

JOSÉ TORRES FILHO

**CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA, SELEÇÃO DE
DESCRITORES E ASSOCIAÇÃO ENTRE A DIVERGÊNCIA
GENÉTICA E A HETEROSE EM MELOEIRO**

MOSSORÓ-RN
2008

JOSE TORRES FILHO

**CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA, SELEÇÃO DE
DESCRITORES E ASSOCIAÇÃO ENTRE A DIVERGÊNCIA
GENÉTICA E A HETEROSE EM MELOEIRO**

Tese apresentada à Universidade
Federal Rural do Semi-Árido, para
obtenção do Grau de Doutor em
Agronomia: Fitotecnia.

Orientador: D.Sc. GLAUBER HENRIQUE DE SOUSA NUNES

MOSSORÓ-RN
2008

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

T693c Torres Filho, José.

Caracterização morfo-agronômica, seleção de descritores e associação entre a divergência genética e a heterose no meloeiro / José Torres Filho. -- Mossoró, 2008.

150f.: il.

Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido.

Área de concentração: Agricultura Tropical.

Orientador: Prof. D. Sc. Glauber Henrique de Sousa Nunes.

Co-orientadores: Prof. Ph.D. Manoel Abílio de Queiroz e Ph.D José Jaime Vasconcelos Cavalcanti.

1. *Cucumis melo*. 2. Germoplasma. 3. Interação genótipos x ambientes. I. Título.

CDD: 635.611

Bibliotecária: Keina Cristina Santos Sousa e Silva

CRB/4 1254

JOSÉ TORRES FILHO

**CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA, SELEÇÃO DE
DESCRITORES E ASSOCIAÇÃO ENTRE A DIVERGÊNCIA
GENÉTICA E A HETEROSE EM MELOEIRO**

Tese apresentada à Universidade
Federal Rural do Semi-Árido, para
obtenção do Grau de Doutor em
Agronomia: Fitotecnia.

APROVADA EM: ___/___/___

BