genética e o comportamento do híbrido não é consistente, o que mostra que análises de divergência genética nem sempre são úteis para prever o desempenho dos híbridos obtidos (BARBOSA *et al.*, 2003).

Heteroses positivas ou negativas têm sido demonstradas para produtividade, teor de sólidos solúveis, firmeza da polpa, e espessura da polpa de melão (LIPPERT e LEGG, 1972; KALB e DAVIS, 1984; ABADIA *et al.*, 1985; RANDHAWA e SINGH, 1990). Lopes (2000) observou heteroses positivas para a produtividade, peso médio do fruto e o teor de sólidos solúveis. Em linhagens de melão rendilhado foram constatadas principalmente heteroses negativas para as principais características avaliadas (RIZZO,

1999). Entretanto, avaliando linhagens de vários tipos de melão, Paiva (2002) observou heteroses positivas para a produtividade, teor de sólidos solúveis e outras características do fruto e da planta. É importante observar que a heterose negativa nem sempre é ruim, haja vista que o melhorista pode ter interesse em reduzir o caractere (CRUZ e REGAZZI, 1997), por exemplo, a espessura da cavidade interna do fruto.

2.10 Interação genótipo X ambiente

Alterações nas condições climáticas podem provocar mudanças acentuadas na produtividade, por isso a identificação de cultivares com adaptação ampla é desejável (RAMALHO *et al.*, 1993). A diversidade de condições ambientais a que a cultura é submetida contribui para a ocorrência da interação cultivar x ambiente, ou seja, para a alteração no desempenho relativo das cultivares em virtude das diferenças entre os ambientes (BORÉM, 1997). O conhecimento dos componentes dessa interação é de grande importância para o melhoramento genético, porém não fornece informações detalhadas sobre o comportamento de cada cultivar frente às variações ambientais (CRUZ e REGAZZI, 1997).

O ambiente compreende uma série de condições sob as quais as plantas são cultivadas, podendo ser: local, ano, práticas culturais, época de semeadura ou mesmo a junção desses fatores (ALLARD e BRADSHAW, 1964). Estes autores ainda classificam as variações ambientais que contribuem para a interação em: (1) previsíveis, que incluem as características gerais do solo, comprimento do dia, insolação e os aspectos relacionados com a ação do homem, como época de semeadura, densidade de semeadura, níveis de adubação e outras práticas agronômicas e (2) imprevisíveis, as quais consideram as flutuações no clima, como quantidade e distribuição das chuvas, variações da temperatura, dentre outras.

No lançamento de cultivares é fundamental o conhecimento da adaptabilidade e estabilidade dos genótipos, a fim de amenizar os efeitos da interação genótipo x

ambiente e auxiliar na recomendação de cultivares para os distintos locais de produção. A adaptabilidade refere-se à capacidade dos genótipos aproveitarem vantajosamente o estímulo do ambiente e a estabilidade diz respeito à capacidade dos genótipos mostrarem comportamento altamente previsível em razão do estímulo do ambiente (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Portanto, a interação genótipos por ambientes pode ser definida como a resposta diferenciada de genótipos, quando submetidos a ambientes diferentes (RAMALHO *et al.*, 1993). Nesse caso, o comportamento dos genótipos em um determinado ambiente pode não ser o mesmo em outro (LYNCH e WALSH, 1998). Como o objetivo do melhorista é identificar genótipos superiores, é fácil perceber a importância desta interação, haja vista que ela diminui a correlação entre os valores fenotípicos e genotípicos (FALCONER e MACKAY, 1996).

A interação genótipo x ambiente pode ser de natureza simples ou complexa. Na simples ou quantitativa, a classificação dos genótipos não se altera nos ambientes avaliados, ou seja, a interação corresponde às mudanças nas magnitudes das diferenças entre os genótipos, proporcionada pela diferença de variabilidade entre os genótipos. A complexa ou qualitativa ocorre quando a correlação genética é baixa, causando uma mudança na classificação dos genótipos, ou seja, é responsável pela falta ou pela reduzida correlação genética entre os comportamentos dos genótipos nos ambientes (CRUZ e CASTOLDI, 1991). A quantificação da predominância do tipo de um dos componentes da interação é muito importante na tomada de decisão por parte do melhorista (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). Quando a interação é simples, o trabalho do melhorista é facilitado, pois a recomendação das cultivares pode ser feita de maneira generalizada. Por outro lado, na presença de interação complexa a recomendação é restrita a ambientes específicos (NUNES *et al.*, 2002).

Existem muitos métodos de avaliação da adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos. Yates e Cochran (1938) propuseram o atualmente denominado método tradicional, que consiste na análise conjunta dos experimentos e,

posteriormente, na decomposição das somas de quadrados de ambientes dentro de cada genótipo da soma de quadrados (SQ) devida aos ambientes, adicionada à SQ da interação genótipos x ambientes. A variação entre ambientes dentro de cada genótipo é usada como estimador da estabilidade, de modo que o genótipo que apresentar menor quadrado médio é considerado o mais estável (CRUZ *et al.*, 2004), sendo utilizado o conceito de estabilidade fenotípica (CARNEIRO, 1998). O método de Eberhart & Russell (1969) considera a regressão linear, medindo a resposta de cada genótipo às variações ambientais. As estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade são representadas pelos coeficientes de regressão de cada genótipo em relação ao índice ambiental e os desvios dessa regressão, respectivamente (CRUZ *et al.*, 2004).

Cruz *et al.* (1989) propuseram um método de avaliação da adaptabilidade e estabilidade que é uma extensão do método apresentado por Silva e Barreto (1985), com a vantagem de ser simples nos cálculos dos parâmetros que estimam o desempenho genotípico. Em outro método, o desempenho geral dos genótipos é definido como o quadrado médio da distância entre a média da cultivar e a resposta média máxima, para todos os locais avaliados (LIN e BINNS, 1988). Nascimento Filho *et al.* (2009) concluíram que o método proposto por Carneiro (1998), uma modificação no método não paramétrico de Lin e Binns (1988), apresenta maior facilidade de interpretação dos resultados e discrimina melhor os genótipos quanto ao desempenho em ambientes tanto favoráveis quanto desfavoráveis.

Segundo Cruz *et al.* (2004), os dados experimentais disponíveis, a precisão requerida e o tipo de informação desejada pelo melhorista determinam a escolha do método para a caracterização de genótipos quanto à adaptabilidade e estabilidade. Cada método possui peculiaridades que podem contribuir para o aprimoramento da análise e, em alguns casos, podem ser complementares entre si. Portanto, é importante que se utilize mais de um método (PEREIRA *et al.*, 2009). Entretanto, conclusões divergentes são observadas quanto à utilização conjunta dos métodos de adaptabilidade e estabilidade. Borges *et al.* (2000) indicaram a associação entre os métodos de Lin &

Binns (1988) e o de Annicchiarico (1992), contrariamente, Silva e Duarte (2006) desaconselham a utilização conjunta desses dois métodos.

No Brasil, poucos são os trabalhos que tratam do estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em meloeiro. Silva (2006), avaliando nove híbridos de melão amarelo em quatro locais no polo Jaguaribe-Assu, observou interação genótipo x ambiente significativa. Adicionalmente, em um estudo com 144 famílias de melão Gália em quatro locais do Rio Grande do Norte, foi verificado que as estimativas de coeficiente de variação genética e a variância genética entre famílias são superestimadas pelo componente da interação genótipo x ambiente, sendo necessárias avaliações em mais de um ambiente (SILVA, 2006). Deste modo, o autor recomendou que a seleção devesse ser feita com base no comportamento médio das famílias, pois proporciona maiores ganhos do que com base na seleção em um ambiente individual. Esta estratégia também é referida por outros autores (SANTOS JÚNIOR, 2007; GURGEL, 2000). Por fim, Nunes *et al.* (2006) concluíram que a maior parte da interação genótipo x ambiente em meloeiro avaliado no Rio Grande do Norte, é de natureza complexa para a produtividade e o teor de sólidos solúveis.

2.11 Qualidade dos frutos

Frutas e hortaliças são importantes componentes de uma dieta saudável e seu consumo em quantidade adequada pode reduzir o risco de doenças cardiovasculares e alguns tipos de câncer (LOCK *et al.*, 2005). Estimativas da Organização Mundial da Saúde (OMS) indicam que o consumo inadequado de frutas e hortaliças está entre os dez principais fatores de risco para a carga total global de doença em todo o mundo (WHO, 2002). Considera-se suficiente o consumo mínimo de 400 gramas de frutas e hortaliças diariamente, o que equivale a cinco porções desses alimentos (WHO, 2004). Frutas e hortaliças são alimentos importantes, pois são fontes de micronutrientes, fibras e de outros componentes com propriedades funcionais (VAN DUYN e PIVONKA,

2000). Ademais, são alimentos de baixa densidade energética, isto é, com poucas calorias em relação ao volume da alimentação consumida, o que favorece a manutenção do peso corporal saudável (ROLLS *et al.*, 2004).

Entretanto, é necessário aumentar o consumo, a produção e a comercialização desses alimentos na perspectiva de promoção da saúde e da segurança alimentar e nutricional (JAIME *et al.*, 2009), principalmente nas regiões de menor rendimento *per capita* (LEVY-COSTA *et al.*, 2005). Contudo, essa segurança alimentar e nutricional passa, necessariamente, pela melhor qualidade das partes das plantas comercializadas para o consumo que, no caso do melão, são os frutos (MONTEIRO, 2003).

Historicamente, a seleção no melão tem privilegiado as características de resistência às doenças, produção e qualidade do fruto, principalmente para maior conteúdo de açúcares e, conseqüentemente, do teor de sólidos solúveis. Esta qualidade também envolve características como firmeza da polpa, perda de massa e aparência externa e interna (AROUCHA *et al.*, 2009; MENEZES *et al.*, 2001). Não obstante, a qualidade do melão pode ser dividida em quatro categorias: produtividade, aparência, polpa e conservação (McCREIGHT *et al.*, 1993).

No Brasil, os melões do tipo Amarelo são preferidos pelos produtores porque apresentam a vantagem de um maior período de conservação pós-colheita, em torno de 35 dias em condições ambiente (MENDONÇA *et al.*, 2004), podendo ser oferecidos em mercados distantes do local de produção. Por outro lado, há uma dificuldade de identificação do ponto ideal de maturação, pois, nem sempre são colhidos na época certa e apresentam menores teores de açúcares (CRISÓSTOMO, 2000). Deste modo, é importante o conhecimento da qualidade e da pós-colheita dos genótipos para atender aos principais mercados consumidores, região Sudeste do Brasil e Europa, principalmente devido ao longo período de transporte envolvido (ALVES, 2000; BRASIL *et al.*, 1998).

Parâmetros genéticos relacionados aos caracteres associados à qualidade do fruto, como herdabilidade e variância genética e, estudos de herança, capacidade de

combinação, heterose e métodos de melhoramento vêm sendo estudados em melão, há mais de meio século (PITRAT, 2008), sendo demonstrado o caráter quantitativo destas características. Além disto, vários genes que controlam caracteres de qualidade do fruto já foram publicados: *gf* (*green flesh*), cor verde da polpa, recessivo à cor salmão e *w* (*white*), cor branca do fruto maduro, recessivo à cor verde-escura da casca; *So* (*sour*) sabor azedo, dominante sobre sabor doce e *Wi* (*immature*) cor branca do fruto imaturo, dominante sobre cor verde; *sp* (*spherical fruit*), fruto esférico com dominância incompleta sobre o formato obtuso; *wf* (*white flesh*), cor branca da polpa, recessivo à cor salmão; *Y* (*yellow*), epicarpo amarelo, dominante sobre casca branca do fruto (PITRAT, 1990; ROBINSON *et al.*, 1976).

Kitroongruang *et al.* (1992) mostraram a natureza complexa da herança do formato do fruto e da cor da sua polpa. Além disso, devido à herança maternal e interação entre genes nucleares e extranucleares, Ramaswamy *et al.* (1977) sugeriram a utilização de rotas bioquímicas diferentes na produção de pigmentos clorofilados e carotenoides em melão. Ademais, também foi observada heterose positiva para alguns caracteres do fruto (peso de frutos, porcentagem de polpa, conteúdo de sólidos solúveis, firmeza da casca, índice de formato, aparência do rendimento) a partir do cruzamento entre melões do grupo *acidulus* e do grupo *cantaloupensis* (KITROONGRUANG *et al.*, 1992).

O controle genético da forma do fruto de melão também foi estudado em dois cruzamentos entre uma linhagem apresentando frutos redondos e duas linhagens apresentando frutos alongados (PÉREIN *et al.*, 2002), em que a forma do fruto foi explicada, principalmente pelo comprimento do fruto nas duas populações. Oito QTLs para forma de fruto foram identificados como responsáveis por 90% da variação fenotípica observada nas duas populações.

Por outro lado, a hipótese de controle monogênico para a cor externa do fruto de melão (PARTHASARATHY e SAMBANDAM, 1981) foi recentemente rejeitada com a identificação de quatro QTL's envolvidos no controle deste caráter

(MONFORTE *et al.*, 2004). Estes autores ainda sugerem que o controle da cor da polpa de melão parece envolver dois genes, *gf* (polpa verde) e *wf* (polpa branca), que interagem epistaticamente para produzir uma terceira cor de polpa, salmão.

A influência de fatores ambientais e genéticos nos caracteres de qualidade dos frutos de melão vem sendo bastante estudada (PECH *et al.*, 2007; GUIZ *et al.*, 1998; ROBINSON e DECKER-WALTERS, 1997; MCCREIGHT *et al.* 1993; ROBINSON e WHITAKER, 1974). A época de plantio, área foliar e estágio de maturação são fatores que influenciam o teor de sólidos solúveis em melão, o qual é incrementado por temperaturas noturnas mais baixas (WELLES e BUITELAAR, 1988). Kultur *et al.* (2001), trabalhando com plantas com arquiteturas distintas, mostraram que enquanto o espaçamento não influenciou no teor de açúcares o ambiente, além de afetar a concentração de açúcares, influenciou a produtividade e o número de frutos.

A herança do conteúdo de sólidos solúveis em tomate é bastante afetada por fatores ambientais. O controle genético parece envolver epistasia e a herdabilidade da característica foi estimada em 54% (LOWER e THOMPSON, 1966). Um modelo genético semelhante também pode estar envolvido no caso do melão. Vários QTLs relacionados com o teor de sólidos solúveis foram identificados em melão. Kitroongruang *et al.* (1992) mostraram que os altos teores de glicose e frutose em melão parecem ser herdados de forma dominante, enquanto o alto teor de sacarose, de forma recessiva, sendo estas características controladas por muitos genes. Em consonância com esta observação, Melo (2010) estudando o controle genético de sólidos solúveis em frutos de 42 acessos dos grupos botânicos Cantalupensis, Conomon, Inodorus, Momordica e um com grupo não definido, observou que um número elevado de locos (aproximadamente 28) está envolvido na herança do teor de SS em frutos do meloeiro, com efeitos aditivos e não-aditivos.

Logo, a herança dos sólidos solúveis da polpa dos frutos de melão não é simples e muitas informações ainda são necessárias para sua elucidação, pois envolvem diversas reações metabólicas para formação dos compostos, principalmente

os açúcares. Em melão, o acúmulo de sacarose, principal açúcar do fruto maduro de melão, parece ser fortemente determinado por eventos metabólicos relacionados com o desenvolvimento do fruto (Figura 2).

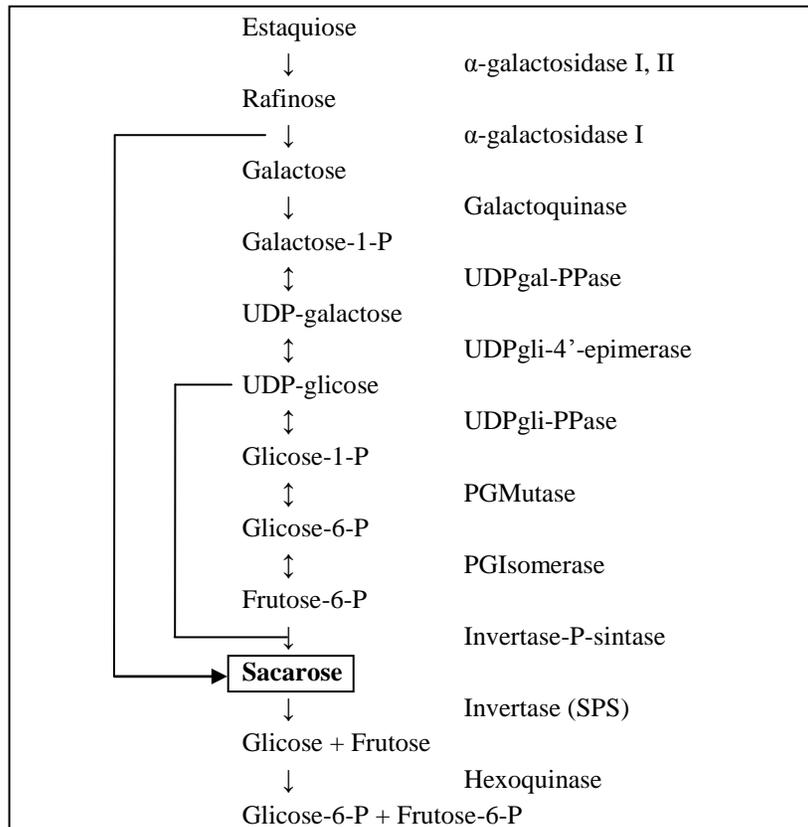


Figura 2. Rota metabólica generalizada da transformação de oligossacarídeos em sacarose (FEUSI *et al.*, 1999, SCHAFFER *et al.*, 1996 e KELLER e PHARR, 1986 citados por SCHAFFER *et al.*, 2000).

O balanço entre as atividades das enzimas invertase e sacarose sintase, ao longo do desenvolvimento do fruto, parece ser determinante para o conteúdo de açúcares do fruto de melão (SCHAFFER *et al.*, 2000). Logo, envolve a ação e a interação de vários genes e, por isso sofrem forte influência ambiental.

O acúmulo de açúcares é importante para a definição da doçura do fruto de melão. A variação no conteúdo de sacarose tem sido apresentada como o componente que mais contribui para a variabilidade no conteúdo de açúcares em frutos de melão (BURGER *et al.*, 2000). Contudo, a composição dos diferentes açúcares, associada ao aroma, à cor e ao formato produzem um atributo maior, que é considerado para preferência do consumidor.

Portanto, estudos dos mecanismos genéticos e efeitos ambientais envolvidos nas características relacionadas à qualidade em melão são essenciais para garantia e expansão dos mercados consumidores.

3 REFERÊNCIAS

ABADIA, J.; CUARTEIRO, M.L.; NUEZ, F. Herancia de caracteres quantitativos em melon. **INIA Ser. Agriculture**, v. 28, n.2, p.83-91, 1985.

ABREU, T.B.; NUNES, G.H.S.; DANTAS, M.S.M.; COSTA FILHO, J.H.; COSTA, G.G.; ARAGÃO, F.A.S. Fenologia floral, viabilidade do grão de pólen e receptividade do estigma do meloeiro. **Proceedings of the Interamerican Society Tropical Horticulture**, v. 52, p.43-46, 2008.

AKASHI.Y.; FUKUDA. N.; WAKO. T.; MASUDA.M.; KATO, K. Genetic variation and phylogenetic relationships in East and South Asian melons, *Cucumis melo* L., based analysis of five isozymes. **Euphytica**, v. 125, n.1, p. 385-396, 2001.

ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: John Willey, 1996. 485p.

ALLARD, R.W., BRADSHAW, A.D. Implications of genotype-environment interaction in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, p. 503-508, 1964.

ALVES, R. E. (Org). **Melão: pós-colheita**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical; Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 2000. 43p. (Frutas do Brasil, 10).

ALVES, R. E.; SANTOS, F. J.; OLIVEIRA, V. H.; BRAGA SOBRINHO, R.; CRISÓSTOMO J. R.; SILVA NETO, R. M.; FREIRE, E. R.; FROTA, P. C. E. **Infra-estrutura básica, situação atual, necessidades de pesquisa agrícola e capacitação de mão-de-obra no Vale do Assú**. Fortaleza: EMBRAPA-CNPAT, 1995. 25p.

ALVES, R.E.; PIMENTEL, C.R.; MAIA, C.E.; CASTRO, E.B.; VIANA, F.M.; COSTA, F.V.; ANDRADE, G.G.; FILGUEIRAS, H.A.C.; ALMEIDA, J.H.S.; MENEZES, J.B.; COSTA, J.G.; PEREIRA, L.S.E. **Manual de melão para exportação**. Brasília, EMBRAPA. 2000. 51p.

AMARAL JUNIOR, A.T.; CASALI, V.W.; CRUZ, C.D.; FINGER, F.L. Divergência genética entre acessos de moranga do banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Viçosa. **Horticultura Brasileira**, v.14, n.2, p.182-184, 1996.

ANDRUS, C.F.; BOHN, G.W. Cantaloup breeding shifts in population means and variability under mass selection. **Proceedings of the American Society for Horticulture Science**, v.90, p.209-222, 1967.

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in northern Italy. **Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.46, p.269-278, 1992.

ANUÁRIO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA 2009. **Principais frutas: Melão**, fazendo fila. Gazeta Santa Cruz Ltda., p.104-105, 2009.

ANUÁRIO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA 2010. **Melão: o queridinho**. Gazeta Santa Cruz Ltda., p.56-59, 2009.

AROCHA, E.M.M.; NUNES, G.H.S.; SOUSA, A.E.D.; FERNANDES, P.L.O.; SOUZA, M.S. Qualidade e potencial pós-colheita de híbridos de melão. **Revista Ceres**, v.56, n.2, p.181-185, 2009.

ARRUDA, L. Melão espanhol some das feiras livres. **Diário do Nordeste**, Fortaleza, 13 de out. 1999. p.17.

ARUMUGANATHAM, K.; EARLE, E. D. Nuclear DNA content of some important plant species. **Plant Molecular Biology Reporter**, v.9, p.208-218, 1991.

ASHIZAWA, M.; YAMATO, M. Review of C. melo cultivars in URSS. **Agriculture and Horticulture**, v.40, p. 1355, 1965.

ASSOCIATED PRESS. **Japanese archaeologists dig up 2,100 year-old melon.** Associated Press, 2007. Disponível em: <
<http://g1.globo.com/Noticias/Ciencia/0,,MUL45785-5603,00-ARQUEOLOGOS+ENCONTRAM+MELAO+DE+ANOS.html> >. Acesso em: 17 abr. 2010.

BABA, E.; ZARKA, V.; DEAK, T.; PEDRYC, A.; VELICH, I.; BISZTRAY, G.D. Molecular diversity of Hungarian melon varieties revealed by RAPD markers. **International Journal of Horticultural Science**, v.8, p.11-13, 2002.

BARBIERI, R.L.; LEITE, D.L.; EVA CHOER, E.; SINIGAGLIA, C. Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. **Ciência Rural**, v.35, n.2, p.303-308, 2005.

BARBOSA, A.M.M.; GERALDI, I.O.; BENCHIMOL, L.L.; GARCIA, A.A.F.; SOUZA, C.L.; SOUZA, A.P. Relationship of intra- and interpopulation tropical maize single cross hybrid performance and genetic distances computed from AFLP and SSR markers. **Euphytica**, v.130, p.87-99, 2003.

BARRETO FILHO, M.D. Teor de açúcar preocupa produtores do NE - região responsável por 90% da safra nacional, teme concorrência. *Gazeta Mercantil*, Fortaleza, 24/fev/1999.

BARROS, A.K.A. **Cruzamento dialélico entre genótipos de melão.** 2005. 75p. (Dissertação de Mestrado)- UFRSA, Mossoró.

BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.O.; MARCHIORO, V.S.; LORENCETTI, C.; KUREK, A.J.; SILVA, J.A.G.; CRUZ, P.J.; HARTWIG, I.; SCHMIDT, D.A.M. Comparações entre medidas de dissimilaridade e estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. **Ciência Rural**, v.33, p.657-662, 2003.

BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas.** Viçosa: UFV, 1997. 547 p.

BORGES, L.C.; FERREIRA, D.F.; ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P. Emprego de metodologias de avaliação da estabilidade fenotípica na cultura do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Ceres**, v.47, p.89-102, 2000.

BOS, I.; CALIGARI, P. **Selection methods in plant breeding**. London: Chapman & Hall, 2007. 461p.

BRASIL, R.F.; PRAÇA, E.F.; MENEZES, J.B.; GRANGEIRO, L.C.; GOMES JÚNIOR, J.; ALVES, R.E. Qualidade do melão 'Hy-Mark' em cinco estádios de maturação. **Horticultura Brasileira**, v.16, p.165-166, 1998.

BRASIL. Ministério do Desenvolvimento da Indústria e Comércio. **Exportação brasileira de melões frescos**. Disponível em: <<http://alicesweb.desenvolvimento.gov.br>>. Acesso em: fev, 2010.

BURGER, Y.; SHEN, S.; PETREIKOV, M.; SCAFFER, A. A. The contribution of sucrose to total sugar content in melons. **Acta Horticulturae**, v. 510, p. 479-485, 2000.

CARNEIRO, P.C.S. **Novas metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade de comportamento**. 1998. 168p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

CARVALHO, J.M. **Comercialização de frutos de qualidade: a importância dos tratamentos pós-colheita**. Tese de Mestrado, Universidade Federal de Lavras. 1996. 173p.

CEAGESP (Companhia de Entrepósitos e Armazéns Gerais de São Paulo). **Que melão é esse?** Disponível em 'http://www.ceagesp.gov.br/produtor/tecnicas/estudos/anexos/que_melao_e_esse.pdf'. Acesso em: jan. 2010.

CHIBA, N.; SUWABE, K.; NUNOME, T.; HIRAI, M. Development of microsatellite markers in melon (*Cucumis melo* L.) and their application to mayor cucurbit crops. **Breeding Science**, v.53, p.21-27, 2003.

CHUNG, S.M.; STAUB, J.E.; CHEN, J.F. Molecular phylogeny of *Cucumis* species as revealed by consensus chloroplast SSR marker length and sequence variation. **Genome**, v.49, p.219-229, 2006.

COGNIAUX, A., HARMS, H. **Cucurbitaceae - Cucurbiteae - Cucumerineae**. In Das Pflanzenreich. Regni vegetabilis conspectus (A. Engler ed.). Wilhelm Engelmann, Leipzig (DE), vol: 88 (IV.275.II), p. 116-157, 1924.

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

CRISÓSTOMO, J. R.; CARDOSO, J. W.; SANTOS, A. A. dos; CARDOSO, J. E.; BLEICHER, E.; ROSSETI, A. G.; LIMA, R. N. de; FREITAS, J. G. **Desempenho de híbridos de melão amarelo no Ceará e no Rio Grande do Norte, no período 1999-2001**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2003. 8p. (Embrapa Agroindústria Tropical. Comunicado Técnico, 85).

CRISÓSTOMO, J. R.; FALCÃO, L. F.; ARAGÃO, F.A.S.; FREITAS, J. G.; SILVA, J. F.; SANTOS, F. H. C. Biologia floral do meloeiro no Ceará: emissão, duração e relação flores masculinas/hermafroditas. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 44, Campo Grande. Resumos... Campo Grande: **Horticultura Brasileira**, v.22, n.2, 2004 (suplemento).

CRISOSTOMO, J. R.; MIRANDA, F. R.; MEDEIROS, J. F. ; FREITAS, J. G. A cadeia produtiva do melão no Brasil. In: ALBUQUERQUE, A.C.S.; SILVA, A.G. (org.). **Agricultura Tropical - Quatro décadas de inovações tecnológicas, institucionais e políticas**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008, v. 1, p. 579-594.

CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1990.

CRUZ, C.D.; CASTOLDI, F.L. Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, v. 38, n. 219, p. 422-430, 1991.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa : Universidade Federal de Viçosa, 1997. 390p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. 480p.

CRUZ, C.D.; TORRES, R.A.A.; VENCOSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva e Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, p.567-580, 1989.

CUI, Z. et al. Phenotypic diversity of modern Chinese and North American soybean cultivars. **Crop Science**, Saint Paul, v.41, p.1954-1967, 2001.

CURY, R. **Dinâmica evolutiva e caracterização de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta*, Crantz) na agricultura autóctone do Sul do Estado de São Paulo**. 1993. 103 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1993

DANE, F. Cucurbit, p. 369-390. In: TANKSLEY, S. D.; ORTON, T. J. (eds). **Isozymes in plant genetics and breeding, part B**. Elsevier Science Publication, Amsterdam (NL). 1983.

DANIN-POLEG, Y.; REIS, N.; TZURI, G.; KATZIR, N. Development and characterization of microsatellite markers in *Cucumis*. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 102, p. 61-72, 2001.

DAVIS, R.M.; BAKER, G.A.; KASMIRE, R.F. Muskmelon quality characteristics – their variability and interrelationships. **Hilgardia**, v.35, p.479, 1964.

DE BENEDETTI, L. et al. Genotype identification of ornamental species by RAPD analysis. **Acta Horticulturae**, v.546, p.391-394, 2001.

DECKER-WALTERS, D.S. Cucurbits, sanskrit, and the Indo-Aryas. **Economic Botany**, v.53, p.98-112, 1999.

DELEU, W.; ESTERAS, C.; ROIG, C.; GONZÁLEZ-TO, M.; FERNÁNDEZ-SILVA, I.; GONZALEZ-IBEAS, D.; JOSÉ BLANCA, J.; ARANDA, M.A., ARÚS, P.; FERNANDO NUEZ, F.; MONFORTE, J.A.; MARIA BELÉN PICÓ, M.B.; GARCIA-MAS, J. A set of EST-SNPs for map saturation and cultivar identification in melon. **BMC Plant Biology**, v.9, p.1-9, 2009.

DELLA VECCHIA, P.T. **O Cultivo do melão no Brasil**. Instituto Brasileiro de Qualidade em Horticultura. Disponível em <http://www.hortibrasil.org.br/classificacao/melao/melao.html>. Acesso em: fev. 2010.

DIAS, L. A. dos S. **Divergência genética e fenotípica multivariada na predição de híbridos e preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.)**. 1994. 94

p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

DIAS, R. de C. S.; COSTA, N. D.; CERDAN, C.; SILVA, P. C. G. da; QUEIROZ, M. A. de; LEITE, L. A. de S.; OLIVEIRA, F. Z. de; PAULA PESSOA, P. F. A. de; TERAPO, D. A cadeia produtiva do melão no Nordeste. In: CASTRO, A. M. G. de; LIMA, S. M. V.; GOEDERT, W. J.; FREITAS FILHO, A. de; VASCONCELOS, J. R. P. (Ed.) **Cadeias produtivas e sistemas naturais: prospecção tecnológica**. Brasília: Embrapa-SPI: Embrapa-DPD, 1998. p. 441-494.

DÍEZ, M.J.; NUEZ, F.; MAGGIONI, L.; van DOOIJEWERT, W. The ECP/GR Cucurbits Working Group. **Acta Horticulturae**, n.731, p.25-30, 2007.

EBERHART, S.A.; RUSSELL, W.A. Yield and stability for a 10-line diallel of single-cross and double-cross maize hybrids. **Crop Science**, v.9, p.357-361, 1969.

ESCRIBANO, S.; LÁZARO, A. Agro-morphological diversity of Spanish traditional melons (*Cucumis melo* L.) of the Madrid provenance. **Genetic Resource Crop Evolution**, v.56, p. 481-497, 2009.

ESQUINAS-ALCAZAR, J.T. Allozyme variation and relationships among Spanish land races of *Cucumis melo* L. **Kulturpflanzen**, v.29, p.337-352, 1981.

FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa: UFV. Imprensa Universitária. 1981. 279p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. Edinburgh: Longman, 1996. 462p.

FAO (Food and Agriculture Organization). Base de Dados Agrícolas de FAOSTAT – Cultivos primários. Disponível em: <http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx>. Acesso em: jan. 2010.

FEHR, W.R. Principles of Cultivar Development - Theory and Technique. New York: Macmillan Publishing Co. 1987. v.1. 536 p.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 3ª ed. Brasília: EMBRAPA – CENARGEN. 1998, 220p.

FILOV, A.I. The problem of melon systematics. **Vestnik sel'skochozjajstvennoj nauki**, v.1, p.126-132, 1960.

FORSBERG, R.A.; SMITH, R.R. Sources, maintenance, and utilization of parental material. In: FEHR, W.R.; Hadley, H.H. **Hybridization of Crop Plants**. American Society of Agronomy: Crop Science Society of America, p.65-81, 1980.

FUKINO, N.; OHARA, T.; MONFORTE, A.J.; 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 and Applied Genetics**, v.118, p.165-175, 2008.

GARCIA, E.; JAMILINA, M.; ALVAREZ, J. I.; ARNEDO, T.; OLIVER, J. L.; LOZANO, R. Genetic relationships among melon breeding lines revealed by RAPD markers and agronomic traits. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 96, p. 878-885, 1998.

GARCIA-MAS, J., MONFORTE A.J.; ARÚS, P. Phylogenetic relationships among *Cucumis* species based on the ribosomal internal transcribed spacer sequence and microsatellite markers. **Plant Systematic Evolution**, v.248, p.191-203, 2004.

GARCIA-MAS, J.; OLIVER, M.; GÓMEZ-PANIAGUA, H.; DE VICENTE, M.C. Comparing AFLP, RAPD and RFLP markers for measuring genetic diversity in melon. **Theoretical and Applied Genetics**, v.101, p.860-864, 2000.

GEPTS, P. A comparison between crop domestication, classical plant breeding, and genetic engineering. **Crop Science**, v.42, p.1780-1790, 2002.

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

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

GÓMEZ-GUILLAMÓN, M.L.; CUARTERO, J.; CORTÉS, C.; ABADIA, J.; COSTA, J.; NUEZ, F. Descripción de cultivares de melón: caracteres cualitativos. **Actas I del**

Congreso Nacional de la Sociedad Española de Ciencias Hortícolas. Valencia, 28 Noviembre-1 Diciembre 1983, p.453-460, 1983b.

GONTIJO, S.L.; AMORIM, J.C.; AMARAL, Z. P. S.; BUSO, J.A.; PAIVA, W. O.; OLIVEIRA, V. R.; BUSO, G.S.C. Estudo da variabilidade genética entre 162 linhagens de melão utilizando marcadores moleculares RAPD. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 46. Goiânia. Resumos... Goiânia: **Horticultura Brasileira**, v.24, n.1, julho 2006 (suplemento). p.132-133.

GREBENŠCIKOV, I. 1986. Cucurbitaceae. In Rudolf Mansfelds Verzeichnis landwirtschaftlicher und gärtnerischer Kulturpflanzen (J. Schultze-Motel ed.). **Akademie Verlag**, v.2, p. 914-951, 1986.

GUIS, M.; ROUSTAN, J.P.; DOGIMONT, C.; PITRAT, M.; PECH, J.C. 1998. Melon biotechnology. **Biotech Genet Engin Rev**, v.15, p.289-311, 1998.

GURGEL, F. de. L. **Adaptabilidade e Avaliação qualitativa de híbridos de melão amarelo**. 2000. 60p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Escola Superior de Agricultura de Mossoró, Mossoró.

HAWKES, J. G. Germplasm collection, preservation, and use. In: FREY, K. J. **Plant Breeding II**. Ludhiana: Kalyani Publishers: New Delhi. 1982. p. 57-83.

HOSOKI, T.; ISHIBASHI, A.; KITAMURA, H.; KAI, N.; HAMADA, M.; OHTA, T. Classification of oriental melons based on morphological, ecological and physiological differences. **J. Japan. Soc. Hort. Sci.**, v.58, n.4, p.959-970, 1990.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Banco de Dados Agregados**. Disponível em: 'http://www.sidra.ibge.gov.br/'. Acesso em: fev. 2010.

IBPGR. **Diversity for development**. Rome: IBPGRI, 1993. 62p.

IBPGR. **Descriptors for *Phaseolus vulgaris***. Rome: IBPGR, 1982. 32p.

IBRAF - Instituto Brasileiro de Frutas. **Estatísticas**. Disponível em: 'http://www.ibraf.org.br/x-es/f-esta.html. Acesso em: abr. 2010.

IBRAF - Instituto Brasileiro de Frutas. Porque não exportamos mais frutas? **IBRAF acontece**, v.3, n.13, p.12, 1996.

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

JAIME, P.C.; FIGUEIREDO, I.C.R.; MOURA, E.C.; MALTA, D.C. Fatores associados ao consumo de frutas e hortaliças no Brasil, 2006. **Rev. Saúde Pública**, v.43, p.57-64, 2009. (Supl 2)

JARAMILLO, S.; BAENA, M. **Conservación ex situ de recursos fitogenéticos**. Roma: International Plant Genetic Resources Institute, 2000. 209p.

JEFREY, C. A review of the cucurbitaceae. **Botanic Journal Linneus Society**, v. 81, n.2., p. 233-247, 1980.

JOSÉ, M.A.; IBAN, E.; SILVIA, A.; PERE, A. Inheritance mode of fruit traits in melon: heterosis for fruit shape and its correlation with genetic distance. **Euphytica**, v.144, p.31-38, 2005.

KALB, T.J.; DAVIS, D.W. Evaluations of combining ability, heterosis and genetic variance for fruit quality characteristics in bush muskmelon. **Journal American Society Horticulture Science**, v. 109, n.3, p. 416-419, 1984.

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

KATO, K.; AKASHI, Y.; OKAMOTO, A.; KADOTA, S.; MASUDA, M. Isozyme polymorphism in melon (*Cucumis melo* L.) and application to seed purity test of F₁ cultivars. **Breeding Science**, v.48, p.237-242, 1998.

KATZIR, N., Y. DANIN-POLEG, G. TZURI, Z. KARCHI, U. LAVI, AND CREGAN, P.B. Application of RAPD and SSR analyses to the identification and mapping of melon (*Cucumis melo* L.) varieties. In: 'Cucurbitaceae '94 Evaluation and Enhancement of Cucurbits Germplasm' (G. E. Lester and J. R. Dunlap, eds). **Proceedings...** South Padre Island (TX, US), 1994.

KATZIR, N.; DANIN-POLEG, Y.; TZURI, G.; KARCHI, Z.; LAVI, U.; CREGAN, P.B. Length polymorphism and homologies of microsatellites in several Cucurbitaceae species. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 93, p.1282-1290, 1996.

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

KITROONGRUANG, N.; POO-SWANG, W.; TOKUMASU, S. Evaluation of combining ability, heterosis and genetic variance of plant growth and fruit quality characteristics in Thai-melon (*Cucumis melo* L., var. *acidulus* Naud.). **Scientia Horticulturae**, v.50, p.79-87, 1992.

KOTTAPALLI, K.R.; BUROW, M.D.; BUROW, G.; BURKE, J.; PUPPALA, N. Molecular characterization of the U.S. peanut mini core collection using microsatellite markers. **Crop Science**, v.47, p.1718-1727, 2007.

KULTUR, F.; HARRISON, H. C.; STAUB, J. E. Spacing and genotype affect fruit sugar concentration, yield, and fruit size of melon. **HortScience**, v. 36, n.2, p. 274-278, 2001.

LABORDA, P.R.; OLIVEIRA, K.M.; GARCIA, A.A.F.; PATERNIANI, M.E.A.G.Z.; SOUZA, A.P. Tropical maize germplasm: what can we say about its genetic diversity in the light of molecular markers? **Theoretical and Applied Genetics**, v.111, p.1288-1299, 2005.

LEE, S.; KIM, Z. Genetic relationship analysis of melons (*Cucumis melo*) germplasm by RAPD method. **J Korean Soc Horticult Sci**, v.44, p.307-313, 2003.

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

LEVY-COSTA, R.B.; SICHIERI, R.; MONTEIRO, C.A. Disponibilidade domiciliar de alimentos no Brasil: distribuição e evolução (1974-2003). **Revista da Saúde Pública**, v.39, n.4, p.530-40, 2005.

LIN, C.S.; BINNS, M.R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v.68, p.193-198, 1988.

LIPPERT, F.L.; LEGG, P.D. Diallel analysis for yield and maturity characteristics in muskmelon cultivars. **Journal American Society Horticulture Science**, v. 97, n.1, p. 87-90, 1972.

LIU, L.; KAKIHARA F.; KATO, M.Characterization of six varieties of *Cucumis melo* L. based on morphological and physiological characters, including shelf-life of fruit. **Euphytica**, v.135, p.305-313, 2004.

LIU, W.; SONG, M.; LIU, F.; WANG, H. Assessment of genetic diversity of melon (*Cucumis melo*) germplasm based on RAPD and ISSR. **Journal of Agricultural Biotechnology**, v.10, p.231-236, 2002.

LOCK, K.; POMERLEAU, J.; CAUSER, L.; ALTMANN, D.R.; MCKEE, M. The global burden of disease attributable to low consumption of fruit and vegetables: implications for the global strategy on diet. **Bulletin of the World Health Organ**, v.83, n.2, p.100-108, 2005.

LOPES, M.M. **Caracteres descritivos e estimativas de parâmetros genéticos de cruzamento dialélico parcial entre cinco cultivares de melão (*Cucumis melo* L.)**. Mossoró: ESAM, 2000. 33f. Dissertação (Mestrado). ESAM, Mossoró.

LÓPEZ-SESÉ, A.I.; STAUB, J.E.; GÓMEZ-GUILLAMÓN, M.L. Genetic analysis of Spanish melon (*Cucumis melo* L.) germplasm using a standardized molecular-marker array and geographically diverse reference accessions. **Theoretical and Applied Genetics**, v.108, p.41-52, 2004.

LÓPEZ-SESÉ, A.I.; STAUB, J.E.; KATZIR, N.; GÓMEZ-GUILLAMÓN, M.L. Estimation of between and within accession variation in selected Spanish melon germplasm using RAPD and SSR markers to assess strategies for large collection evaluation. **Euphytica**, v.127, p.41-51, 2002.

LOWER, R.L.; EDWARDS, M.D. Cucumber breeding. In: BASSET, M.J. (ed.). **Breeding vegetable crops**. AVI, Westport, p.173-207, (1986)

LOWER, R.L.; THOMPSON, A.E. Sampling variation of acidity and solids in tomatoes. **Proceedings of the American Society of Horticultural Science**, v. 89, p.512-522, 1966.

LYNCH, M.C.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates Inc., 1998. 980p.

MACHADO, C.F.; NUNES, G.H.S.; FERREIRA, D.F.; SANTOS, J.B. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas. **Ciência Rural**, Sta Maria, v.32, n.2, p.251-258, 2002.

MACHADO, C.F.; SANTOS, J.B.; NUNES, G.H.S. Escolha de genitores de feijoeiro por meio da divergência baseada em caracteres morfo-agronômicos. **Bragantia**, Campinas, v.59, n.1, p.11-20, 2000.

MADEIRA, N.R.; REIFSCHNEIDER, F.J.B.; GIORDANO, L.B. Contribuição portuguesa à produção e ao consumo de hortaliças no Brasil: uma revisão histórica. **Horticultura Brasileira**, v.26, p.428-432, 2008.

MAGALHÃES, J.S.B. **Melão: Produção e comercialização no Ceará**. Série oportunidade de negócios. Fortaleza: SEAGRI, nov. 2001.

MAKISHIMA, N. Situação da pesquisa com cucurbitáceas no Brasil. **Horticultura Brasileira**, v.9, n. 2, p.102-103, 1991.

MALLICK, M.F.R.; MASSUI, M. Origin, distribution and taxonomy of melons. **Scientia Horticulture**, v.28, n. 1, p. 251-261, 1986.

MANNICHE, L. **An ancient egyptian herbal**. University of Texas Press, Austin (USA). 1989.

MAROTO, J. V. **Horticultura** – herbácea especial. Madrid: Mundi-Prensa, 1983. 533p.

MATHEW, S.M.; GOPALAKRISHNAN, P.K.; PETER, K.V. Compatibility among *Cucumis melo* varieties inodorus, conomon, flexuosus, momordica and utilissimus. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, v.9, p.78-80, 1986.

McCREIGHT, J.D.; STAUB, J.E.; LÓPEZ SESÉ, A.I.; CHUNG, S.M. Isozyme variation in indian and chinese melon (*Cucumis melo* L.) germplasm collections. **Journal of the American Society for Horticulture Science**, v.129, p.811-818, 2004.

McCREIGHT, J.D.; NERSON, H.; GRUMET, R. Melon, *Cucumis melo* L. In: KALLOS, G.; BERGH, B.O. (eds) Genetic improvement of vegetable crops. **Pergamon Press**, New York, 1993.

MEGLIC, V. V.; HOREJSI, T. F.; AND STAUB, J. E.; MCCREIGHT J. D. Genetic diversity, and inheritance and linkage of isozyme loci in melon (*Cucumis melo* L.). **HortScience**, v.29, n.5, p.449, 1994.

MELO, Dalila Regina Mota de. **Avaliação de acessos e controle genético de sólidos solúveis em frutos de meloeiro**. 2010. 78p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2010.

MENDONÇA, F.V.S.; MENEZES, J.B.; GUIMARÃES, A.A.; SOUZA, P.A.; SIMÕES, N.A.; SOUZA, G.L.F.M. Armazenamento de melão amarelo, híbrido RX 20094, sob temperatura ambiente. **Horticultura Brasileira**, v.22, p.76-79, 2004.

MENEZES, J.B.; GOMES JÚNIOR, J.; ARAÚJO NETO, S.E.; SIMÕES, N.A. Armazenamento de dois genótipos de melão amarelo sob condições ambiente. **Horticultura Brasileira**, v.19, p.42-49, 2001.

MIGUEL, A. A. **Caracterização agronômica de híbridos comerciais de melão amarelo (*Cucumis melo* L.) nas condições do litoral do Ceará**. 2001. 46f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2001,

MLIKI, A.; STAUB, J.E.; SUN, Z.Y.; GHORBEL, A. Genetic diversity in melon (*Cucumis melo* L.): an evaluation of African germplasm. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.48, p.587-597, 2001.

MOLINA, R.V.; CUARTERO, J.; GÓMEZ-GUILLAMÓN, M.L.; ABADIA, J.; NUEZ, F. Variabilidad inter e intracultivar en melón. **Actas del II Congreso Nacional de la SECH**. Córdoba, 21–25 Abril 1986, pp 1293–1300, 1986.

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

MONFORTE, A.J.; GARCIA-MAS, J.; ARUS, P. Genetic variability in melon based on microsatellite variation. **Plant Breeding**, v.122; p.153-157, 2003.

MONTEIRO, C.A. **Setting up a fruit and vegetable promotion initiative in a developing country**. In: WHO. Fruit and vegetable promotion initiative - report of the meeting. Geneva; 2003.

MORALES, M.; ROIG, E.; MONFORTE, A.J.; ARUS, P.; GARCIA-MAS J. Single-nucleotide polymorphisms detected in expressed sequence tags of melon (*Cucumis melo* L). **Genome**, v.47, p.352-360, 2004.

MUNGER, H.M.; ROBINSON, R.W. Nomenclature of *Cucumis melo* L. **Cucurbit Genetic Cooperative Report**, v. 14, n.1, p. 43-44, 1991.

NASCIMENTO FILHO, F.J.; ATROCH, A.L.; CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. Adaptabilidade e estabilidade de clones de guaraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.9, p.1138-1144, 2009.

NAUDIN C. V. Essais d'une monographie des espèces et des variétés du genre *Cucumis*. **Annales des Sciences Naturelles: Botanique**. série.4, v.11, p.5-87, 1859a.

NAUDIN, C.V. Review des cucurbitacées cultivées on Museum. **Annales des Sciences Naturelles: Botanique**. série.4, v.12, p.79-164, 1859b.

NELSON, H.; BURGUER, Y. Parental characteristics limit yield and quality of winter-grow galia-type muskmelon. **Journal of Genetics & Breeding**, v.50, n.1, p.61-66, 1996.

NEUHAUSEN, S.L. Evaluation of restriction fragment length polymorphism in *Cucumis melo*. **Theoretical and Applied Genetics**, v.83, p.379-384, 1992.

NEVES, E.M., DAYOUB, M.; DRAGONE, D.S. Análise da demanda de defensivos pela fruticultura brasileira 1997-2000. **Revista Brasileira de Fruticultura**. Jaboticabal, v.24, n.3, p.694-696, dez. 2002.

NG, T.G.; McCLURG, C.A.; ANGEL, F.F.; ANDERSEN, J.I. Evaluation of muskmelon cultivar performance by joint regression analysis. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v.105, p.202-223, 1980.

NUNES, G.H.S.; MADEIROS, A.E.S.; GRANGEIRO, L.C.; SANTOS, G.M.; SALES JUNIOR R. Estabilidade fenotípica de híbridos de melão amarelo avaliados no Pólo agrícola Mossoró-Assú. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 9, p.1369-1376, 2006.

NUNES, G.H.S.; RESENDE, G.D.S.P.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. Implicações da interação genótipos x ambientes na seleção de clones de eucalipto. **Cerne**, v.8, n.1, p.49-58, 2002.

ODET, J. **Le melon**. Centre Technique interprofessionnel de fruits et legumes. 1985. p. 295.

OLIVEIRA, L.B.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F. Alternative procedures for parent choice in a breeding program for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Brasilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v.19, n.4, p.611-615, 1996.

PAIVA, W. O. ; FILGUEIRAS, H. A.; LIMA, J. A.; BUSO, G. S. C.; QUEIROZ, M. A.; BUSO, J. A. Melão Tupã: Origem e Melhoramento Genético. Fortaleza: **Embrapa Agroindústria Tropical**, 2002. 39 p.

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

PAIVA, W.O.; LIMA, J.A.A.; PINHEIRO NETO, L.G.; NAJARA FROTA RAMOS, N.F.; VIEIRA, F.C. Melão Tupã: produtividade, qualidade do fruto e resistência a viroses. **Horticultura Brasileira**, v.21, n.3, p.539-544, 2003.

PANGALO, K.I. Cucurbitacées. In La Turquie Agricole (P. Zhukovsky ed.). **Les éditions de l'Etat section agricole "Selkhozgiz"**, p.518-559, 873-882. 1933.

PARDOSSI, A. GIACOMET, P.; MALORGIO, F.; ALBINI, F.M.; MURELLI, C.; SERRA, G.; VERNIERI P.; TOGNONI, F. The Influence of growing season on fruit yield and quality of greenhouse melon (*Cucumis melo* L.) grown in nutrient film technique in a Mediterranean climate. **Journal of Horticultural Science and Biotechnology**, v.75, n.4, p.488-493, 2000.

PARTHASARATHY, V.A.; SAMBANDAM, C.N. Inheritance in Indian melons. **Indian Journal Genet Plant Breed**, v. 41, p. 114-117. 1981.

PECH, J.C.; BERNADAC, A.; BOUZAYEN, M.; LATCHÉ, A.; DOGIMONT, C.; PITRAT, M. Melon. In: PUA, E. C.; DAVEY, M.R. (eds). **Transgenic Crops V** (Biotechnology in Agriculture and Forestry). Springer, Berlin-Heidelberg, p. 209-240, 2007.

PEDROSA, J. F. **Cultura do Melão**. Mossoró: Escola Superior de Agricultura de Mossoró, 1997. 52p.

PEDROSA, J.F.P.; GURGEL, F.L.; NETO, F.B.; NEGREIROS, M.Z.; NOGUEIRA, I.C.C.; LIRA, G.S.; PEDROSA, L.F.F.; FILHO, J.T.; PRAÇA, E.F.P.; MENEZES, J.B.; NASCIMENTO, S.R.C. **Adaptabilidade ambiental e estabilidade produtiva em híbridos de melão tipo Amarelo**. Mossoró, RN, ESAM-CNPq/BIOEX., 1999. 34p. Relatório Parcial de Pesquisa.

PÉREIN, C.; HAGEN, L.S.; GIOVANAZZO, N.; BESOMBESS, D.; DOGIMONT, C.; PITRAT, M. Genetic control of fruit shape acts prior to anthesis in melon (*Cucumis melo*). **Molecular and Genomics**, v. 2666, p.933-941, 2002.

PEREIRA, H.S.; MELO, L.C.; FARIA, L.C.; DEL PELOSO, M.J.; COSTA, J.G.C.; RAVA, C.A.; WENDLAND, A. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijoeiro-comum com grãos tipo carioca na Região Central do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.29-37, 2009.

PEREIRA, V. A. **Utilização de análise multivariada na caracterização de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz.)**. 1989. 180 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

PERL-TREVES, R., ZAMIR, D.; NAVOT, N.; GALUN, E. Phylogeny of *Cucumis* based on isozyme variability and its comparison with plastome phylogeny. **Theoretical and Applied Genetics**, v.71, p.430-436, 1985.

PESSOA, H.B.S.V.; AVILA, A.C.; DELLA VECCHIA, P.T.; ARAUJO, J.P.; OLIVIEIRA, L.O.B. Eldorado 300: melão resistente ao vírus do mosaico da melancia WMV-1. **Horticultura Brasileira**, v.6, n.1, p.40-41, 1988.

PITRAT, M. Gene list for *Cucumis melo* L. **Cucurbit Genetics Cooperation Reports**, v. 13, p. 58-70, 1990.

PITRAT, M. Melon. In: NUEZ, F.; PROHENS, J. **Vegetables I: asteraceae, brassicaceae, chenopodiaceae, and cucurbitaceae** (Handbook of Plant Breeding). Springer New York, p.1-33, 2008.

PITRAT, M.; HANELT, P.; HAMER, K. Some comments on intraspecific classification of cultivars of melons. Proceedings of 7th EUCARPIA Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding. **Acta Horticulture**, v. 510, p. 29-36, 2000.

PROFRUTAS. **Ações Básicas para o Desenvolvimento da Agricultura Irrigada no Rio Grande do Norte**. Mossoró, RN, PROFRUTAS, 1996.

QUEIROZ, M.A. Germplasm of cucurbitaceae in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, p377-383, 2004

QUEIROZ, M.A. Os recursos genéticos vegetais e os melhoristas de plantas. In: QUEIROZ, M. A. de; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S.R.R., (ed.) **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste brasileiro**. (on line). Petrolina-PE: Embrapa Semi-Árido / Brasília-DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, nov. 1999. Disponível em <http://www.cpatia.embrapa.br>.

QUEIROZ, M.A. Potencial do germoplasma de cucurbitáceas no Nordeste brasileiro. **Horticultura Brasileira**, v.11, n.1, p.7-9. 1993.

QUEIROZ, M.A.; LOPES, M.A. Importância dos recursos genéticos vegetais para o agronegócio. In: NASS, L.L. **Recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, p.61-120, 2007.

QUEROL, D. **Recursos genéticos, nosso tesouro esquecido: abordagem técnica e econômico-social**. Rio de Janeiro: ASPTA, 1993. 206 p.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J. **Genética Quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: UFG, 1993. 272p. 1993.

RAMASWAMY, B.; SESHADRI, V. S.; SHARMA, J. C. Inheritance of some fruit characters in muskmelon. **Scientia Horticulturae**, v. 6, p.107-120, 1977.

RAMOS, S.R.R.; QUEIROZ, M.A. de; PEREIRA, T.N.S. Recursos genéticos vegetais: manejo e uso. **Magistra**, v.19, p.265-273, 2007.

RANDHAWA, K.S.; SINGH, M.J. Assesment of combining ability, heterosis and genetic variance for fruit quality in muskmelon (*Cucumis melo* L.). **Indian Journal Horticulture**, v.50, n. 2, p. 127-130, 1990.

REZENDE, R.K.S.; PAIVA, L.V.; PAIVA, R.; CHALFUN JUNIOR, A.; TORGA, P.P.; MASETTO, T.E. Divergência genética entre cultivares de gérbera utilizando marcadores RAPD. **Ciência Rural**, v.39, n.8, p.2435-2440, 2009.

RITSCHER, P.S.; LINS, T.C.de L.; TRISTAN, R.L.; BUSO, G.S.C.; BUSO, J.A.; FERREIRA, M.E. Development of microsatellite markers from an enriched genomic library for genetic analysis of melon (*Cucumis melo* L.). **BMC Plant Biology**, v.4, n.1, p.9-24, 2004.

RIZZO, A.A.N. **Avaliação de caracteres agronômicos e qualitativos de cinco cultivares de melão rendilhado (*Cucumis melo* var. *reticulatus* Naud.) e da heterose em seus híbridos F₁**. 1999. 56f. Dissertação (Mestrado).- UNESP, Jaboticabal.

ROBINSON, R. W.; MUNGER, H. M.; WHITAKER, T. M.; BOHN, G. W. Gene for the Cucurbitaceae. **HortScience**, v. 11, p. 554-568, 1976.

ROBINSON, R.W.; DECKER-WALTERS, D.S. **Cucurbits**. CAB International, Oxon (GB). 1997.

ROBINSON, R.W.; WHITAKER, T.W. Cucumis, p. 145-150. In: KING, R.C. (ed.). **Handbook of Genetics**. Vol: 2. Plenum, New York (US). 1974.

ROLLS, B.J.; ELLO-MARTIN, J.A.; TOHILL, B.C. What can intervention studies tell us about the relationship between fruit and vegetable consumption and weight management? **Nutr. Rev.**, v.62, n.1, p.1-17. 2004.

ROMÃO, R. L. **Dinâmica evolutiva e variabilidade de populações de melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum & Nakai em três regiões do Nordeste brasileiro**. 1995. 75p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). USP/ESALQ, Piracicaba, 1995.

SAMPAIO, Y.; VITAL, T.; COSTA, E. F. Sucesso e insucesso no agronegócio nordestino. **Revista Econômica do Nordeste**, v.37, n.2, p.276-297, 2006.

SANTOS JÚNIOR, H. **Interação genótipo x ambiente e adaptabilidade e estabilidade de híbridos de melão Gália**. 2007. 150 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2008.

SCHAFFER, A. A.; BURGER, Y.; ZHANG, G.; ZHIFANG, G.; GRANOT, D.; PETERIKOV, M.; YESELSON, L.; SHEN, S. Biochemistry of sugar accumulation in melons as related to the genetic improvement of fruit quality. **Acta Horticulturae**, v. 510, p. 449-453, 2000.

SENSOY, S.; BUYUKALACA, S.; ABAK, K. Evaluation of genetic diversity in Turkish melons (*Cucumis melo* L.) based on phenotypic characters and RAPD makers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 59, n.1, p. 1-16, 2006.

SHIRAN, B.; AMIRBAKHTIAR, N.; KIANI, S.; MOHAMMADI, SH.; SAYED-TABATABAEI, B.E.; MORADI, H. Molecular characterization and genetic relationship among almond cultivars assessed by RAPD and SSR markers. **Scientia Horticulturae**, v.111, p.280-292, 2007.

SILVA, D.J.H.; MOURA, M.C.C.L.; CASALI, V.W.D. Recursos genéticos do banco de germoplasma de hortaliças da UFV: histórico e expedições de coleta. **Horticultura Brasileira**, v.19, p.108-114, 2001.

SILVA, H. R.; COSTA, N. D. **Melão produção**, aspectos técnicos. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 2003. 144p. (Série Frutas do Brasil, 33).

SILVA, J.G.C.; BARRETO, J.N. Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipo x ambiente. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 1.; REUNIÃO ANUAL DA REGIÃO BRASILEIRA DA SOCIEDADE INTERNACIONAL DE BIOMETRIA, 30., 1985, Piracicaba. **Anais**. Campinas: Fundação CARGILL, p.49-50, 1985.

SILVA, J.M. **Interação genótipos x ambientes na avaliação de famílias de melão Gália no Agropolo Mossoró-Assú**. 2006. 53f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-árido, Mossoró, 2006.

SILVA, W.C.J. e; DUARTE J.B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.23-30, 2006.

SIMMONDS, N. W. (ed.). **Evolution of crop plants**. Longman: London e New York. 1976. 339pp.

SOUSA, R.M.; AGUIAR, O.S.; FREITAS, B.M.; SILVEIRA NETO, A.A.; PEREIRA, T.F.C. Requerimentos de polinização do meloeiro (*Cucumis melo* L.) no município de Acaraú – CE – Brasil. **Caatinga**, v.22, n.1, p.238-242, 2009.

SOUSA, R. M. Polinização, Manejo de Colmeias e Requerimentos do Meloeiro. In: Raimundo Braga Sobrinho; Jorge Anderson Guimarães; José Arimatéia Duarte de Freitas; Daniel Terao. (Org.). **Produção Integrada de Melão**. Banco do Nordeste/Etene: Fortaleza-CE. 2008, v. 1, p. 173-183.

SOUZA, F. das C. S. Do sertão nordestino às mesas européias: a fruticultura potiguar insere-se no mercado mundial. In. ____ (org.) **Potencialidades e (in)sustentabilidade no semi-árido potiguar**. Natal-RN: Editora do Cefet/RN. p. 9-33, 2005.

SOWELL, G. Additional sources of resistance to gummy stem blight of muskmelon. **Plant Disease**, v.65, n.3, p.253-254, 1981.

STAUB, J.E.; BOX, J.; MEGLIC, V.; HOREJSI, T.F.; MCCREIGHT, J.D. Comparison of isozyme and random amplified polymorphic DNA data for determining intraspecific variation in *Cucumis*. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.44, p.257-269, 1997.

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

STAUB, J.E.; LÓPEZ-SESÉ, A.I.; FANOURAKIS, N. Diversity among melon landraces (*Cucumis melo* L.) from Greece and their genetic relationships with other melon germplasm of diverse origins. **Euphytica**, v.136, p.151-166, 2004.

STEPANSKY, A.; KOVALSKI, I.; SCHAFFER, A.A.; PERL-TREVES, R. Variation in sugar levels and invertase activity in mature fruit representing a broad spectrum of *Cucumis melo* genotypes. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.46, p.53-62, 1999a.

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

STOL, M. The Cucurbitaceae in the cuneiform texts. **Bulletin Sumerian Agriculture**, v.3, p.81-92, 1987.

SUJUTHA, V.S., SESHADRI, V.S.; SRIVASTAVA, K.N.; MORE, T.A. Isozyme variation in muskmelon (*Cucumis melo* L.). **Indian J Genet Pl Breed**, v.51, p.438-444, 1991.

SZABÓ, Z.; GYULAI, G.; HUMPHREYS, M.; HORVÁTH, L.; BITTSÁNSZKY, A.; LÁGLER, R.; HESZKY, L. Genetic variation of melon (*C. melo*) compared to an extinct landrace from the Middle Ages (Hungary) I. rDNA, SSR and SNP analysis of 47 cultivars. **Euphytica**, v.146, p.87-94, 2005.

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

UPADHYAYA, H.D.; REDDY, L.J.; GOWDA, C.L.L.; REDDY, K.N.; SINGH, S. Development of a mini core subset for enhanced and diversified utilization of pigeonpea germplasm resources. **Crop Science**, v.46, p.2127-2132, 2006.

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

VAN DUYN, M.A.S.; PIVONKA, E. Overview of the health benefits of fruit and vegetable consumption for the dietetics professional: selected literature. **Journal of the American Dietetic Association**, v.100, n.12, p.1511-1521, 2000.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto, Sociedade Brasileira de Genética, 1992, 496p.

VIDA, J.B.; BRANDÃO FILHO, J.U.T.; NUNES, W.M.C.; SOUTO, E.R. Avaliação de perdas causadas por *Didymella bryoniae* na cultura do melão em estufas plásticas. **Fitopatologia Brasileira**, v. 21 (Suplemento), p.409, 1996.

VIRK, R. S.; FORD-LLOYD, B. V.; JACKSON, M. T.; NEWBUR, Y. H. J. Use of RAPD for the study of diversity within plant germplasm collections. **Heredity**, v.74, p.170-179, 1995.

WALTERS, T.W. Historical overview on domesticated plants in China with special emphasis on the Cucurbitaceae. **Economic Botany**, v.43, p.297-313, 1989.

WANG, Y. H.; THOMAS, C. E.; DEAN, R. A. A genetic map of melon (*Cucumis melo* L.) based on amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v.95, p.791-797, 1997.

WELLES, G.H.; BUITELAAR, K. Factors affecting soluble solids content of muskmelon (*Cucumis melo* L.). **Netherland Journal Agricultural Science**, v.36, p.239-246, 1988.

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

WORLD HEALTH ORGANIZATION. Fruit and vegetables for health. Report of a Joint FAO/WHO Workshop, 1-3 September 2004, Kobe, Japan. **WHO**, Kobe, 2004.

WORLD HEALTH ORGANIZATION. The world health report 2002. Reducing risks, promoting healthy life. **WHO**, Geneva, 2002.

YATES, F.; COCHRAN, W.G. The analysis of group of experiments. **Journal of Agricultural Science**, v.28, p.556-80, 1938.

FAS Aragão *et al.*

CAPITULO I

Divergência genética de acessos de meloeiro da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro

RESUMO

A divergência genética de 38 acessos de meloeiro coletados em propriedades da agricultura tradicional do Nordeste Brasileiro e três híbridos comerciais foi estudada tanto por meio de descritores quantitativos dos frutos quanto por meio de marcadores microssatélites (SSR). O germoplasma de melão avaliado pertence às variedades botânicas *cantaloupensis* (19), *momordica* (7), *conomon* (4), *inodorus* (3) e oito genótipos foram identificados somente em nível de espécie. Os descritores avaliados nos frutos foram: NPF - número de frutos por planta; MF - massa média do fruto (kg); DL - diâmetro longitudinal do fruto, (cm); DT - diâmetro transversal do fruto (cm); IF - índice de formato, dado pela razão entre DL/DT; EC - espessura da cavidade (cm); EP - espessura da polpa (cm); FP - firmeza da polpa (N) e SS - sólidos solúveis (°Brix). Os 17 marcadores SSR polimórficos utilizados para divergência genética molecular foram: CMBR7, CMBR12, CMBR21, CMBR27, CMBR40, CMBR56, CMBR64, CMBR83, CMBR90, CMBR92, CMBR95, CMBR100, CMBR105, CMBR115, CMBR140, M176 e CM254. Em cada dendograma, o ponto de corte para formação dos grupos foi definido como a média das distâncias genéticas. Os resultados mostraram grande variabilidade para todos os descritores, com destaque para NPF, DL e MF. A análise de agrupamento por descritores do fruto formou oito grupos, sem critérios taxonômicos e com valor cofenético de 0,70 ($P < 0,01$). Os caracteres DL (22,52%), NFP (19,70%), EC (16,13%) e SS (9,57%), foram os descritores que mais contribuíram para a dissimilaridade dos genótipos. Os marcadores SSR amplificaram 41 alelos com média de 2,41 alelos e três genótipos por loco. Alguns marcadores apresentaram elevadas frequências do alelo principal e, conseqüentemente, reduzido poder informativo. A diversidade genética ou heterozigosidade esperada, variou de 0,07 a 0,60, com média de 0,40. Entretanto, a heterozigosidade observada apresentou valores muito baixos, variando de zero a 0,29, com média de apenas 0,09. As estimativas do poder discriminatório dos marcadores (PIC) variaram de 0,07 a 0,54, com média de 0,32. A análise filogenética molecular separou os acessos em 13 grupos, também sem coerência taxonômica nos grupos formados e, com valor cofenético de 0,72 ($P < 0,01$). Pelo teste de Mantel, o grau de associação entre as matrizes de distâncias genéticas morfoagronômica e molecular foi nulo ($r = 0,10$), o que era previsível devido ao número distinto de grupos, a natureza quantitativa dos descritores e a forma de distribuição dos marcadores SSR no genoma. Portanto, houve ampla variabilidade entre os acessos, entre e dentro dos grupos botânicos, o que possibilita avanços no melhoramento genético nos caracteres de qualidade dos frutos.

Divergência genética de acessos de meloeiro coletados no Nordeste brasileiro obtida por meio de descritores do fruto e marcadores microssatélites

Adicionalmente, ficou demonstrado considerável nível de homozigose, permitindo inferir que o processo de conservação utilizado para manutenção dos acessos, promoveu alterações nas frequências alélicas, o que não é desejável. Por fim, não houve associação entre os descritores dos frutos e os marcadores microssatélites.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, germoplasma, agrupamento, descritores, SSR.

ABSTRACT**Genetic divergence among accessions of melon from traditional agriculture of the Brazilian Northeastern**

The genetic divergence of 38 melon accessions collected from traditional agricultural areas of the Brazilian Northeastern region and three commercial hybrids were evaluated using quantitative fruit descriptors and microsatellite markers (SSR). The melon germplasm evaluated belongs to the botanic varieties *cantaloupensis* (19), *momordica* (7), *conomon* (4), *inodorus* (3) and to eight genotypes that were identified only to species level. The fruit descriptors evaluated were: NPF - number of fruits per plant; MF - fruit average mass (kg); DL - fruit longitudinal diameter (cm); DT - fruit transversal diameter (cm); IF - shape index, based on a DL/DT ratio; EC - cavity thickness (cm); EP - pulp thickness (cm); FP - pulp firmness (N); and SS - soluble solids (°Brix). The 17 SSR polymorphic markers used in molecular divergence analyses were: CMBR7, CMBR12, CMBR21, CMBR27, CMBR40, CMBR56, CMBR64, CMBR83, CMBR90, CMBR92, CMBR95, CMBR100, CMBR105, CMBR115, CMBR140, M176 and CM254. For each dendrogram, the cut-off value for group formation was defined by the average of genetic distances. The results showed high variability for all descriptors, especially for NPF, DL and MF. The grouping analysis based on fruit descriptors produced eight groups, without taxonomic criteria, and with cophenetic value of 0.70 ($P < 0.01$). The characters DL (22.52%), NPF (19.70%), EC (16.13%), and SS (9.57%) were the descriptors that mostly contributed to genotype dissimilarity. The SSR markers amplified 41 alleles with average of 2.41 alleles and three genotypes per locus. Some markers presented high frequency for the main allele and, consequently, a low informative power. The genetic diversity or expected heterozygosity, ranged from 0.07 to 0.60, with mean value of 0.40. However, the observed heterozygosity had very low values, ranging from 0.00 to 0.29, with mean value of 0.09. The estimative for polymorphism information content (PIC) ranged from 0.07 to 0.54, with mean of 0.32. Molecular phylogenetics analyses clustered the accessions in 13 groups, also not following taxonomic ranks, and with cophenetic value of 0.72 ($P < 0.01$). Based on Mantel test, there was no association between morphoagronomic and molecular distance matrixes ($r = 0.10$), which was predictable due to distinct number of groups, the quantitative nature of descriptors, and the distribution of the SSR markers in the genome. Hence, there was great variability among the accessions, among and within botanic groups, which allows advances in breeding programs for fruit quality characters. A considerable homozygosity level was also demonstrated, suggesting that the process of conservation used for accessions maintenance promoted modifications of the allele frequencies, which is undesirable. In conclusion, there was no association between fruit descriptors and microsatellite markers.

Key words: *Cucumis melo*, germoplasm, cluster, descriptors, SSR.

O melão cultivado (*Cucumis melo* L.; $2n = 2x = 24$) é uma hortaliça de grande importância econômica, morfológicamente bastante diversa e pertencente à família Cucurbitaceae, a qual inclui várias outras culturas importantes, como pepino, melancia, abóbora e moranga (Kirkbride, 1993). A atual produção mundial supera 28 milhões de toneladas, sendo a China o principal país produtor, com metade da produção mundial, seguida por Turquia, Irã, Espanha e Estados Unidos. Nas últimas quatro décadas, em nível mundial, a produção de melão aumentou em mais de 40%, em cada década (FAO, 2010).

No Brasil, a área plantada passou de 7,80 mil hectares, em 1990, para 22,05 mil hectares, em 2007, havendo crescimento da produção e da produtividade, (Tabela 1). Em 2007, foram produzidas 495 mil toneladas, com um valor de produção de R\$ 316 milhões, estando a produção brasileira concentrada no Nordeste (95,8%) (IBGE, 2010). Em 2009, o melão passou a ser a fruta brasileira mais exportada, tendo Estado do Ceará como seu maior produtor e exportador.

O Nordeste brasileiro dispõe de várias espécies de cucurbitáceas, dentre elas o melão, introduzidas há séculos por escravos e imigrantes (Romão, 1995). Essas espécies são muito cultivadas pelos agricultores de sequeiro em pequenas propriedades rurais, originando diversas cultivares tradicionais (Queiroz, 1993). Desse modo, é importante a conservação e preservação desse excelente reservatório de alelos, já que a caracterização e a avaliação são fundamentais ao manejo e uso do germoplasma.

O melão é uma espécie polimórfica com variações nos caracteres da planta, folhas, flores e frutos, que, inicialmente, foi subdividida em dez grupos ou variedades botânicas por Naudin (1859) e, mais recentemente, reclassificada em sete grupos hortícolas por Munger & Robinson (1991). Dois desses grupos, *cantalupensis* e *inodorus*, despertam grande interesse comercial, principalmente devido ao sabor de sua polpa (McCreight *et al.*, 1993). Ademais, dentre estes dois grupos de importância econômica, há tanta variação na morfologia dos frutos que permite seu agrupamento em tipos específicos do mercado, tais como: Cantaloupe, Gália e Charentais

(*cantaloupensis*) e, Amarelo, Pele de Sapo e *Orange Fresh (inodorus)*. Deste modo, fica evidente a grande variabilidade genética disponível no germoplasma de melão.

A avaliação desta variabilidade genética é importante não só para a organização e conservação de seus recursos genéticos, mas também para aplicações práticas, tais como ampliação da base genética e exploração da heterose. Aumentar a base genética é uma grande preocupação em espécies nas quais as práticas de endogamia resultaram na perda de diversidade genética (Graham *et al.*, 1996), um processo que poderia ser responsável pela falta de êxito em novas combinações híbridas. Por outro lado, como a heterose parece estar relacionada à divergência genética dos parentais (Sekhon & Upta 1995), informações sobre a similaridade genética entre genótipos de espécies de importância agrônômica pode também facilitar a previsão dos cruzamentos que irão produzir híbridos com melhor desempenho.

O melhoramento do melão é norteado, principalmente na hibridação de cultivares ou linhagens para gerar populações segregantes, das quais são extraídas linhagens superiores. Desse modo, estudos sobre divergência genética têm grande importância na identificação de genitores que, quando cruzados entre si, aumentem a possibilidade de seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes (CRUZ *et al.*, 1994). Além disso, o estudo da divergência genética tem importância para o melhoramento, por aumentar a probabilidade do avanço no progresso genético (CUI *et al.*, 2001). O cruzamento entre genitores mais divergentes resulta em maior variabilidade na população segregante, e conseqüentemente, maior probabilidade de se obter combinações alélicas favoráveis (Souza *et al.*, 2005).

A divergência genética tem sido estimada por distintas técnicas de análise multivariada (Benin *et al.*, 2003), incluindo análises de componentes principais, variáveis canônicas e métodos aglomerativos (Cruz & Regazzi, 1997). A escolha do método mais adequado depende dos objetivos do pesquisador, da facilidade da análise e da forma como os dados são obtidos (CRUZ *et al.*, 1994). Assim, o uso de métodos altamente discriminatórios para a identificação e caracterização de genótipos é

essencial para programas de melhoramento e, até para a proteção de cultivares (Cruz, 1990). A utilização de técnicas multivariadas em estudos da divergência genética tem auxiliado na seleção de parentais, em várias culturas (Escribano & Lázaro, 2009).

Essa diversidade genética entre indivíduos ou populações pode ser determinada por meio de marcadores morfológicos e moleculares. Contudo, nesse sentido, os caracteres fenotípicos têm uma importância limitada, uma vez que são geralmente influenciados por fatores ambientais e estágio de desenvolvimento da planta e, porque, em algumas espécies, níveis adequados de polimorfismo fenotípico não estão disponíveis (Tatineni *et al.*, 1996), o que não é o caso do melão. Todavia, estes métodos morfológicos são essenciais às avaliações dos recursos genéticos, necessários aos estudos iniciais da diversidade e importantes na identificação de cultivares tradicionais (Konopka & Hanson, 1985). Por outro lado, os marcadores moleculares, com base na sequência de DNA, independem das condições ambientais e apresentam altos níveis de polimorfismo (Staub *et al.*, 1996).

Desde a década passada, o uso de marcadores moleculares tem possibilitado estudos de polimorfismo do DNA para o mapeamento genético, seleção assistida no melhoramento de plantas, investigação de parentesco genético, filogenia e divergência genética (De Benendetti *et al.*, 2001). Desse modo, marcadores moleculares são ferramentas que facilitam o estudo de diversas áreas da biologia, por exemplo, na identificação de cultivares, evolução e genética de populações e nas análises de características quantitativas em genética de populações (Deleu *et al.*, 2009; Fernández-Silva *et al.*, 2009; Ritschel *et al.*, 2004), com grandes oportunidades de utilização no melhoramento genético de distintas culturas, tais como: feijão “de corda” (Tantasawat *et al.*, 2010), brócolis (Lu *et al.*, 2009), tomate (Mazzucato *et al.*, 2010), melancia (Djé *et al.*, 2010) e melão (Errera-Vasquez *et al.*, 2010).

Dentre os marcadores, os microssatélites possibilitam ampla utilização nos programas de melhoramento. A disponibilidade e abundância desses marcadores ao longo do genoma das plantas, sua natureza polimórfica e codominante e por serem

baseados na reação em cadeia da enzima polimerase (PCR) os fazem bastante úteis em estudos de diversidade genética (Ferreira & Gratapaglia, 1998).

Diante do exposto, este trabalho tem por objetivo estudar a magnitude da divergência genética entre os 38 acessos de melão oriundos do Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas da Embrapa Semi-Árido e três híbridos comerciais tanto por meio dos descritores do fruto quanto por marcadores microssatélites.

MATERIAL E MÉTODOS

1 Germoplasma

Foram avaliados 38 acessos de meloeiro oriundos do Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, localizado na Embrapa Semi-Árido (CPATSA) em Petrolina-PE, e três cultivares comerciais, totalizando 41 genótipos, os quais foram caracterizados morfoagronomicamente por Torres Filho (2008), nos anos de 2006 e 2007, utilizando os descritores publicados pelo IPGRI (2003) para semente, planta, folha, flor e fruto, na Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró-RN.

2 Obtenção de material vegetal

Em casa de vegetação, foram semeadas dez sementes de cada genótipo estudado em bandejas plásticas de 150 células, preenchidas com substrato comercial para germinação Plantmax®. Dez dias após o semeio, cinco mudas foram transplantadas para cinco vasos plásticos com capacidade para cinco litros, preenchidos com substrato de coco verde, com 50% de fibra e 50% de pó. As plantas foram fertirrigadas diariamente com solução nutritiva (Souza, 2004) e foram mantidas por 20 dias no vaso, para garantir a retirada de folhas jovens, apropriadas para a extração de

DNA. Esta etapa foi conduzida na sede da Embrapa Agroindústria Tropical, em Fortaleza-CE, durante o primeiro semestre de 2009.

3 Extração de DNA genômico

Com algumas adaptações, foi utilizado o protocolo de extração de DNA genômico proposto (Ferreira & Gratapaglia, 1998), da seguinte forma: (1) foram colocadas 200 mg de tecido de folhas jovens dos 41 acessos de meloeiro em tubos *ependorf*, as quais foram maceradas com nitrogênio líquido até se obter um pó fino; (2) foram adicionados 700 µL de tampão de extração (CTAB, 2%, 1,4 NaCl, 20mM EDTA, 100mM Tris-HCl pH 8,0, PVP, 1,0%, β-mercaptoetanol 0,2%); (3) os tubos homogeneizados no vórtex e incubados a 65°C em banho maria por 30 minutos, sendo agitados a cada dez minutos; (4) numa capela de fluxo laminar, foram adicionados 600 µL de clorofórmio-álcool isoamílico (24:1); (5) os tubos foram agitados, invertendo-os no mínimo 20 vezes, durante cinco minutos; (6) as amostras foram centrifugadas a 13.000 rpm por cinco minutos; (7) os tubos foram cuidadosamente retirados da centrifuga, evitando-se a mistura da fase superior com a camada inferior; (8) as fases superiores foram transferidas para novos tubos com o auxílio de uma pipeta de 200 µL; (9) às amostras foram adicionados 400 µL de isopropanol (-20°C) e permaneceram armazenadas a -20°C, por uma hora; (10) as amostras foram centrifugadas a 7000 rpm por 5 minutos e o sobrenadante foi descartado com cautela; (11) os *pellets* foram lavados duas vezes em etanol 70% durante por 5 minutos cada e uma vez com etanol absoluto durante 3 minutos e secos em câmara de fluxo laminar; (12) os *pellets* foram ressuspendidos em 50 µL do tampão TE, adicionados 2µL RNase (10 µg/ml). Para a digestão com a RNase as amostras foram incubadas a 37°C por uma hora; e (13) por fim, as amostras foram armazenadas em refrigerador, a -20°C.

Posteriormente, todo o DNA obtido foi quantificado por meio de um espectrofotômetro NanoDrop® 8000, o qual determina a concentração e a pureza do

DNA. Após a quantificação, o DNA foi diluído para uma concentração de 3 ng/μl, adequada às reações de amplificação por PCR.

Todo o processo de extração de DNA foi realizado no Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Agroindústria Tropical, em Fortaleza-CE.

4 Reações de amplificação, eletroforese e dados moleculares

As reações de amplificação do DNA vegetal continham 25 μl de volume total e os reagentes foram misturados na forma de coquetel, separadamente do DNA genômico. Cada reação continha 0,25 mM de dNTP; 0,3 mM do *primer*; tampão PCR (10 mM Tris-HCl a pH 9); 1,5 μM de MgCl₂; 1 unidade de Taq DNA polimerase; 10 ng de DNA genômico e água milliQ estéril, para completar o volume da reação. Foram utilizados 25 *primers* polimórficos do trabalho de Ritschel *et al.* (2004), que desenvolveu marcadores SSR para caracteres de qualidade de frutos do meloeiro.

Em cada reação foi adicionado óleo mineral, para evitar evaporação durante o processo de PCR. O programa utilizado no termociclador consistia de 4 minutos a 94°C para desnaturação inicial do DNA, seguido por 30 ciclos de amplificação, os quais foram compostos por: (1) desnaturação do DNA, durante um minuto a 94°C; (2) anelamento do iniciador, durante um minuto a 50-58°C (dependendo do iniciador); (3) amplificação do DNA, durante um minuto a 72°C. Em seguida, foi realizada a etapa de extensão final do DNA com duração de sete minutos a 72°C. A reação de PCR foi realizada em um termociclador modelo MJ Research Thermocycler PTC®.

Os produtos das amplificações foram submetidos a géis contendo 4% de poliacrilamida e ureia 7 M, em tampão TBE 1X, com dimensões de 20 cm x 34 centímetros x 0,4 mm. Para corrida nos géis, foi utilizado um aparelho de eletroforese modelo GIBCO/BRL S42 (Promega, Madison, WI). A eletroforese foi realizada a 45 W de potência constante e a visualização dos géis foi obtida por nitrato de prata. A partir da visualização de bandas foram obtidos os dados moleculares, considerando os

marcadores polimórficos e os seus respectivos alelos, considerando a presença ou ausência de bandas e os tamanhos dos fragmentos de DNA, em cada loco.

As etapas de amplificação por PCR, eletroforese e obtenção dos dados moleculares foram realizadas no Laboratório de Marcadores Moleculares da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em Brasília-DF.

5 Análises Estatísticas

Para o estudo de divergência com base nos caracteres do fruto, foram utilizados apenas nove descritores quantitativos dos frutos, do trabalho de Torres Filho (2008), que estudou a caracterização e o descarte de caracteres, considerando 23 descritores do meloeiro. Foi possível utilizar este conjunto de dados porque as plantas do trabalho de Torres Filho (2008) são oriundas do mesmo lote de sementes utilizado para extração do DNA, neste trabalho. Os conjuntos de dados morfológicos e moleculares foram usados para o estudo de divergência genética, no presente trabalho.

As características avaliadas foram: NFP: número de frutos por planta; MF - massa do fruto (kg); DL: diâmetro longitudinal do fruto (mm), medido com paquímetro; DT: diâmetro transversal do fruto (mm), medido com paquímetro; IF: índice de formato (DL/DT); EP - espessura da polpa (mm), medida com paquímetro; EC - espessura da cavidade (mm), medida com paquímetro; FP - firmeza da polpa do fruto (N), medida com penetrômetro; e SS - sólidos solúveis (°Brix), medido com refratômetro digital. Para todas as características, foi considerada a média de cinco frutos escolhidos aleatoriamente na parcela, em plantas distintas.

Foram estimadas as matrizes de médias e covariâncias residuais, das quais foram estimadas as distâncias genéticas dos acessos com base na distância generalizada de Mahalanobis como medida de distância genética e gerado o dendograma pelo método da Ligação Média entre Grupos (UPGMA). A contribuição relativa dos

descritores para divergência genética foi estimada pelo método de Singh (1981). Todas essas análises foram realizadas utilizando o programa Genes (Cruz 2001).

A partir dos dados moleculares foi estimada a informatividade dos locos SSR de melão, por meio das medidas de diversidade de marcador polimórfico, como segue: (1) número e frequência de observações, dados pelo número de genótipos com pelo menos dois alelos e pelo percentual sob o total de indivíduos avaliados; (2) número de alelos observado para cada marcador; (3) número de genótipos observados em cada loco; (4) frequência do alelo predominante; (5) diversidade genética, também conhecida como heterozigosidade esperada; (6) heterozigosidade; e, (7) PIC - conteúdo médio de informação polimórfica. Adicionalmente, foi gerada a matriz de distâncias genéticas pelo método de Nei (1972) como medida de distância genética e, gerado o dendograma pelo método da Ligação Média entre Grupos (UPGMA). Para esses procedimentos foi utilizado o programa PowerMarker® (Iu & Muse, 2005).

A eficiência de ambos os dendogramas, oriundos das matrizes de distâncias genéticas morfológicas e moleculares, foi avaliada por meio do coeficiente de correlação cofenética, pelo teste de Mantel (Mantel, 1967), o qual observa a concordância entre as matrizes de dissimilaridade original e o agrupamento UPGMA. Para o agrupamento, foi considerada a média geral das distâncias genéticas entre acessos de cada dendograma, como ponto de corte. Também se utilizou o programa Genes (Cruz, 2001) nesses procedimentos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

1 Divergência genética morfoagronômica

Foi observada grande variação na cor da casca e da polpa, com predominância de casca de cor amarela, seguida pela cor branca e pela cor verde (Figura 1A e B). O acesso A.39 (*cantaloupensis*) apresentou casca de cor creme, enquanto que o acesso A-

32 (*momordica*) possui casca de tipo rajada em verde e amarela. Quanto à cor da polpa, a maioria apresentou cor branca, seguida pela cor salmão e pela cor branco-esverdeada e, três acessos tinham cor de polpa verde. Escribano & Lázaro (2009), avaliando 28 acessos de melões coletados na Espanha, encontraram maior variação na cor da polpa, inclusive observando uma segunda cor na polpa de alguns acessos.

Os acessos diferiram quanto ao número de frutos por planta, que foi o descritor mais variável entre os avaliados. Os acessos A-16, A-17 (*conomon*) e A-15 (*momordica*) foram os mais prolíficos, com 11,4; 7,3 e 6,9 frutos por planta (Tabela 1). Em um estudo de divergência genética com linhagens de três variedades botânicas de *Cucumis*, também foi uma linhagem do grupo *momordica* que apresentou o maior número de frutos por planta (Paiva, 2002).



Figura 1. Variação na cor da casca e na cor da polpa dos frutos de alguns acessos de meloeiro. Mossoró-RN, UFERSA, 2008. (Fotos: José Torres Filho).

Quanto ao peso médio do fruto, embora A-32 (*momordica*) e A-12 (não definido) também tenham obtido frutos com peso inferior a 1,0 kg, o predomínio foi da variedade botânica *conomon* (A-9, A-11, A-16, A-17). Os acessos A-34 (*cantaloupeensis*) e A-35 (não definido) foram os únicos com peso médio dos frutos superior a 2,0 kg. Avaliando grupos de acessos de melão da Hungria e Turquia,

Tabela 1. Descritores dos frutos dos acessos/cultivares de meloeiro caracterizados por Torres Filho (2008), em 2006/07. Mossoró-RN, UFERSA.

Acesso	GB	CC	CP	NFP	MF	DL	DT	IF	EP	EC	FP	SS
A.01	<i>cantaloupenis</i>	ve	sa	2,4	1,5	19,5	13,2	1,5	2,9	7,4	24,0	5,8
A.02	<i>cantaloupenis</i>	am	br	5,2	1,4	26,2	10,9	2,4	2,7	5,4	17,8	4,5
A.03	<i>cantaloupenis</i>	ve	bv	1,6	1,4	19,1	11,9	1,7	3,0	6,1	29,3	5,9
A.04	<i>cantaloupenis</i>	am	sa	1,9	1,3	17,4	11,9	1,5	2,4	6,8	32,0	5,9
A.05	nd	ve	br	4,0	1,3	21,0	10,4	2,0	2,7	5,2	18,2	5,4
A.06	<i>cantaloupenis</i>	am	sa	1,5	1,8	21,5	12,7	1,7	3,2	6,3	23,6	6,0
A.07	<i>cantaloupenis</i>	am	sa	2,4	1,3	18,5	11,9	1,6	3,0	5,7	22,7	6,5
A.08	nd	br	br	1,7	1,3	18,8	12,0	1,6	3,2	5,5	26,7	6,9
A.09	<i>conomon</i>	am	br	4,0	0,6	16,1	8,4	1,9	2,2	4,5	23,1	5,8
A.11	<i>conomon</i>	br	br	5,9	0,7	14,8	9,1	1,6	2,2	4,7	25,8	6,8
A.12	nd	am	br	4,7	0,6	16,0	8,4	2,0	2,0	4,5	28,0	5,9
A.13	<i>cantaloupenis</i>	ve	ve	2,3	1,0	16,4	10,6	1,5	2,3	6,0	35,1	6,5
A.14	<i>cantaloupenis</i>	am	bv	1,6	1,5	20,0	12,5	1,7	2,6	7,0	22,2	6,2
A.15	<i>momordica</i>	br	br	6,9	1,2	24,2	12,9	2,0	2,6	5,2	16,4	4,7
A.16	<i>conomon</i>	am	br	11,4	0,4	11,6	7,6	1,5	2,0	3,7	40,9	4,1
A.17	<i>conomon</i>	am	br	7,3	0,6	15,1	8,8	1,7	2,1	4,7	26,7	8,0
A.18	<i>cantaloupenis</i>	am	br	4,4	1,1	19,2	10,6	1,9	2,7	5,3	18,7	5,6
A.19	nd	br	br	2,2	1,6	15,0	13,3	1,1	3,4	6,4	20,0	6,7
A.22	<i>cantaloupenis</i>	ve	ve	2,0	1,5	20,8	11,9	1,8	2,9	6,0	23,1	6,3
A.23	<i>momordica</i>	br	br	4,8	1,1	22,3	10,5	2,1	2,3	6,0	30,7	6,1
A.24	<i>cantaloupenis</i>	am	sa	3,2	1,1	21,0	10,8	1,9	2,6	5,5	26,7	6,7
A.25	<i>cantaloupenis</i>	am	sa	1,6	1,9	20,1	13,4	1,6	3,0	7,3	18,7	6,6
A.26	nd	br	br	2,2	1,9	22,4	13,5	1,7	3,5	6,6	17,3	6,6
A.27	nd	br	sa	1,9	1,6	19,9	9,6	1,6	2,5	4,4	16,4	3,8
A.28	<i>cantaloupenis</i>	ve	sa	2,3	1,8	23,9	13,1	1,8	5,6	6,9	32,0	6,5
A.29	<i>cantaloupenis</i>	ve	bv	4,1	1,1	17,7	10,9	1,6	2,5	5,8	27,1	7,3
A.30	<i>momordica</i>	br	br	1,9	1,9	19,5	13,7	1,5	3,0	7,0	21,3	6,3
A.31	<i>cantaloupenis</i>	am	ve	4,3	1,3	23,6	11,2	2,1	2,5	6,0	19,6	5,0
A.32	<i>momordica</i>	rj	br	6,7	0,7	15,5	9,3	1,6	2,1	5,1	21,3	7,4
A.33	nd	am	br	2,2	1,7	20,0	13,4	1,5	2,5	8,4	28,0	6,1
A.34	<i>cantaloupenis</i>	am	sa	0,9	2,1	21,2	15,2	1,4	3,2	9,0	24,0	6,1
A.35	nd	ve	sa	3,2	2,4	30,2	13,6	2,3	3,3	6,9	21,8	4,9
A.36	<i>cantaloupenis</i>	ve	br	4,8	1,6	27,8	11,1	2,5	2,9	5,2	24,0	3,5
A.37	<i>momordica</i>	br	br	3,8	1,0	17,7	10,8	1,6	2,9	5,2	25,8	6,2
A.38	<i>momordica</i>	ve	br	4,5	1,3	24,0	10,5	2,3	2,7	5,1	17,8	4,2
A.39	<i>cantaloupenis</i>	cr	br	4,2	1,0	23,6	9,6	2,5	2,2	5,0	24,0	3,3
A.41	<i>cantaloupenis</i>	br	br	1,8	1,2	15,6	12,6	1,3	3,5	5,7	21,8	7,1
A.42	<i>momordica</i>	br	br	2,7	1,6	22,7	12,3	1,9	2,8	6,5	20,4	5,7
A.43 - 'HDRF'	<i>inodorus</i>	br	sa	1,3	1,1	13,3	12,2	1,1	3,4	5,2	36,9	10,1
A.44 - 'Mandacaru'	<i>inodorus</i>	am	br	1,6	1,4	15,4	13,6	1,1	3,8	5,8	35,1	8,5
A.45 - 'Vereda'	<i>inodorus</i>	am	br	1,5	1,3	15,9	10,4	2,0	3,7	5,9	24,0	8,1
Máximo				13,3	4,1	34,0	21,3	4,3	12,8	10,7	13,0	11,6
Mínimo				0,3	0,3	10,8	3,8	0,9	1,7	3,5	1,4	2,8
CV(%)				62,4	34,1	38,8	21,5	15,6	28,3	21,7	22,9	23,3

Nd: não definido na caracterização. ve: verde; am: amarelo; br: branco; rj: rajada; cr: creme; sa: salmão; bv: branco-esverdeada. GB: grupo botânico; CC: cor da casca; CP: cor da polpa; NFP: número de frutos por planta; MF: massa média do fruto(kg); DL: diâmetro longitudinal do fruto (cm); DT: diâmetro transversal do fruto (cm); IF: índice de formato (DL/DT); EC: espessura da cavidade (cm); EP: espessura da polpa (cm); FP: firmeza da polpa (N); SS: sólidos solúveis (°Brix).

Szamosi *et al.* (2010) observaram diferenças para o peso do fruto, dentro de cada grupo de germoplasma, todavia, não houve distinção entre os grupos.

De modo geral, os acessos apresentaram ampla variabilidade quanto ao índice de formato, com formatos de ovais a compridos, que refletem a variabilidade encontrada nos diâmetros longitudinal e transversal (Figura 1A). Extensa variação para comprimento e largura de fruto de melão tem sido observada na literatura (Szamosi *et al.*, 2010; Escribano e Lázaro, 2009; López-Sesé *et al.*, 2003; Stepansky *et al.*, 1999). Além disso, Monforte *et al.* (2005) encontraram variações na heterose dos caracteres diâmetros longitudinal e transversal e índice de formato do fruto, trabalhando com acessos oriundos da África, Ásia e Europa.

Os acessos também variaram para espessura da polpa, com amplitude de 4,3 cm e destaque absoluto para o acesso A-28 (*cantaloupensis*), com espessura *superior a cinco centímetros*. De modo contrário, os acessos A-12 (*não definido*) e A-16 (*conomon*) obtiveram a menor média, com apenas 2,0 cm de polpa.

Quanto à espessura da cavidade, os acessos A.16 e A.27 (*não definidos*) apresentaram as melhores médias, 3,7 e 4,4, respectivamente. Os acessos A.33 (*não definido*) e A.34 (*cantaloupensis*) apresentaram as maiores médias, com pelo menos 8,4 cm. De modo contrário, Paris *et al.* (2008) não observaram diferenças significativas para espessura da cavidade de linhagens e famílias, mesmo partindo de parentais contrastantes.

Os acessos A-4, A-13, A-28 (*cantaloupensis*) A-16 (*conomon*), A-43 e A-44 (*inodorus*) apresentaram firmeza da polpa acima de 30 N, sendo os menores valores observados nos acessos A-15 (*momordica*) e A-27 (*não definido*), com médias de 16,4 N. Quanto aos sólidos solúveis, os acessos mostraram valores muito baixos para este descritor, para o qual as estimativas variaram de 3,3 a 8,0 °Brix, diferente dos híbridos, que obtiveram valores acima de 8,0 °Brix. Valores semelhantes foram observados por Szamosi *et al.* (2010) e Monforte *et al.* (2005). Entretanto, foram inferiores às medidas feitas por López-Sesé *et al.* (2003) e Hosoki *et al.* (1990). Resultados divergentes para

os sólidos solúveis do fruto de melão estão associados à natureza quantitativa deste caractere (Monforte *et al.*, 2004), fortemente influenciado pelo ambiente.

Portanto, a caracterização dos acessos avaliados com base nos descritores do fruto (Tabela 1) mostrou grande variabilidade, inclusive dentro de um mesmo grupo botânico, o que está de acordo com relatos de polimorfismos da espécie *Cucumis melo* (Escribano & Lázaro, 2009; Nakata *et al.*, 2005; Staub *et al.*, 2004). Vale ressaltar que estes métodos morfológicos, base da sistemática tradicional, são insubstituíveis na avaliação dos recursos genéticos e necessários para avaliação inicial da diversidade e da identificação precisa de cultivares tradicionais (Konopka & Hanson, 1985).

A análise de agrupamento a partir dos descritores do fruto, formou oito grupos de acessos (Figura 2). No primeiro grupo, o maior de todos, predominaram acessos da variedade *cantaloupensis* e incluiu: A.01, A.14, A.25, A.03, A.07, A.22, A.06, A.04, A.13 e A.41 (*cantaloupensis*); A.30 e A.42 (*momordica*); A.45 (*inodorus*) e A.08, A.26 e A.19 (não definidos). O segundo grupo incluiu apenas o acesso A.28 (*cantaloupensis*), que se destacou por elevada espessura de polpa. O terceiro grupo incluiu os acessos A.33 (não definido) e A.34 (*cantaloupensis*), os quais apresentam as piores cavidades, com média acima de oito centímetros. Quanto aos grupos botânicos de *Cucumis melo*, o quarto foi o grupo mais heterogêneo, com os seguintes acessos: A.18, A.24 e A.29 (*cantaloupensis*); A.09, A.11 e A.17 (*conomon*); A.32 e A.37 (*momordica*); A.05 e A.12 (não definidos). No quinto grupo, foram incorporados dois híbridos comerciais A.43 (HDRF) e A.44 (Mandacaru), ambos da variedade botânica *inodorus*. No sexto grupo, também houve predomínio da variedade *cantaloupensis* e incluiu sete genótipos: A.02, A.31, A.36 e A.39 (*cantaloupensis*); A.15 e A.38 (*momordica*) e A.35 (não definido). O sétimo grupo envolveu apenas o acesso A.27 (não definido), que se diferenciou por apresentar a polpa menos firme, segunda melhor cavidade e baixo conteúdo de sólidos solúveis. Por fim, no último grupo, o acesso A.16 (*conomon*) se destacou por sua elevada prolificidade e alta firmeza de polpa.

A falta de coerência observada no agrupamento dos acessos de um mesmo grupo botânico neste trabalho é semelhante aos resultados de Escribano & Lázaro (2009) e está associada à natureza quantitativa dos caracteres, devido à influência ambiental. Além disso, descritores morfológicos dividiram 29 acessos de melão das variedades *inodorus*, *flexuosos* e *dudaim* em oito grupos, também sem associação com o tipo taxonômico (Soltani *et al.*, 2010).

O agrupamento do dendograma (Figura 2) obteve valor cofenético de 0,70, o que é alto, pois r acima de 0,56 é considerado adequado por refletir boa concordância com os valores de similaridade genética (Vaz Patto *et al.*, 2004).

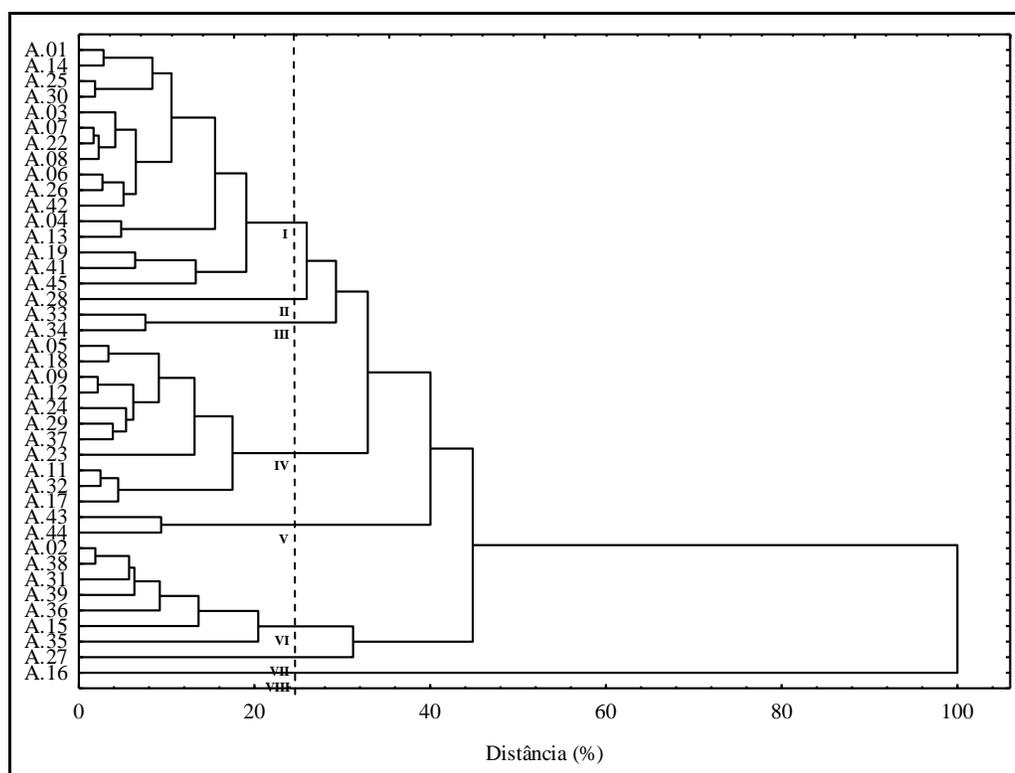


Figura 2. Análise de agrupamento dos 41 genótipos de melão por meio dos descritores do fruto, obtida pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância de Mahalanobis. CNPAT/UFERSA, Fortaleza, 2010.

A análise da contribuição relativa de cada característica para a expressão da divergência genética por meio do método de Singh (1981), indicou que os caracteres diâmetro lateral (22,52%), número de frutos por planta (19,70%), espessura da cavidade (16,13%) e sólidos solúveis (9,57%), foram os descritores que mais contribuíram para a divergência entre os 41 genótipos de meloeiros avaliados, explicando 70,61% da dissimilaridade total (Tabela 2).

Tabela 2. Estimativas da contribuição relativa de cada caractere (S.j) para diversidade pelo método de Singh, utilizando as distâncias generalizadas de Mahalanobis.

Característica	S.j	Contribuição relativa (%)
DL	6129,62	22,52
NFP	5363,29	19,70
EC	4391,37	16,13
SS	2604,79	9,57
DT	2410,77	8,86
MF	2207,09	8,11
FP	1879,26	6,90
IF	1542,75	5,67
EP	690,69	2,54
Total		100,00

NFP: número de frutos por planta; MF: massa média do fruto, em kg; DL: diâmetro longitudinal do fruto, em cm; DT: diâmetro transversal do fruto, em cm; IF: índice de formato; EC: espessura da cavidade, em cm; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em kgf; SS: sólidos solúveis, em °Brix.

Os caracteres diâmetro lateral e número de frutos por plantas apresentaram os maiores coeficientes de variação. Embora a espessura da cavidade e os sólidos solúveis apresentem muitos valores em torno da média, os extremos definiram uma grande amplitude. Em um estudo de divergência genética com linhagens de melões dos grupos botânicos *cantaloupeensis*, *inodorus* e *momordica* os sólidos solúveis também foi um dos caracteres que mais contribuiu para diferenciação dos genótipos (Paiva, 2002).

No caso da cultura do melão, os descritores mais importantes são aqueles relacionados à produção e à qualidade dos frutos. A cultivar ideal dessa cucurbitácea precisa ter, pelo menos, alta produtividade (superior a 25 t.ha⁻¹), tamanho do fruto adequado às preferências do mercado para cada tipo de melão, elevada firmeza de

polpa, característica relacionada ao tempo de vida útil pós-colheita, e elevado teor de sólidos solúveis, principal descritor da qualidade do meloeiro (Nunes *et al.*, 2006).

Verifica-se que houve ampla variabilidade entre os acessos coletados para os descritores de fruto, entre e dentro dos grupos botânicos identificados, o que permite avanços no melhoramento em caracteres de qualidade aos frutos do meloeiro.

2 Divergência genética molecular

Dentre os 25 marcadores microssatélites utilizados 17 SSR foram polimórficos para o grupo de genótipos avaliados, o que pode ser considerado um percentual alto. Szabó *et al.* (2005), por exemplo, detectaram polimorfismo em apenas oito de 20 marcadores microssatélites avaliados. Todavia, este alto nível de polimorfismo dos marcadores era esperado, haja vista que os mesmos foram escolhidos dentre os marcadores polimórficos desenvolvidos no trabalho de Ritschel *et al.* (2004), que desenvolveram marcadores SSR para caracteres de qualidade de frutos do meloeiro. Informações importantes para confecção dos marcadores e reprodução das reações de PCR dos 17 marcadores microssatélites, tais como: unidade repetitiva, tipo, sequências *forward* e reversa, temperatura de anelamento e tamanho esperado do fragmento, encontram-se na Tabela 3.

Os 17 pares de marcadores polimórficos amplificaram 41 alelos nos 41 acessos/cultivares avaliados, com média de 2,41 alelos e três genótipos por loco SSR, o que é baixo, pois Szabó *et al.* (2005) avaliaram 47 acessos com oito marcadores SSR polimórficos e amplificaram 40 alelos microssatélites. Do grupo de marcadores polimórficos, seis apresentaram apenas dois alelos e dois genótipos. Embora possa ser considerado baixo, o número de alelos por loco foi superior ao encontrado por Lopes-Sesé *et al.* (2002), que amplificou 19 alelos a partir de 8 marcadores SSR polimórficos.

Staub *et al.* (2000) comparando acessos de melão de distintos grupos botânicos (*cantaloupensis*, *inodorus*, *conomon* e *flexuosus*) utilizaram 17 marcadores SSR, dos

quais somente sete foram polimórficos, mas amplificaram 54 alelos. Adicionalmente, 93 alelos foram detectados em um ensaio que avaliou a divergência de 40 acessos de melão (*cantaloupensis*, *inodorus* e *conomon*), por meio de 25 marcadores microssatélites (Ritschel *et al.*, 2004).

Tabela 3. Loco microssatélite, domínio, tipos de repetições, sequência repetida, temperatura de anelamento e tamanho esperado do fragmento (em pares de bases) dos 17 marcadores microssatélites polimórficos para os 41 genótipos avaliados.

Marcador SSR	Unidade repetitiva	Tipo ¹	Seqüência <i>forward</i> e reversa	T _a (°C) ²	Tamanho esperado ³
CMBR7	(AG) ₃₀	P	5'-AAAATGAATGGGAGTGCGTG-3' 5'-GCCTTCCTTTTCACCATCAA-3'	60	122
CMBR12	(TC) ₁₅	P	5'-AAACAAACATGGAATAGCTTTCA-3' 5'-GCCTTTTGTGATGCTCCAAT-3'	60	134
CMBR21	(TC) ₃₁	P	5'-AGATTCTGGTTGTTGGGCAG-3' 5'-CAGCGATGATCAACAGAAACA-3'	59	230
CMBR27	(TA) ₅ (TC) ₁₆	CP	5'-AAACAAACATGGAATAGCTTTCA-3' 5'-TAGTTGGGTGGGCTAAAGGA-3'	58	242
CMBR40	(CT) ₁₅ T ₃ CT ₂ (CT) ₂	C	5'-CGACAATCACGGGAGAGTTT-3' 5'-TTGTTGCATCAAACAAACAATC-3'	56	153
CMBR56	(CT) ₃ N ₂ (CT) ₁₂ (CCCT) ₂ N ₈ (CT) ₃ (AT) ₃ N ₃ (TC) ₂	C	5'-ACCCAGCAGATGAACAAAC-3' 5'-CAACGTTATGGGGATGAAGG-3'	58	138
CMBR64	(CT) ₂₄	P	5'-ATACAGCAGATCCACAGGGG-3' 5'-ATGGGAGTGTGTGGGATGTA-3'	54	160
CMBR83	(GA) ₂₁ (CA)(GA) ₂	C	5'-CGGACAAATCCCTCTGAA-3' 5'-GAACAAGCAGCCAAAGACG-3'	56	142
CMBR90	(CT) ₃ (CCG) ₂ (CT) ₃ (TC)(CT) ₁₄ (CT)	C	5'-GTACCTCCGCCGTTGATCT-3' 5'-TGAGATAATAAGAAATCCAACCA-3'	56	147
CMBR92	(TA)N(TA) ₂ N ₆ (CT) ₁₃ N ₅ (TG) ₂	C	5'-CAAACATGGAATAGCTTTCAAT-3' 5'-GGTGGGCTAAAGGAACCTTCA-3'	54	232
CMBR95	(CT)N(CT) ₂ N ₂ (CT) ₂₁	C	5'-TTGACCTTTACGGTGGTCC-3' 5'-CGGACAAATCCCTCTGAA-3'	56	117
CMBR100	(TC) ₂₀ N ₁₄ (TC) ₃ (TA) ₄ N ₂ (TC) ₂	C	5'-GGACCAAACCAACCCATTA-3' 5'-ATGGGATGAAGGAGAAAG-3'	56	126
CMBR105	(CT) ₁₂ C(CCT) ₂ (CT)(CCCT)	CP	5'-TGGTAAGCATTGAAATCACTTTT-3' 5'-TTTGTATGTTGGAGGGAA-3'	56	139
CMBR115	(CT) ₂₄	P	5'-AGGGTGGAAAGACCCATG-3' 5'-TGTGAATGTATCTTTTCTGATACTGC-3'	52	151
CMBR140	(CT) ₂₇ (CA) ₂	CP	5'-TGGTCACTGATTGATTGGGTA-3' 5'-TCACAAGGAAAAGAAAAGACC-3'	56	193
M176	(GA) ₁₂	P	5'-TCACAAACCTAACACACAA-3' 5'-TGGGATATTCGGATGAAA-3'	--	109
CM254	(TC) ₂₁	P	5'-ACCAAATAGCCCAAATGTT-3' 5'-TACAGACACGCTCACCTG-3'	--	106

¹/ se refere às repetições do marcador microssatélite, C – composto e P – perfeito; ²/T_a = temperatura de anelamento do iniciador na reação de PCR; ³/ tamanho esperado em pares de bases.

Nos marcadores CMBR64, CMBR100 e CMBR105 a frequência do alelo principal foi superior a 90%, reduzindo o poder informativo do marcador, pois

apresentaram os menores valores de PIC com 0,09; 0,16 e 0,07, respectivamente. O baixo número de alelos favorece o estabelecimento ou fixação de um dado alelo na população (Falconer, 1981).

Por outro lado, a diversidade genética, também chamada de heteroziguidade esperada, variou de 0,07 no marcador CMBR105 a 0,60 no marcador CMBR83 (Figura 3A), com média de 0,40. Desse modo, como estes valores representam a probabilidade de dois alelos escolhidos ao acaso serem distintos, seria esperado baixo nível de homoziguidade entre os acessos.

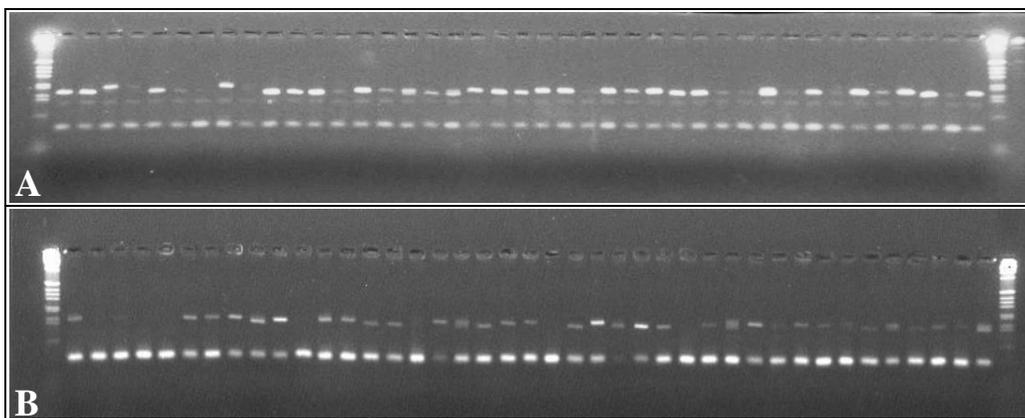


Figura 3. Géis de eletroforese referentes aos marcadores CMBR83(A) e CMBR140(B).

Entretanto, a heteroziguidade, que expressa o percentual de indivíduos heterozigotos, apresentou valores muito baixos, variando de zero para os marcadores CMBR12, CMBR21, CMBR92 e CMBR176 a 0,29 no marcador CMBR56, com média de apenas 0,09. Estes baixos valores estão associados ao baixo número de alelos observado (Tabela 4). Além disso, em alguns genótipos, todos os alelos identificados estavam em homozigose.

Diante da origem dos acessos, a associação da alta frequência média dos alelos principais com a baixa heteroziguidade esperada e muitos *loci* em homozigose indica

que, provavelmente a conservação da coleção de acessos avaliados não está mantendo as frequências alélicas, conduzindo-os à homozigose.

Tabela 4. Medidas descritivas para o estudo da diversidade baseado nos marcadores microssatélites polimórficos em 41 acessos de melão, estimadas pelo programa PowerMarker®.

Marcador	Observações (# / %)	Número de alelos	Número de genótipos	Frequência do alelo principal	Diversidade genética	Heterozigosidade observada	PIC*
CMBR7	41 / 1,00	2	3	0,76	0,37	0,05	0,30
CMBR12	35 / 0,85	2	2	0,54	0,50	0,00	0,37
CMBR21	41 / 1,00	2	2	0,61	0,48	0,00	0,36
CMBR27	41 / 1,00	2	3	0,65	0,46	0,02	0,35
CMBR40	40 / 0,98	3	3	0,75	0,40	0,10	0,35
CMBR56	41 / 1,00	3	4	0,63	0,48	0,29	0,39
CMBR64	41 / 1,00	2	2	0,95	0,09	0,10	0,09
CMBR83	41 / 1,00	3	4	0,54	0,60	0,15	0,54
CMBR90	34 / 0,83	2	3	0,68	0,44	0,12	0,34
CMBR92	36 / 0,88	2	2	0,58	0,49	0,00	0,37
CMBR95	39 / 0,95	2	3	0,68	0,44	0,03	0,34
CMBR100	40 / 0,98	2	2	0,90	0,18	0,20	0,16
CMBR105	41 / 1,00	2	2	0,96	0,07	0,07	0,07
CMBR115	36 / 0,88	3	4	0,50	0,51	0,14	0,40
CMBR140	41 / 1,00	4	6	0,65	0,54	0,07	0,50
M176	40 / 0,98	3	3	0,88	0,22	0,00	0,21
CM254	41 / 1,00	2	3	0,61	0,48	0,20	0,36
Média	39,35 / 0,96	2,41	3,00	0,70	0,40	0,09	0,32

*PIC: conteúdo médio de informação polimórfica.

O valor do PIC, que fornece uma estimativa do poder discriminatório do marcador variou de 0,07 do marcador CMBR105 a 0,54 do marcador CMBR83, com média de 0,32. O marcador CMBR140 (Figura 3B) apresentou o maior número de alelos e genótipos e também foi bastante informativo, apresentando conteúdo médio de informação polimórfica de 0,50. Conforme preconiza Lopes-Sesé *et al.* (2002), pode

ser observado que os valores de PIC tenderam aos valores da diversidade genética na medida em que o número de alelos de um loco SSR aumentou. Portanto, o poder discriminatório do marcador está associado tanto com a frequência quanto com o número dos alelos do mesmo. Adicionalmente, foi calculada a correlação entre número de alelos e PIC, que foi estimada em 0,50 ($P < 0,04$), indicando que marcadores com maior número de alelos apresentam maior poder discriminatório para os genótipos avaliados (Amorim *et al.*, 2009).

A análise filogenética por meio dos 17 marcadores microssatélites polimórficos separou os acessos em 13 grupos (Figura 4). Dentre os grupos, seis apresentaram somente um acesso cada, são eles: primeiro (A.01 - *cantaloupe*), quinto (A.28 - *cantaloupe*), sexto (A.35 - não definido), sétimo (A.43 - *inodorus*), nono (A.09 - *conomon*) e décimo terceiro (A.08 - não definido). O oitavo grupo envolveu apenas dois genótipos: A.44 e A.45 (*inodorus*), ambos híbridos comerciais.

O segundo grupo foi formado pelos acessos A.02 e A.39 (*cantaloupe*), A.42 (*momordica*) e A.05 (não definido). Os acessos A.17 (*conomon*), A.18 (*cantaloupe*) e A.19 (não definido) formaram o terceiro grupo. O décimo grupo englobou os acessos A.11 (*conomon*), A.12 (não definido), A.23 e A.32 (*momordica*) e A.24 e A.31 (*cantaloupe*). No décimo primeiro grupo, predominaram os acessos de *cantaloupe* (A.03, A.04, A.06, A.07, A.13 e A.14) e também inclui o acesso A.27 (não definido). Por fim, A.33 (não definido), A.34 e A.36 (*cantaloupe*) e A.37 e A.38 (*momordica*).

No quarto grupo, uma observação interessante pode ser visualizada com relação à distância genética entre os acessos A.29 (*cantaloupe*) e A.30 (*momordica*), pois a mesma foi zero. Esta estimativa é consequência do mesmo padrão de bandas apresentado por ambos os acessos para todos os marcadores polimórficos. Esse poderia ser um típico caso de duplicação de acessos, todavia, as plantas são diferentes, inclusive, pertencem a grupos botânicos distintos. O quarto foi o maior

grupo e ainda incluiu os acessos A.15 (*momordica*), A.16 (*conomon*), A.22, A.25 e A.41 (*cantaloupensis*) e A.26 (não definido).

Portanto, pela formação de grupos, pode-se observar que não houve associação com a classificação botânica dos acessos. As exceções ficaram por conta do oitavo grupo, que envolveu apenas dois híbridos comerciais, e do décimo primeiro grupo, nos quais seis dos sete acessos agrupados são da variedade botânica *cantaloupensis*.

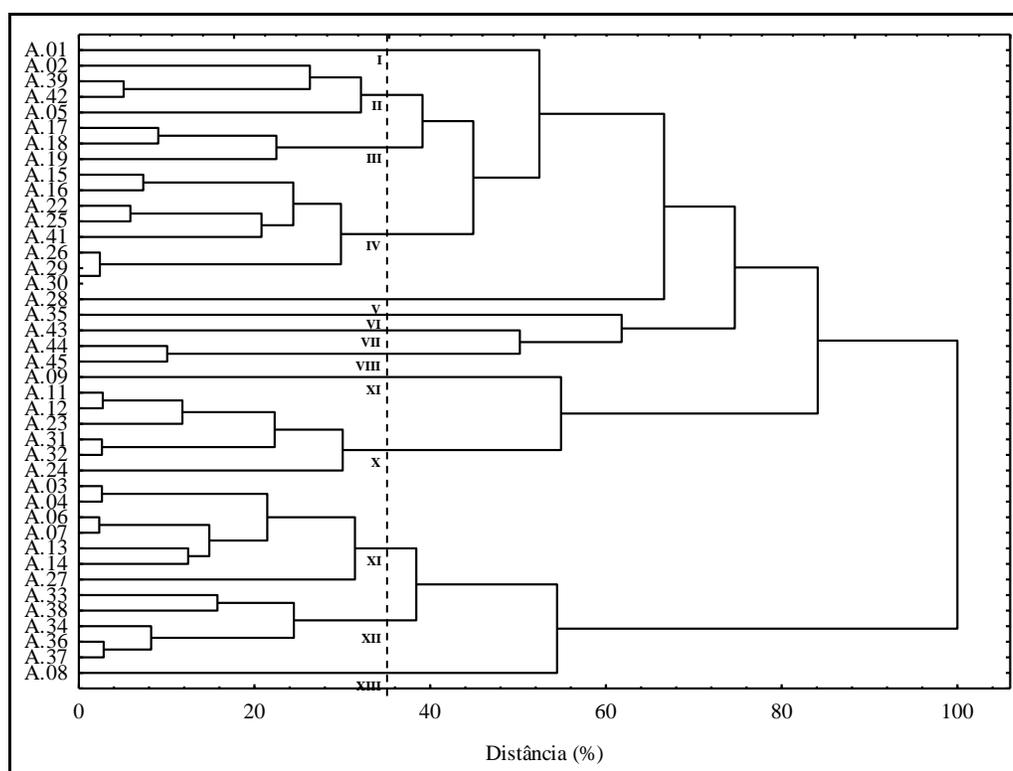


Figura 4. Análise de agrupamento dos 41 acessos de melão por meio dos marcadores microssatélites, obtida pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância de Nei. CNPAT/CENARGEN, Fortaleza, 2010.

Staub *et al.* (2000) avaliaram a divergência genética por meio de marcadores RAPD e SSR e também agruparam melões de um mesmo grupo botânico em diferentes

grupos, juntamente com acessos de outros grupos botânicos. De modo contrário, 80 acessos de melões oriundos de diversas regiões do mundo foram agrupados de acordo com a origem, por meio do uso de 32 marcadores RAPD (Luan *et al.*, 2008). Ademais, Garcia *et al.* (1998) utilizando marcadores moleculares e caracteres agronômicos agruparam, perfeitamente, 32 linhagens, de acordo com sete tipos varietais.

Do mesmo modo que o agrupamento com base em descritores do fruto, o agrupamento feito a partir de marcadores microssatélites obteve um valor cofenético de 0,72 ($P < 0,01$), acima dos 0,56, condição referida como adequada por Vaz Patto *et al.* (2004), para uma boa concordância com os valores de similaridade genética.

Por fim, apesar da divergência genética molecular confirmar a ampla variabilidade genética, foi observado alto nível de homozigose entre os acessos, o que possibilita inferir que a forma de multiplicação dos mesmos, visando à conservação, pode estar promovendo alterações nas frequências alélicas no germoplasma avaliado.

3 Comparação entre as matrizes filogenéticas

Pelo teste de Mantel, o grau de associação entre as matrizes de distâncias genéticas morfoagronômica e molecular foi nulo, haja vista que a estimativa da correlação (0,10) foi não significativa. Resultado semelhante foi encontrado em açaí (Oliveira, 2005) e citrus (Koeler-Santos *et al.*, 2003).

Contrariamente, no trabalho de Garcia *et al.* (1998), que avaliaram linhagens de sete tipos comerciais de melão, foi demonstrada alta correlação entre marcadores moleculares e caracteres agronômicos ($r = 0,79$), quanto às capacidades de detectar relações genéticas. Em pepino, foi comprovada a aplicabilidade dos marcadores moleculares na proteção de cultivares com significativo grau de associação ($r = 0,65$) entre as dissimilaridades com base nos marcadores moleculares e com base em descritores morfológicos (Bernet *et al.*, 2003). O que pode ser ponderado para estes dois casos é o avançado grau de melhoramento dos genótipos avaliados.

Contudo, algumas considerações explicam esta falta de correlação entre as matrizes de distâncias genéticas do presente trabalho: (1) o dendograma morfo-agronômico formou oito grupos enquanto que o dendograma molecular formou 13 grupos, ambos sem relação entre os grupos formados, inclusive no que diz respeito aos grupos botânicos; (2) na divergência genética morfoagronômica foram considerados apenas descritores do fruto, enquanto que os marcadores microssatélites se distribuem em todo o genoma do melão; (3) os descritores avaliados têm natureza quantitativa e os 17 marcadores SSR polimórficos não são suficientes para cobrir todas as regiões do genoma responsável pela expressão destes caracteres; (4) os marcadores microssatélites são repetitivos e podem estar associados a regiões do genoma não codificadas, portanto sem associação com a expressão de qualquer caractere; (5) os marcadores SSR não têm natureza adaptativa enquanto que os descritores estão sob grande influência ambiental; e, (6) a distribuição uniforme dos 17 marcadores microssatélites polimórficos em genes responsáveis pela expressão dos nove descritores quantitativos do fruto é uma ocorrência improvável.

Portanto, pode-se concluir que apesar de haver ampla variabilidade entre os acessos, não houve associação entre os descritores quantitativos avaliados nos frutos dos acessos e os marcadores microssatélites estudados. Desse modo, esse conjunto de marcadores não pode ser utilizado como ferramenta de seleção assistida em um programa de melhoramento de melão que vise a melhoria da qualidade dos frutos.

REFERÊNCIAS

- AMORIM, E.P.; LESSA, L.S.; LEDO, C.A.S.; AMORIM, V.B.O.; REIS, R.V.; SANTOS-SEREJO, J.A.; SILVA, A.O. 2009. Caracterização agronômica e molecular de genótipos diplóides melhorados de bananeira. *Revista Brasileira de Fruticultura* 31: 154-161.
- BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.O.; MARCHIORO, V.S.; LORENCETTI, C.; KUREK, A.J.; SILVA, J.A.G.; CRUZ, P.J.; HARTWIG, I.; SCHMIDT, D.A.M. 2003. Comparações entre medidas de dissimilaridade e

- estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. *Ciência Rural* 33: 657-662.
- BERNET, G.P.; S. BRAMARDI, S.; CALVACHE, D.; CARBONELL, E.A.; ASINS, M.J. 2003. Applicability of molecular markers in the context of protection of new varieties of cucumber. *Plant Breeding* 122: 146-152.
- CRUZ, C.D. 1990. *Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas*. Piracicaba: ESALQ/USP. 188p (Tese doutorado).
- CRUZ, C.D., CARVALHO, S.P. de, VENCOVSKY, R. 1994. Estudos sobre divergência genética. II Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência de progenitores. *Revista Ceres* 41(234): 183-190.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. 1997. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2ª edição. Viçosa : UFV. 390p.
- CRUZ, C.D. 2001. *Programa GENES - Versão Windows. Aplicativo Computacional em Genética e Estatística*. 1ª edição. Viçosa: UFV. 648 p.
- CUI, Z.; CARTER JR., T.E.; BURTON, J.W.; WELLS, R. 2001. Phenotypic diversity of modern chinese and north american soybean cultivars. *Crop Science* 41: 1954-1967.
- DE BENEDETTI, L.; MERCURI, A.; BRUNA, S.; BURCHI G.; SCHIVA, T. 2001. Genotype identification of ornamental species by RAPD analysis. *Acta Horticulturae* 546: 391-394.
- DELEU, W.; ESTERAS, C.; ROIG, C.; GONZÁLEZ-TO, M.; FERNÁNDEZ-SILVA, I.; GONZALEZ-IBEAS, D.; JOSÉ BLANCA, J.; ARANDA, M.A., ARÚS, P.; NUEZ, F.; MONFORTE, J.A.; PICÓ, M.B.; GARCIA-MAS, J. 2009. A set of EST-SNPs for map saturation and cultivar identification in melon. *BMC Plant Biology* 9: 1-9.
- DJÈ, Y.; TAHI, C.G.; ZORO BI, A.I.; BAUDOIN, J.-P.; BERTIN, P. 2010. Use of ISSR markers to assess genetic diversity of African edible seeded *Citrullus lanatus* landraces. *Scientia Horticulturae* 124(2): 159-164.
- ESCRIBANO, S.; LÁZARO, A. 2009. Agro-morphological diversity of Spanish traditional melons (*Cucumis melo* L.) of the Madrid provenance. *Genet. Resour. Crop. Evol.* 56: 481-497.
- FALCONER, D.S. 1981. *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa: UFV. 279p.
- FAO (Food and Agriculture Organization). 2010, 20 de fevereiro. *Base de Dados Agrícolas de FAOSTAT – Cultivos primários*. Disponível em: <http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx>.

- FERNÁNDEZ-SILVA, I.; MORENO, E.; EDUARDO, I.; ARÚS, P.; ÁLVAREZ, J.M.; MONFORTE, A.J. 2009. On the genetic control of heterosis for fruit shape in melon (*Cucumis melo* L.). *Journal of Heredity* 100(2): 229-235.
- FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. 1998. *Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética*. 3^a ed. Brasília: EMBRAPA-CENARGEN. 220p.
- GARCIA, E.; JAMILINA, M.; ALVAREZ, J.I.; ARNEDO, T.; OLIVER, J.L.; LOZANO, R. 1998. Genetic relationships among melon breeding lines revealed by RAPD markers and agronomic traits. *Theoretical and Applied Genetics* 96: 878-885.
- GRAHAM, J.; MCNICOL, R.J.; MCNICOL, J.W. 1996. A comparison of methods for the estimation of genetic diversity in strawberry cultivars. *Theoretical and Applied Genetics* 93: 402-406.
- HERRERA-VASQUEZ, J. A.; CORDOBA-SELLES, M. C.; CEBRIAN, M. C.; ROSSELL, J. A.; ALFARO-FERNANDEZ, A.; JORD, C. 2010. Genetic diversity of melon necrotic spot virus and oospidium isolates from different origins. *Plant Pathology* 59(2): 240-251.
- HOSOKI, T.; ISHIBASHI, A.; KITAMURA, H.; KAI, N.; HAMADA, M.; OHTA, T. 1990. Classification of oriental melons based on morphological, ecological and physiological differences. *Journal of the Japanese Society for Horticulture Science* 58(4): 959-970.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Banco de Dados Agregados. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/>. Acesso em: fev. 2010.
- IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute). 2003. *Descriptors for melon (Cucumis melo L.)*. Rome: IPGRI. 65p.
- KIRKBRIDE, J.H. Jr. 1993. *Biosystematics monograph of the genus Cucumis (Cucurbitaceae): botanical identification of cucumbers and melons*. North Carolina: Parkway Publishers. 159p.
- KOEHLER-SANTOS, P.; DORNELLES, A.L.C.; FREITAS, L.B. 2003. Characterization of mandarin citrus germplasm from Southern Brazil by morphological and molecular analyses. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 38(7): 747-806.
- KONOPKA, J.; HANSON, J. 1985. Information, handling systems for genebank management. Rome: IPGRI. 87p.
- LIU, K.; MUSE, S.V. 2005. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics* 21: 2128-2129.
- LOPES-SESÉ, A.I.; STAUB, J.E.; GÓMEZ-GUILLAMÓN, M.L. 2003. Genetic analysis of Spanish melon (*Cucumis melo* L.) germplasm using a standardized

- molecular-marker array and geographically diverse reference accessions. *Theoretical and Applied Genetics* 108: 41-52.
- LÓPEZ-SESÉ, A.I.; STAUB, J.E.; KATZIR, N.; GÓMEZ-GUILLAMÓN, M.L. 2002. Estimation of between and within accession variation in selected Spanish melon germplasm using RAPD and SSR markers to assess strategies for large collection evaluation. *Euphytica* 127: 41-51.
- LU, X.; LIU, L.; GONG, Y.; ZHAO, L.; SONG, X.; ZHU, X. 2009. Cultivar identification and genetic diversity analysis of broccoli and its related species with RAPD and ISSR markers. *Scientia Horticulturae* 122(4): 645-648.
- LUAN, F.; DELANNAY, D.; STAUB, J.E. Chinese melon (*Cucumis melo* L.) diversity analyses provide strategies for germplasm curation, genetic improvement, and evidentiary support of domestication patterns. *Euphytica*, v.164, p.445-461, 2008.
- MANTEL, N. 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research* 27: 209-220.
- MAZZUCATO, A.; FICCADENTI, N.; CAIONI, M.; MOSCONI, P.; PICCININI, E.; SANAMPUDI, V.R.R.; SESTILI, S.; FERRARI, V. 2010. Genetic diversity and distinctiveness in tomato (*Solanum lycopersicum* L.) landraces: the Italian case study of 'A pera Abruzzese'. *Scientia Horticulturae* 125(1): 52-62.
- McCREIGHT, J.D.; NERSON, H.; GRUMET, R. 1993. Melon, *Cucumis melo* L. In: KALLOS, G.; BERGH, B.O (eds). *Genetic improvement of vegetable crops*. New York: Pergamon Press. p. 267-294.
- MONFORTE, A.J., IBAN, E.; SILVIA, A.; ARÚS P. 2005. Inheritance mode of fruit traits in melon: heterosis for fruit shape and its correlation with genetic distance. *Euphytica* 144: 31-38.
- MONFORTE, A.J.; OLIVER, M.; GONZALO, M.J.; ALVAREZ, J.M.; DOLCET-SANJUAN, R.; ARUS P. 2004. Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 108: 750-758.
- MUNGER, H.M.; ROBINSON, R.W. 1991. Nomenclature of *Cucumis melo* L. *Cucurbit Genetic Cooperative Report* 14(1): 43-44.
- NAUDIN C. V. 1859. Essais d'une monographie des espèces et des variétés du genre *Cucumis*. *Ann. Sci. Nat. Bot.* (4) 11: 5-87.
- NAKATA, E.; STAUB, J.E.; LÓPEZ-SESÉ, A.I.; KATZIR, N. 2005. Genetic diversity in Japanese melon (*Cucumis melo* L.) as assessed by random amplified polymorphic DNA and simple sequence repeat markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 52: 405-419,

- NEI, M. Genetic distance between populations. *American Naturalist*, v.106, p.283-292, 1972.
- NUNES, G.H.S.; MADEIROS, A.E.S.; GRANGEIRO, L.C.; SANTOS, G.M.; SALES JUNIOR R. 2006. Estabilidade fenotípica de híbridos de melão amarelo avaliados no Pólo agrícola Mossoró-Assú. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 41(9): 1369-1376.
- OLIVEIRA, M.S.P. 2005. *Caracterização molecular e morfoagronômica de germoplasma de açaizeiro*. 2005. Piracicaba: UFLA. 171p (Tese doutorado).
- PAIVA, W.O. 2002. Divergência genética entre linhagens de melão e a heterose de seus híbridos. *Horticultura Brasileira* 20(1): 34-37.
- PARIS, M.K.; ZALAPA, J.E.; McCREIGHT, J.D.; STAUB, J.E. 2008. Genetic dissection of fruit quality components in melon (*Cucumis melo* L.) using a RIL population derived from exotic x elite US Western Shipping germplasm. *Molecular Breeding* 22: 405-419.
- QUEIROZ, M.A. Potencial do germoplasma de cucurbitáceas no Nordeste brasileiro. *Horticultura Brasileira*, v.11, n.1, p.7-9. 1993.
- RITSCHHEL, P.S.; LINS, T.C.L.; TRISTAN, R.L.; BUSO, G.S.C.; BUSO, J.A.; FERREIRA, M.E. 2004. Development of microsatellite markers from an enriched genomic library for genetic analysis of melon (*Cucumis melo* L.). *BMC Plant Biology* 4(1): 9-24.
- ROMÃO, R. L. *Dinâmica evolutiva e variabilidade de populações de melancia Citrullus lanatus (Thunb.) Matsum & Nakai em três regiões do Nordeste brasileiro*. 1995. 75p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). USP/ESALQ, Piracicaba, 1995.
- SEKHON, M.S.; GUPTA, V.P. 1995. Genetic distance and heterosis in Indian mustard: developmental isozymes as indicators of genetic relationships. *Theoretical and Applied Genetics* 91: 1148-1152.
- SINGH, D. 1981. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding* 41: 237-245.
- SOLTANI, F.; AKASHI, Y.; KASHI, A.; ZAMANI, Z.; MOSTOFI, Y.; KATO, K. 2010. Characterization of Iranian melon landraces of *Cucumis melo* L. groups *flexuosus* and *dudaim* by analysis of morphological characters and random amplified polymorphic DNA. *Breeding Science* 60: 34-45.
- SOUZA, V.S. *Avaliação da concentração da solução nutritiva no cultivo de tomate, pepino, pimentão e berinjela em pó de coco*. 2004. 100f. Fortaleza: UFC. 100p (Dissertação de Mestrado).

- SOUZA, F.F.; QUEIRÓZ, M.A. DIAS, R.S.C. 2005. Divergência genética em linhagens de melancia. *Horticultura Brasileira*, 23(2): 179-183.
- STAUB, J.E.; LÓPEZ-SESÉ, A.I.; FANOURAKIS, N. 2004. Diversity among melon landraces (*Cucumis melo* L.) from Greece and their genetic relationships with other melon germplasm of diverse origins. *Euphytica* 136: 151-166.
- STAUB, J.E.; DANIN-POLEG, Y.; FAZIO, G.; HOREJSI, T.; REIS, N.; KATZIR, N. 2000. Comparative analysis of cultivated melon groups (*Cucumis melo* L.) using random amplified polymorphic DNA and simple sequence repeat markers. *Euphytica* 115: 225-241.
- STAUB, J.E.; SERQUEN, F.C.; GUPTA, M. 1996. Genetic markers, map construction and their application in plant breeding. *HortScience* 31: 729-741.
- STEPANSKY, A.; KOVALSKI, I; PERL-TREVES, R. 1999. Intraspecific classification of melons (*Cucumis melo* L.) in view of their phenotypic and molecular variation. *Plant Systematic Evolution* 217(2): 313-332.
- SZABÓ, Z.; GYULAI, G.; HUMPHREYS, M.; HORVÁTH, L.; BITTSÁNSZKY, A.; LÁGLER, R.; HESZKY, L. 2005. Genetic variation of melon (*C. melo*) compared to an extinct landrace from the Middle Ages (Hungary) I. rDNA, SSR and SNP analysis of 47 cultivars. *Euphytica* 146: 87-94.
- SZAMOSI, C.; SOLMAZ, I.; SARI, N.; CSABA BÁRSONY, C. 2010. Morphological evaluation and comparison of Hungarian and Turkish melon (*Cucumis melo* L.) germplasm. *Scientia Horticulturae* 124: 170-182.
- TANTASAWAT, P.; TRONGCHUEN, J.; PRAJONGJAI, T.; SEEHALAK, W.; JITTAYASOTHORN, Y. 2010. Variety identification and comparative analysis of genetic diversity in yardlong bean (*Vigna unguiculata* spp. *sesquipedalis*) using morphological characters, SSR and ISSR analysis. *Scientia Horticulturae* 124(2): 204-216.
- TATINENI, V.; CANTRELL, R.G.; DAVIS, D.D. 1996. Genetic diversity in elite cotton germplasm determined by morphological characteristics and RAPDs. *Crop Science* 36: 186-192.
- TORRES FILHO, J. 2008. *Caracterização morfo-agronômica, seleção de descritores e associação entre a divergência genética e a heterose em meloeiro*. Mossoró: UFERSA. 150 p (Tese doutorado).
- VAZ PATTO, M.C.; SATOVIC, Z.; PÊGO, S.; FEVEREIRO, P. 2004. Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germoplasm using microsatellite markers. *Euphytica* 137(1): 63-72.

CAPITULO 2

Interação genótipo x ambiente de famílias de meloeiro por meio de caracteres de qualidade dos frutos

Devido à extensão e diversidade geográfica das regiões cultivadas com melão, bem como às variações nas técnicas de manejo, significativa interação genótipo x ambiente (G x A) é esperada. Com o intuito de estudar estas variações fenotípicas, resultantes da interação G x A, noventa e seis famílias F₃, provenientes do cruzamento das variedades botânicas de melão *inodorus* e *conomon*, foram avaliadas em três ambientes, como segue: Baraúna-RN (A₁), Quixeré-CE (A₂) e Icapuí-CE (A₃). Além do estudo da interação G x A, foram estimados parâmetros genéticos e preditos ganhos por seleção direta e indireta nas famílias. As características avaliadas foram: MF - massa do fruto (kg); EP - espessura da polpa (mm); EC - espessura da cavidade (mm); FP - firmeza da polpa do fruto (N); e SS - sólidos solúveis (°Brix). Para todas as características avaliadas, os resultados mostraram heterogeneidade, tanto nas análises individuais quanto na análise conjunta, e também pode ser observado que a herdabilidade na análise conjunta dos ambientes foi sempre inferior àquelas estimadas em cada ambiente. Em todos os pares de ambientes, a parte simples da interação G x A foi sempre superior a 99%, exceto para firmeza da polpa, em que houve amplo predomínio da parte complexa entre os pares de ambientes A₁ e A₃ e A₂ e A₃. A ocorrência da interação evidencia a necessidade de avaliação das famílias em vários ambientes, para que se tenha maior segurança na recomendação dos melhores genótipos. Os ganhos diretos com seleção foram maiores do que os ganhos indiretos, para todas as características e em todos os ambientes avaliados. De modo geral, quando a seleção foi feita em cada ambiente e a resposta foi observada na média dos ambientes, verificou-se que os ganhos genéticos foram reduzidos para todas as características avaliadas, todavia, os ganhos foram mais próximos dos ganhos genéticos diretos quando se praticou a seleção pela média dos três locais. Desse modo, as estimativas de parâmetros genéticos associadas à natureza simples da interação família x ambiente permitem progresso genético por meio de métodos de melhoramento simples. Portanto, como as estimativas do coeficiente de variação genético e da variância genética entre famílias em um ambiente são superestimadas pelo componente da interação genótipo x ambiente, são necessárias avaliações dos genótipos em mais de um local, desde que a seleção seja praticada considerando a média das famílias nos ambientes.

Termos para indexação: *Cucumis melo*, parâmetros genéticos, ganhos por seleção, melhoramento genético.

Genotype x environment interaction of melon families based on fruit quality characters

Due to the size and geographical diversity of melon cultivated areas, as well as to changes in management techniques, significant genotype vs. environment interaction (G vs. E) is expected. Aiming to study the phenotypic variations resulting from the interaction G vs. E, ninety-six families F_3 , from the crossing between the botanical varieties of melon *inodorus* and *conomon* were evaluated in three environments: Baraúna county (Rio Grande do Norte State) - (A_1), Quixeré county (State of Ceará) - (A_2) and Icapuí county (State of Ceará) - (A_3). Besides the G vs. E interaction study, genetic parameters and predicted gains from direct and indirect selection in the families F_3 were also estimated. The characteristics evaluated were: MF - fruit average mass (kg); EP - pulp thickness (cm); EC - cavity thickness (cm); FP - pulp firmness (N); and SS - soluble solids ($^{\circ}$ Brix). For all traits, the results showed heterogeneity among families, in the individual and combined analysis. They also showed that heritability in combined analysis of environments was always lower than that estimated for each environment. In all pairs of environments, the simple part of G vs. E interaction was always above 99%, except for pulp firmness, where there was a large predominance of the complex part between the sites A_1 and A_3 and A_2 and A_3 . The presence of interaction indicates the need for assessment of families in various environments, in order to assure more reliance on the recommendation of the best genotypes. The direct gains of selection were higher than the indirect gains for all traits and all environments evaluated. In general, when the selection was made in each environment and the response observed in the mean of environments, it was found that the genetic gains were reduced for all traits. However, gains were similar to direct genetic gains when the selection considered the average of the three locations. Thus, estimates of genetic parameters associated with the simple nature of the family vs. environment interaction allow genetic progress by simple breeding methods. Therefore, as estimates of the coefficient of genetic standard variation and genetic variance among families in an environment are overestimated by the component of genotype vs. environment interaction, genotype assessments are needed in more than one location, but the selection should be conducted considering the average genotypes on the environments.

Index terms: *Cucumis melo*, genetic parameters, selection gains, genetic improvement.

Introdução

A maioria dos frutos produzida no Agropolo Jaguaribe-Assu pertence ao grupo *inodorus*, o qual contempla os melões do tipo Amarelo, Pele de Sapo e *Orange Flesh*, com destaque para o melão do tipo Amarelo, que correspondeu a cerca de 60% dos frutos exportados pelo porto de Natal (Sales Júnior et al., 2004). As razões para a preferência do melão do tipo Amarelo estão no menor custo de produção, na facilidade de cultivo, na alta produtividade e longa vida pós-colheita (Nunes et al., 2004).

Devido à extensão e diversidade geográfica das áreas cultivadas com melão no Brasil, à diversidade das condições edafoclimáticas e às variações das técnicas de manejo, significativa interação genótipo x ambiente (G x A) é esperada, o que dificulta a identificação e recomendação de genótipos produtivos e estáveis (Farias et al., 1996). A interação G x A pode ser definida como a resposta diferencial dos genótipos para um dado caráter em diferentes ambientes (Campbell & Jones, 2005). Estudos com o meloeiro têm mostrado a presença da interação G x A, em experimentos de avaliação de cultivares (Santos Júnior, 2007; Silva, 2006).

Segundo Allard (1996), as variações fenotípicas resultam da ação conjunta do genótipo (G), do ambiente (A) e de sua interação (G x A), conseqüentemente, estas refletem em diferenças na sensibilidade dos genótipos às variações ambientais, afetando seu comportamento e desempenho. Portanto, os procedimentos de seleção baseados na média de produtividade dos genótipos num dado ambiente são pouco eficientes (Hopkins et al., 1995).

O termo ambiente envolve uma série de condições sob as quais as plantas são cultivadas (Romagosa & Fox, 1993). Nesse sentido, o ambiente pode ser um local, ano, práticas culturais, época de semeadura ou mesmo a junção de todos esses fatores. Quando genótipos são avaliados em diferentes condições, estão sujeitos às variações dos ambientes, e os seus comportamentos geralmente são modificados (Ramalho et al., 2000).

Além disso, a magnitude da interação genótipo x ambiente na expressão fenotípica pode reduzir a correlação entre o fenótipo e o genótipo, inflacionando a variância genética e, por sua vez, parâmetros dependentes desta, como herdabilidade e ganho genético com a seleção. Por essa razão, Vencovsky & Barriga (1992) relatam que não basta apenas detectar a presença da interação, deve-se também considerar a sua natureza, se simples ou complexa.

A interação G x E pode ser simples, não causando mudanças na classificação dos genótipos entre ambientes ou complexa, alterando a classificação dos genótipos entre ambientes (Ramalho *et al.*, 1993). Ainda segundo estes autores, a interação simples indica a presença de genótipos adaptados a uma ampla faixa de ambientes; assim, a recomendação de cultivares pode ser feita de forma generalizada. A interação complexa indica a presença de genótipos adaptados a ambientes particulares, tornando a recomendação restrita a ambientes específicos.

A resposta diferencial dos genótipos em distintos ambientes torna difícil a seleção das cultivares de elevado rendimento e estáveis (Cooper de Lacy, 1994), restringindo a recomendação das mesmas para regiões específicas, onde expressa o seu potencial genético superior (Kang & Magari, 1996). A fim de minimizar este problema, o melhorista deve realizar suas experimentações no maior número de locais possível, com objetivo de caracterizar o efeito da interação G x A (Farias *et al.*, 1996).

A interação G x E pode ser minimizada pelo uso de cultivares específicas para cada ambiente, ou com ampla adaptabilidade e boa estabilidade ou, ainda, pela estratificação da região produtora em áreas com características ambientais semelhantes, de modo que a interação passa a ser não-significativa (Cruz & Regazzi, 1994). Esta segunda alternativa tem sido a mais utilizada em diversas culturas (Ramalho *et al.*, 1993).

Por outro lado, há poucos registros do efeito da interação G x A sobre as estimativas de componentes de variância obtidas em avaliações de populações segregantes de meloeiro (Silva, 2006). Desse modo, estas informações são necessárias

para orientar os melhoristas da cultura e possibilitar estimativas de parâmetros genéticos mais fidedignos.

Diante dessas considerações, os objetivos do presente trabalho foram: a) mensurar a interação família x ambiente e decompor suas partes integrantes; b) investigar a influência da interação sobre os parâmetros genéticos e c) comparar os ganhos diretos e indiretos.

Material e Métodos

1 Obtenção das famílias F₃

A partir da caracterização dos acessos de melão do Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro da Embrapa Semi-Árido (CPATSA) e de linhagens elite do programa de melhoramento genético da Embrapa, foram escolhidos os dois genótipos mais contrastantes para os caracteres de qualidade do fruto: teor de sólidos solúveis, tamanho e formato de fruto, e firmeza. Os parentais escolhidos para posterior estruturação das famílias segregantes foram: o acesso UFERSA-1, uma linhagem obtida por meio de três ciclos de autofecundação de um acesso do grupo *Conomon* e a linhagem CNPH-5, uma linhagem elite do programa de melhoramento genético de melão da Embrapa.

Em todos os cruzamentos, foram efetuadas polinizações manuais, planta a planta, seguindo um esquema de cruzamentos biparentais. As flores hermafroditas do genitor maternal eram emasculadas antes da antese e após a polinização, eram identificados a data e nome dos parentais numa etiqueta presa ao pedúnculo. As gerações P₁, P₂ e F₁ foram formadas por apenas um indivíduo. A geração F₂ foi constituída por 100 indivíduos, a partir dos quais foi estruturada a geração de famílias F₃.

Portanto, a partir do cruzamento parental, foi escolhido aleatoriamente um fruto para obtenção de uma semente, que deu origem à geração F_1 . A geração F_2 foi obtida por meio da autofecundação de uma única planta F_1 . Do mesmo modo, aleatoriamente escolheu-se um fruto para obtenção da geração F_2 . A partir desse fruto, foram semeadas 180 sementes, para garantia de um estande de 100 plantas F_2 . A partir de cada planta F_2 foi coletado um fruto e as sementes do mesmo deram origem às respectivas famílias F_3 . Devido a problemas de germinação, só foram obtidas 96 famílias F_3 (Figura 1), as quais foram avaliadas em três ambientes.

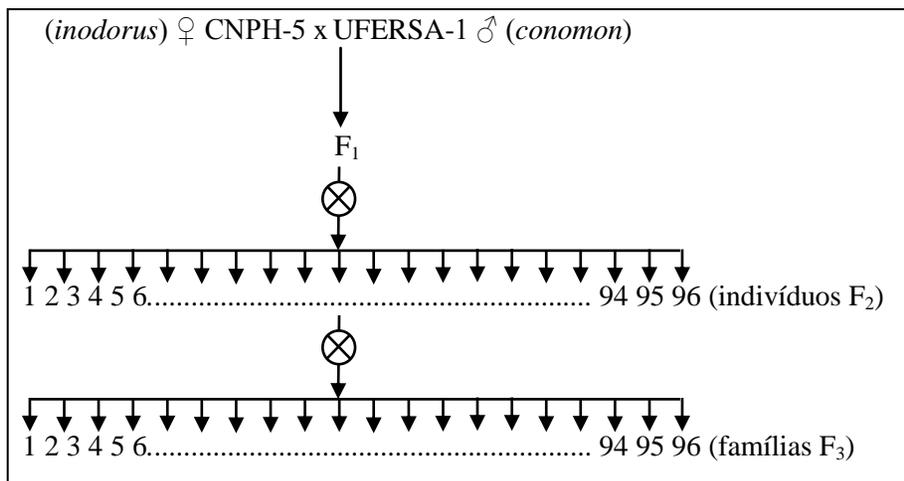


Figura 1. Esquema de cruzamentos para formação das famílias F_3 , a partir de dois parentais contrastantes para caracteres de qualidade dos frutos do meloeiro.

2 Experimentos

Os experimentos foram conduzidos em três propriedades comerciais do polo Jaguaribe-Assu, como segue:

- 1º) Fazenda Velame II - WG Fruticultura (A_1), Município de Baraúna-RN, no período de 19/08/2009 a 22/10/2009. A propriedade tem vegetação caatinga e solo argiloso, situada na Chapada do Apodi;

- 2º) Fazenda Água (A₂), Município de Quixeré-CE, no período de 02/09/2009 a 11/11/2009. A propriedade tem vegetação caatinga e solo argiloso muito pesado, situada na Chapada do Apodi;
- 3º) Fazenda Agrícola Famosa (A₃), Município de Icapuí-CE, no período de 21/11/2009 a 27/01/2009. A propriedade tem vegetação de restinga e solo arenoso, situada muito próximo ao litoral.

Os tratos culturais foram os normalmente utilizados em cada propriedade, haja vista que os experimentos foram instalados em áreas de produção comercial de melão, na parte central de um dado lote de produção. Deste modo, nos ambientes A₁ e A₃ os experimentos foram instalados por transplântio de mudas e no segundo ambiente (A₂), por meio de semeio direto. As mudas foram produzidas pela empresa Top Plant, em bandejas plásticas de 200 células com substrato de fibra de coco seco.

Os experimentos foram conduzidos no delineamento experimental inteiramente casualizado (DIC) com 96 tratamentos (famílias F₃) com três repetições no ambiente A₁ e duas repetições nos ambientes A₂ e A₃. Apesar do tamanho do experimento, foi possível trabalhar com DIC, devido à uniformidade da área. A unidade experimental foi composta por uma linha com seis metros, totalizando 15 plantas por parcela. O espaçamento da cultura foi de 2,0 m entre linhas por 0,4 m entre plantas.

As características avaliadas foram: MF - massa do fruto (kg); EP - espessura da polpa (mm), medida com paquímetro; EC - espessura da cavidade (mm), medida com paquímetro; FP - firmeza da polpa do fruto (N), medida com penetrômetro; e SS - sólidos solúveis (°Brix), medido com refratômetro digital. Para todas as características, foi considerada a média de cinco frutos escolhidos aleatoriamente na parcela, evitando colher frutos de uma mesma planta.

3 Análises Estatísticas

3.1 Estimção de componentes e parâmetros

Para estimar os componentes de variância e os parâmetros genéticos e fenotípicos considerou-se o modelo misto em que o efeito de ambiente foi considerado fixo e os efeitos de família e da interação família x local como aleatórios. Os componentes de variância foram estimados pelo método REML (Máxima Verossimilhança Restrita) por meio do procedimento PROC MIXED do programa SAS. As estimativas dos componentes de variância foram obtidas conforme Vencovsky & Barriga (1992).

3.2 Decomposição da interação genótipo x ambiente

Para decompor a interação genótipo x ambiente nas partes simples e complexa foram realizadas análises de variâncias com os locais dois a dois, utilizando a metodologia proposta por Cruz & Castoldi (1991). Para estimação das partes simples e complexa foi utilizada a seguinte expressão:

$$QM_{FA} = \underbrace{[(\sqrt{QM_j} - \sqrt{QM_{j'}})^2/2 + k \cdot \sqrt{QM_j QM_{j'}}]}_{\text{simples}} + \underbrace{[(\sqrt{(1-r)^3 QM_j QM_{j'}})]}_{\text{complexa}}, \text{ em que:}$$

QM_{FA} : Quadrado médio da interação família x ambiente;

QM_j e $QM_{j'}$: Quadrados médios do efeito de famílias nos ambientes j e j' ;

r : Coeficiente de correlação genética entre as famílias nos ambientes j e j' ;

k : é uma constante, obtida pela seguinte expressão; $k = 1 - r - \sqrt{(1-r)^3}$.

3.3 Progresso genético com a seleção

As estimativas dos progressos esperados com a seleção foram obtidas por meio das expressões propostas por Cruz & Regazzi (1994), mostradas a seguir:

i) Progresso direto - seleção baseada no desempenho em um ambiente (j) e progresso no ambiente j.

$$GS_{(j\hat{j})} = DS_j \cdot h_j^2, \text{ em que:}$$

DS_j: diferencial de seleção com base nos indivíduos de melhor desempenho no ambiente j;

h_j²: herdabilidade do caráter no ambiente j.

ii) Progresso indireto (resposta correlacionada) - seleção em um ambiente (j) e progresso em outro ambiente (j^ˆ).

$$GS_{(j\hat{j}')} = DS_{(j\hat{j}')} \cdot h_j^2, \text{ em que:}$$

DS_(j^ˆj'): diferencial de seleção no ambiente j, no qual os indivíduos selecionados apresentaram os melhores desempenhos no ambiente j^ˆ;

h_j²: herdabilidade do caráter no ambiente j.

iii) Seleção baseada em ambientes individuais (j) e progresso na média dos ambientes (m)

$$GS_{(j/m)} = DS_{(j/m)} \cdot h_j^2, \text{ em que:}$$

DS_(j/m): diferencial de seleção no ambiente j, no qual os indivíduos selecionados apresentaram os melhores desempenhos na média dos ambientes;

h_j²: herdabilidade do caráter no ambiente j.

iv) Seleção baseada na média dos ambientes (m) e progresso em ambientes individuais (j)

$$GS_{(j/m)} = DS_{(j/m)} \cdot h_j^2, \text{ em que:}$$

DS_(j/m): diferencial de seleção no ambiente j, no qual os indivíduos selecionados apresentaram os melhores desempenhos na média dos ambientes;

h_j²: herdabilidade do caráter no ambiente m.

v) Seleção baseada na média dos ambientes (m) e progresso na média dos ambientes

$$GS_m = DS_m \cdot h_m^2, \text{ em que:}$$

$DS_{(m)}$: diferencial de seleção com base nos indivíduos de melhor desempenho na média dos ambientes;

h_m^2 : herdabilidade do caráter na média dos ambientes (análise conjunta).

Resultados e Discussão

1 Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos

As estimativas dos CV_e 's, obtidas no presente trabalho, podem ser consideradas altas (Tabela 1), conforme a classificação estabelecida para o meloeiro por Lima *et al.* (2004). Nos experimentos de um programa de melhoramento genético é imprescindível ter precisão para que as diferenças entre os materiais avaliados possam ser detectadas. Para tanto, o coeficiente de variação (CV_e) é a medida mais utilizada quando se comparar a precisão experimental. Estas altas estimativas podem estar associadas ao fato do experimento não ter sido conduzido em uma área experimental.

Quanto à variabilidade das famílias, houve heterogeneidade para todas as características avaliadas, tanto nas análises individuais quanto na análise conjunta, uma vez que todas as estimativas da variância genética (σ_{gen}^2) foram significativas ($\chi^2 < 0,05$) (Tabela 1). As estimativas do coeficiente de variação genético (CV_g) e das herdabilidades, no sentido amplo, corroboram os resultados obtidos para variância genética entre famílias, confirmando a existência de variabilidade genética na população estudada.

Embora exista variabilidade, as estimativas de CV_g e herdabilidade, tanto das análises individuais quanto na análise conjunta, indicam que a sua magnitude não foi tão elevada em quase todas as situações de análise. O coeficiente de variação genética

indica a liberação de variabilidade genética, de modo que quanto maior a sua estimativa, maior é a variabilidade genética entre os genótipos avaliados.

Tabela 1. Estimativas dos parâmetros genéticos e ambientais das famílias F₃ de melão. Fortaleza-CE, 2010.

Característica	Local	Média	$\hat{\sigma}_e^2$	CV _e (%)	CV _g (%)	$\hat{\sigma}_{gen}^2$	$\hat{\sigma}_{pa}^2$	\hat{h}^2
MF	A1	0,762	0,107	42,93	118,64	0,133*	-	55,34
	A2	1,078	0,053	21,36	83,74	0,129*	-	70,80
	A3	0,970	0,108	33,88	93,34	0,137*	-	55,91
	Conjunta	0,913	0,093	33,40	98,47	0,119*	0,01 ^{ns}	53,26
EP	A1	2,12	0,156	18,63	43,46	0,194*	-	55,46
	A2	2,74	0,058	8,79	32,94	0,129*	-	68,91
	A3	2,41	0,111	13,82	38,13	0,184*	-	62,46
	Conjunta	2,38	0,118	14,43	38,07	0,139*	0,03 ^{ns}	49,03
EC	A1	4,40	0,532	16,58	22,07	0,555*	-	51,08
	A2	5,34	0,331	10,77	17,81	0,467*	-	52,58
	A3	4,57	0,536	16,01	21,28	0,571*	-	51,60
	Conjunta	4,72	0,485	14,75	20,37	0,455*	0,02 ^{ns}	47,24
FP	A1	25,03	39,262	25,03	4,79	37,813*	-	49,06
	A2	20,27	27,516	25,88	5,82	27,589*	-	50,07
	A3	28,73	53,169	25,38	4,26	57,075*	-	51,77
	Conjunta	24,67	40,811	25,90	4,79	26,367*	10,14*	35,77
SS	A1	4,21	0,506	16,90	22,97	0,595*	-	50,36
	A2	5,06	0,953	19,29	19,62	0,867*	-	47,65
	A3	5,97	0,894	15,84	16,69	0,928*	-	50,94
	Conjunta	4,96	0,732	17,25	19,64	0,513*	0,16 ^{ns}	39,91

*/significativo a 5% de probabilidade pelo teste de Qui-quadrado, ^{ns}/ não significativo. MF - massa do fruto; EP - espessura da polpa; EC - espessura da cavidade; FP - firmeza da polpa; SS - teor de sólidos solúveis. CV_e (%) - coeficiente de variação ambiental, CV_g (%) - coeficiente de variação genético e estimativas da σ_e^2 - variância ambiental, σ_{gen}^2 - variância genética; σ_{pa}^2 - variância da interação; h^2 - herdabilidade no sentido amplo.

No presente trabalho, observou-se estimativas reduzidas do CV_g , com exceção da massa média do fruto, especialmente no ambiente A_1 . Esta situação é desfavorável para se promover a seleção (Vencosky & Barriga, 1992). Resultados semelhantes foram observados por Silva (2006) ao avaliar famílias de melão Gália em quatro municípios do Agropolo Mossoró-Assu.

As estimativas da herdabilidade também corroboram os resultados dos coeficientes de variação genética (Tabela 1). A herdabilidade indica quanto da variação fenotípica é devida aos efeitos genéticos. Quanto mais próxima de 100%, menos a característica é afetada pelo ambiente ou maior é a parte da variação fenotípica explicada por fatores genéticos. Quanto maior a herdabilidade, mais segurança tem o melhorista em selecionar genótipos realmente superiores (Falconer & Mackay, 1996).

No presente trabalho, as estimativas obtidas podem ser consideradas medianas para as características avaliadas. Estimativas da herdabilidade na cultura do meloeiro são escassas na literatura científica. Silva *et al.* (2002), avaliando duas populações de famílias de meios-irmãos nos municípios de Mossoró e Baraúna, observaram valores semelhantes aos verificados neste trabalho. Por outro lado, Silva (2006) observou valores menores do que os mostrados no presente estudo. Não obstante, deve-se salientar que a comparação de estimativas de herdabilidade em estudos distintos deve ser realizada com extrema cautela, pois dentro do contexto da genética quantitativa a herdabilidade é influenciada pelo ambiente, pela população e pela estrutura genética da população (Lynch & Walsh, 1998).

A variabilidade genética observada (Figura 2) entre as famílias era esperada pelo fato destas serem provenientes do cruzamento de duas variedades botânicas diferentes de melão (*inodorus* e *conomon*). Por outro lado, dentro de um contexto mais estatístico, ressalta-se que o elevado número de famílias avaliadas permite que se detecte significância na fonte de variação família, com maior facilidade, fato comprovado por estimativas significativas da variância genética entre famílias.



Figura 2. Fotos de quatro famílias, evidenciando a ampla variabilidade fenotípica observada entre e dentro as famílias F₃ avaliadas.

Para a massa média do fruto, não houve diferenças entre as estimativas de variância genética nos três locais, mas estas diferiram da estimativa obtida na análise conjunta. Ainda para essa característica, observou-se maior CV_g no primeiro ambiente, indicando, a princípio, maior liberação de variabilidade nesse local. Entretanto, esse valor discrepante em relação às estimativas obtidas nos outros locais e na análise conjunta se deve à menor média do peso do fruto no local A₁, uma vez que o CV_g, assim como o ambiental, é afetado pela média geral do ensaio. A maior herdabilidade foi observada no ambiente A₂ em razão da menor variância do erro, em relação às estimativas dos ambientes A₁ e A₂ e da análise conjunta.

Com relação à espessura da polpa, observou-se maiores estimativas da variância genética e do CV_g no ambiente A_1 . Não obstante, com exceção da análise conjunta, a menor herdabilidade foi verificada nesse local. A explicação para esse resultado, de certa forma, paradoxal, é a maior estimativa da variância ambiental no A_1 , o que aumenta a variância fenotípica, por conseguinte, reduz a herdabilidade.

As herdabilidades para a espessura da cavidade foram semelhantes nos três locais, mesmo com as menores estimativas do CV_g e da variância genética no ambiente A_2 . Com relação à firmeza de polpa, embora as variâncias genéticas tenham diferido em magnitude, observou-se estimativas de herdabilidade e CV_g muito semelhantes nos três ambientes, fato também constatado nos sólidos solúveis.

Adicionalmente, em todas as características, pode ser observado que a herdabilidade na análise conjunta foi sempre inferior àquelas estimadas em cada ambiente.

Com relação ao efeito fixo de ambientes, verificou-se homogeneidade, em especial para as médias das características espessura da polpa, espessura da cavidade e sólidos solúveis (Tabela 1). Para a massa média do fruto, a estimativa no ambiente A_1 foi inferior àquela dos ambientes A_2 e A_3 . Para a firmeza da polpa ocorreu maior heterogeneidade entre os ambientes.

A razão entre o componente de variância da genética entre as famílias (σ_{gen}^2) e a variância da interação (σ_{pa}^2) foi superior à unidade para a firmeza de polpa. Quanto maior for o valor desta razão menor será a contribuição do componente da interação genótipo x ambiente para manifestação fenotípica (Cruz & Castoldi, 1991). Assim, embora não prevalente em relação à variância genética, o componente de variância da interação foi significativo para a firmeza da polpa, ao contrário do que ocorreu para as demais características (Tabela 1).

2 Interação família x ambiente

A interação genótipo x ambiente é causada por dois fatores (Cruz & Castoldi, 1991). O primeiro, também denominado de parte simples ou de escala, é devido às magnitudes das diferenças de variabilidade entre os genótipos, e o segundo, denominado de parte complexa, depende da correlação dos genótipos nos ambientes (Xie & Mosjidis, 1996; Lynch & Walsh, 1998).

Neste trabalho, a interação genótipo x ambiente foi decomposta nas partes simples e complexa nas avaliações dos ambientes, dois a dois (Tabela 2). Para todas as características analisadas, em todos os pares de ambientes, a parte simples sempre foi superior a 99%, exceto para firmeza da polpa, em que houve amplo predomínio da parte complexa entre os ambientes A₁ e A₃. Com efeito, a interação família x ambiente foi significativa apenas para a referida característica, pois a estimativa do componente de variância foi significativa. Embora em menor escala, também houve predomínio da parte complexa no par A₂ e A₃ e na análise conjunta. A grande superioridade da parte complexa indica a presença de famílias com adaptação específica a um ambiente de avaliação, para a firmeza da polpa.

A quantificação dos fatores que compõem a interação é importante porque informa ao melhorista sobre o grau de dificuldade no momento da seleção ou recomendação de cultivares. Quando há predomínio da parte simples, o trabalho do pesquisador é facilitado, pois a classificação genotípica não se altera. Por outro lado, quando a parte complexa é mais expressiva, torna a decisão mais difícil, uma vez que, nesse caso, existem genótipos que são bem adaptados a ambientes específicos (Cruz & Regazzi, 1994). A interação genótipo x ambiente pode ser explorada pelo melhorista pela seleção de determinados genótipos para determinado ambiente ou região. Nesse caso, a interação é capitalizada, aumentando o valor fenotípico do caráter. Silva (2006) verificou predomínio da parte complexa da interação de famílias de melão Gália com ambientes, mas Santos Júnior (2007) verificou prevalência do componente simples da interação quando avaliou híbridos de melão Gália em 12 ambientes do Rio Grande do Norte. Além disso, Nunes et al. (2006) observaram grande variação entre genótipos,

ambientes e interação, com superioridade do componente complexo nas características produtividade e sólidos solúveis de híbridos de melão amarelo.

Tabela 2. Estimativas das partes simples (S) e complexa (C) da interação genótipo x ambiente de características de famílias de meloeiro avaliadas em três ambientes, dois a dois, e na análise conjunta. Fortaleza-CE, 2010.

Característica	A ₁ e A ₂		A ₁ e A ₃		A ₂ e A ₃		Conjunta	
	S (%)	C (%)	S (%)	C (%)	S (%)	C (%)	S (%)	C (%)
MF	100	0	100	0	100	0	100	0
EP	100	0	100	0	100	0	100	0
EC	100	0	100	0	100	0	100	0
FP	99,99	0,01	3,40	96,6	34,15	65,85	45,80	54,20
SS	100	0	99,94	0,06	99,99	0,01	99,98	0,02

MF - massa do fruto; EP - espessura da polpa; EC - espessura da cavidade; FP - firmeza da polpa; SS - teor de sólidos solúveis.

A presença da interação genótipo x ambiente mostra um comportamento não consistente das famílias nos distintos ambientes (Ramalho *et al.*, 1993). A interação genótipo x ambiente em melão tem sido verificada em outros estudos. Gurgel (2000) observou interação de nove híbridos com quatro ambientes do Agropolo Mossoró-Assu. Senna (2001) e Madeiros (2004) também constataram interação significativa entre híbridos de melão amarelo e ambientes. Silva (2006) avaliando famílias de melão do tipo Gália, em quatro locais do Estado do Rio Grande do Norte, também verificaram presença da interação genótipo x ambiente.

Adicionalmente, a ocorrência da interação família x ambiente evidencia a necessidade de avaliação das famílias em vários ambientes para que se tenha maior segurança na recomendação dos melhores genótipos. Nas avaliações em apenas um local ou ambiente, a estimativa da variância genética fica superestimada pelo componente da interação genótipo x ambiente, que não pode ser estimado. Por outro

lado, em avaliações em mais de um ambiente, o componente da interação pode ser estimado e separado do efeito genético, tornando a estimativa de variância genética mais precisa e exata (Ramalho et al., 2000). A interação genótipo x ambiente, obviamente, também influencia a estimativa da herdabilidade (Falconer & Mackay, 1996). No presente trabalho, foi contundente a superestimação das estimativas dos componentes de variância genética entre famílias e da herdabilidade ao se comparar as estimativas das análises individuais com a conjunta (Tabela 1).

A interação genótipo x ambiente tem um papel fundamental na manifestação fenotípica (Lynch & Walsh, 1998). Quando esta é marcante, influencia muito o processo de seleção de cultivares, e/ou a seleção de famílias ou linhagens. Como foi comentado anteriormente, a interação superestima os componentes de variância quando o local do experimento não representa a região ou quando a avaliação é feita em apenas um local. A consequência prática para o melhorista é a dificuldade no processo de seleção de genótipos promissores (Bos & Caligari, 1997).

3 Ganhos por seleção de famílias

Para todas as características e em todos os ambientes avaliados, os ganhos diretos, caracterizado quando a seleção e a resposta acontecem em um mesmo ambiente, foram maiores do que os ganhos indiretos, definido quando a seleção e a resposta ocorrem em ambientes distintos (Tabela 3).

Para a massa média do fruto, os ganhos genéticos indiretos foram semelhantes quando a seleção foi realizada em A₁, com uma amplitude de apenas 2,94%. Quando a seleção foi feita no ambiente A₂, a amplitude foi um pouco maior, mas ainda pequena. A seleção feita em A₃ proporcionou uma amplitude de ganhos de somente 1,25%. A seleção feita na média dos ambientes também propiciou uma amplitude baixa entre os ambientes, apenas 1,31%.

Tabela 3. Ganhos diretos e indiretos com a seleção para características de famílias de meloeiro avaliadas em três ambientes. Fortaleza-CE, 2010.

Ambiente de seleção	Ambiente de resposta	GS (%) – Características				
		MF	EP	EC	FP	SS
A ₁	A ₁	36,12	36,28	32,28	31,02	34,28
	A ₂	31,21	34,25	30,25	24,75	25,25
	A ₃	33,23	33,18	29,18	6,71	24,18
	Média	30,29	33,53	28,69	21,43	22,53
A ₂	A ₁	34,12	33,70	32,70	23,31	22,70
	A ₂	42,31	35,51	34,51	30,64	35,51
	A ₃	38,54	33,49	29,49	10,34	24,49
	Média	33,45	32,65	30,65	22,97	27,65
A ₃	A ₁	32,23	32,75	28,75	3,73	23,75
	A ₂	31,76	34,59	30,59	9,88	25,59
	A ₃	34,21	36,07	32,07	27,76	33,07
	Média	30,98	32,16	28,16	18,44	21,16
Média	A ₁	33,34	33,07	29,07	19,21	24,07
	A ₂	32,45	32,84	28,84	24,09	23,84
	A ₃	33,76	35,92	31,92	16,49	26,92
	Média	36,65	38,33	34,33	29,71	31,33

MF - massa do fruto; EP - espessura da polpa; EC - espessura da cavidade; FP - firmeza da polpa; SS - teor de sólidos solúveis. GS(%) - ganho com a seleção, em porcentagem.

Com relação à espessura da polpa, as amplitudes do ganho com seleção indireta quando a seleção foi feita nos ambientes A₁, A₂, A₃ e na média dos ambientes foram respectivamente, 1,07; 1,05; 2,43 e 3,44%. E, para a espessura da cavidade os ganhos com a seleção indireta nos ambientes A₁, A₂, A₃ e na média dos ambientes foram 1,57; 3,21; 2,43 e 3,08%, respectivamente.

Para a firmeza da polpa, em razão da presença da interação família x ambiente, houve maior amplitude nos ganhos com a seleção indireta (Tabela 3). Os menores

ganhos genéticos foram observados nas análises conjuntas envolvendo o ambiente A₃, nas quais se observou maior predominância da parte complexa da interação (Tabela 2).

Para o teor de sólidos solúveis, os ganhos por seleção indireta apresentaram magnitude maior do que nas outras características, exceto com a seleção feita em A₁, em que os ganhos equivaleram às respostas obtidas nos demais caracteres.

De modo generalizado, verificou-se que os ganhos genéticos com seleção foram reduzidos para todas as características avaliadas quando a seleção foi feita em cada ambiente e a resposta foi observada na média dos ambientes, no entanto, os ganhos foram mais próximos dos ganhos genéticos diretos, quando se praticou a seleção na média dos três locais (Tabela 3).

Para a firmeza da polpa, a presença de ganhos reduzidos indica pequena correlação entre as médias das famílias entre dois ambientes. Isso significa que não há coincidência entre as melhores famílias nos dois locais de avaliação. Esse fato pode ser verificado principalmente nas análises que envolvem o ambiente A₃ (Tabela 3), provavelmente porque esse ambiente apresenta características edafoclimáticas mais distintas em relação aos ambientes A₁ e A₂.

Ausência de ganhos indiretos ou mesmo ganhos negativos indicam que as famílias devem ser cultivadas apenas no local de seleção. Considerando que no melhoramento genético do melão, o principal objetivo é uma cultivar que possua um bom desempenho na maior parte da região de produção dessa hortaliça, os resultados constatados no presente trabalho são desfavoráveis apenas para a firmeza da polpa.

A seleção realizada em um ambiente com resposta esperada na média dos ambientes também proporcionou pequenos ganhos genéticos (Tabela 3), evidenciando que a seleção no ambiente individual não proporciona ganhos satisfatórios nem mesmo na média dos ambientes da região.

Uma alternativa de seleção é a seleção com base no comportamento médio das famílias nos três ambientes de seleção. Nessa situação todos os ganhos são positivos e mais próximos dos ganhos diretos verificados (Tabela 3).

Pelos resultados dos ganhos com a seleção, recomenda-se que as avaliações sejam realizadas em ambientes discrepantes e a seleção feita com base na média desses locais. Essa é uma boa estratégia, uma vez que a interação influenciou muito pouco quase todas as características, com exceção da firmeza da polpa. Mesmo para a firmeza da polpa, os ganhos genéticos quando a avaliação é feita na média dos três locais apresentam magnitudes razoáveis, quando comparados aos ganhos diretos. Isso ocorre porque a predominância da parte complexa para a referida característica é pequena em relação ao componente simples, na análise conjunta.

Portanto, a interação genótipo x ambiente influencia diretamente os ganhos com a seleção, devido à falta de correlação existente entre as médias dos genótipos nos ambientes de avaliação (Xie & Mosjidis, 1996). Desse modo, quando a seleção é feita em um ambiente e a resposta é observada em outro, na presença de uma forte interação G x A, o ganho esperado com a seleção é reduzido.

Na Tabela 3, observa-se que os ganhos diretos foram sempre superiores aos ganhos indiretos, em todas as situações e para todas as características, o que reforça a presença da interação genótipo x ambiente. Todavia, com exceção da firmeza de polpa, vale ressaltar que para todas as características, as diferenças nos ganhos diretos e indiretos foram reduzidas, evidenciando pouca influência da interação genótipo x ambiente na seleção. Portanto, a seleção com base no comportamento médio das famílias proporciona maiores ganhos com a seleção em relação aos obtidos com base na seleção no ambiente individual.

Conclusão

As estimativas de parâmetros genéticos associadas à natureza simples da interação família x ambiente permitem progresso genético por meio de métodos de melhoramento mais simples. Contudo, quando há interação genótipo x ambiente significativa, as estimativas do coeficiente de variação genético e da variância genética

entre famílias em um ambiente são superestimadas pelo componente desta interação. Nesse caso, são necessárias avaliações dos genótipos em mais de um local. Entretanto, a seleção deve ser praticada pela média das famílias, considerando os ambientes avaliados.

Referências

- ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: John Willey, 1996. 485p.
- BOS, I.; CALIGARI, P. **Selection methods in plant breeding**. London: Chapman & Hall, 1997. 347p.
- CAMPBELL, B.T.; JONES, M.A. Assessment of genotype x environment interactions for yield and fiber quality in cotton performance trials. **Euphytica**, v.144, p.69-78, 2005.
- COOPER, M.; De LACY, I.H. Relações entre os métodos de análise utilizados para estudar a variação genotípica e pelo genótipo-ambiente de interação no melhoramento de plantas multi-experimentos ambiente. **Theoretical Applied of Genetics**, v.88, n.5, p.561-572, 1994.
- CRUZ, C.D.; CASTOLDI, Decomposição da interação genótipos x ambientes em partes simples e complexa. **Revista Ceres**, v. 38, n. 219, p. 422-430, 1991.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV. 1994. v.1. 390p.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Malasya: Longman Edit. 1996. 464p.
- FARIAS, F.J.C.; RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, L.P.; MOREIRA, J.A.N. Parâmetros de estabilidade em cultivares de algodoeiro herbáceo avaliadas na Região Nordeste do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.31, p.877-883, 1996.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464p.

GURGEL, F.L. **Adaptabilidade e avaliação qualitativa de híbridos de melão amarelo**. 33f. 2002. Dissertação (Mestrado) - ESAM, Mossoró, 2000.

HOPKINS, A.A.; VOGEL, K.P.; MOORE, K.J.; JOHNSON, K.D.; CARLSON, I.T. Genotype effects and genotype by environment interactions for traits of elite switchgrass populations. **Crop Science**, v.35, p.125-132, 1995.

KANG, MS; MAGARI, R. Empreendimento na seleção para a estabilidade fenotípica no melhoramento genético das culturas. In: KANG, MS; GAUCH, H.G. (Eds). **Interação genótipo por ambiente**. Boca Raton: CRC, 1996. p.1-14.

LIMA, L.L., NUNES, G.H.S.; BEZERRA NETO, F. Coeficientes de variação de algumas características do meloeiro: uma proposta de classificação. **Horticultura Brasileira**, v. 22, n.1, 14-17, 2004.

LYNCH, M.C.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates Inc., 1998. 980p.

MADEIROS, A.E.S. **Interação genótipos x ambientes em melão amarelo no Agropólo Mossoró-Açú**. 2004. 52p. Dissertação (Mestrado) - UFERSA, Mossoró.

NUNES, G. H. de S.; SANTOS JÚNIOR, J.J.S.; VALE, F.A.; BEZERRA NETO, F.; ALMEITA, A. H. B.; MEDEIROS, D. C. Aspectos produtivos e de qualidade de híbridos de melão cultivados no Agropólo Mossoró-Assú. **Horticultura Brasileira**, v.22, n.4, p.744-747, 2004.

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

RAMALHO, M.A P.; SANTOS, J.B. dos; ZIMMERMANN, M.J. **Genética Quantitativa em plantas autógamas**. Goiânia: UFG, 1993. 272p.

RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326p.

ROMAGOSA, I.; FOX, P.N. Genotype x environment interactions and adaptation. In: HAYWARD, M.D.; BOSEMARK, N.O.; ROMAGOSA, I (eds.). **Plant breeding: principles and prospects**. London: Chapman & Hall, 1993. p. 375-390.

SALES JÚNIOR, R.; SOARES, S.P.F.; AMARO FILHO, J.; NUNES, G.H.S.; MIRANDA, V.S. Qualidade do melão exportado pelo porto de Natal. **Horticultura Brasileira**, v. 22, n.1, p.98-100, 2004.

SANTOS JÚNIOR, H. **Interação genótipo x ambiente e adaptabilidade e estabilidade de híbridos de melão Gália**. 2007. 150 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2008.

SENA, L.C.N. **Adaptabilidade ambiental e estabilidade produtiva de híbridos de melão amarelo em oito ambientes na mesorregião oeste Potiguar**. 2001. 43p. Dissertação (Mestrado) - UFERSA, Mossoró.

SILVA, R.A.; BEZERRA NETO, F.; NUNES, G.H.S.; NEGREIROS, M.Z. Estimação de parâmetros e correlações em famílias de meio-irmãos de melões orange flesh HTC. **Caatinga**, v.15, n.1/2, p. 43-48, 2002.

SILVA, J.M. **Interação genótipos x ambientes na avaliação de famílias de melão Gália no Agropolo Mossoró-Assú**. 2006. 53p. Dissertação (Mestrado) - UFERSA, Mossoró.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.

XIE, C.; MOSJIDIS, J.A. Selection of stable cultivars using phenotypic variances. **Crop Science**, v.36, n.5, p. 572-576, 1996.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Divergência genética

- Por meio dos descritores do fruto, houve ampla variabilidade entre os acessos coletados para os descritores de fruto, entre e dentro dos grupos botânicos identificados, o que permite avanços no melhoramento nos caracteres que conferem qualidade aos frutos do meloeiro
- Pelo estudo com marcadores SSR, ampla variabilidade genética do germoplasma foi confirmada por meio da divergência genética molecular, que também demonstrou considerável nível de homozigose nos acessos avaliados, possibilitando inferir que a conservação dos acessos pode estar promovendo alterações nas frequências alélicas.
- Apesar de haver ampla variabilidade entre os acessos, evidenciada tanto pela divergência morfoagronômica quanto pela molecular, não houve associação entre os descritores quantitativos avaliados nos frutos dos acessos e os marcadores microssatélites estudados.

Interação genótipo x ambiente

- As estimativas de parâmetros genéticos associadas à natureza simples da interação família x ambiente permitem progresso genético por meio de métodos de melhoramento menos sofisticados.
- Quando há interação genótipo x ambiente, o componente desta interação superestima o coeficiente de variação genético e a variância genética entre famílias em um ambiente, sendo necessárias avaliações dos genótipos em mais de um local, e que a seleção seja praticada considerando a média das famílias nos ambientes.

ANEXOS

ANEXO I

Biografia de Charles Victor Naudin

(1815, Autun - 1899, Antibes)

Botânico francês, trabalhou com a equipe do herbário do Museu *d'Histoire Naturelle* e tornou-se professor de zoologia na *Chaptal Collège de Paris*, em 1846, onde passou pouco tempo. Em 1854, tornou-se assistente naturalista no Museu *d'Histoire Naturelle*, 1854. Estabeleceu um jardim experimental privado em Collioure, em 1869, e ganhava seu sustento com a venda de sementes e espécimes. Em 1878, foi nomeado como primeiro diretor do Jardim Botânico de Antibes. Estudou e pesquisou largamente as plantas, especialmente a aclimação e hibridismo. Em 1862, ganhou o Grande Prêmio do Instituto de Biologia pela obra *Mémoire sur les hybrides du Règne végétal*. A partir de 1862 trocou várias correspondências com Charles Darwin, sendo a última em abril de 1882, poucos dias antes da morte de Darwin, na cidade de Downe. Em 1863, passou a ser Membro da Academia de Ciências da França. Em 1888, publicou o *Manuel de l'acclimateur*. Também publicou a Teoria da Transmutação com base em hibridação. Por toda sua obra é considerado um precursor dos estudos de Mendel. Esta obra inclui relevante bibliografia:

NAUDIN, C. V. Melastomacearum quæ in Musæo Parisiensi continentur monographicae descriptionis et secundum affinitates distributionis tentamen. **Annales des Sciences Naturelles** (Botanique), 3^d ser., v.12, p.196-284, 1849; v.13, p.25-39, p.126-59, p.273-303, p.347-62, 1850; v.14, p.53-76, p.118-65, 1850; v.15, p.43-79, p.276-345, 1851; v.16, p.83-246, 1851; v.17, p.305-82, 1852; v.18, p.85-154, p.257-94, 1852.

NAUDIN, C. V. Considérations philosophiques sur l'espèce et la variété. **Revue Horticole** 4th ser., v.1, p.102-9, 1852.

NAUDIN, C. V. **Melastomacearum, quæ in Musæo Parisiensi continentur monographicae descriptionis et secundum affinitates distributionis tentamen.** Paris: V. Masson, 1853.

NAUDIN, C. V. Organographie végétale. Observations relatives à la nature des vrilles et à la structure de la fleur chez les cucurbitacées. **Annales des Sciences Naturelles** (Botanique), 4th ser., v.4, p.5-19, 1855.

NAUDIN, C. V. Nouvelles recherches sur les caractères spécifiques et les variétés des plantes du genre Cucurbita. **Annales des Sciences Naturelles** (Botanique), 4th ser., v.6, 5-73, 1856.

NAUDIN, C. V. Observations concernant quelques plantes hybrides qui ont été cultivées au Muséum. **Annales des Sciences Naturelles** (Botanique), 4th ser., v.9, 257-78, 1858.

NAUDIN, C. V. Essais d'une monographie des espèces et des variétés du genre Cucumis. **Annales des Sciences Naturelles** (Botanique), 4th ser., v.11, p.5-87, 1859a.

NAUDIN, C. V. Revue des cucurbitacées cultivées au Muséum, en 1859. **Annales des Sciences Naturelles** (Botanique), 4th ser., v.12, 79-164, 1859b.

NAUDIN, C. V. Cucurbitacées cultivées au Muséum d'Histoire Naturelle en 1862. Description d'espèces nouvelles et de quelques formes hybrides obtenues de plantes de cette famille. **Annales des Sciences Naturelles** (Botanique) 4th ser., v.18, p.159-208, 1862.

NAUDIN, C. V. Nouvelles recherches sur l'hybridité dans les végétaux. **Annales des Sciences Naturelles** (Botanique), 4th ser., v.19, p.180-203, 1863.

NAUDIN, C. V. 1864. De l'hybridité considérée comme cause de variabilité dans les végétaux. **Comptes rendus hebdomadaires des séances de l'Académie des Sciences**, v.59, p.837-45, 1864.

NAUDIN, C. V. Nouvelles recherches sur l'hybridité dans les végétaux. Mémoire présenté à l'Académie des Sciences par M. Ch. Naudin en décembre 1861 et couronné dans la séance du 29 décembre 1862. **Nouvelles Archives du Muséum d'Histoire Naturelle**, v.1, p.25-176, 1865.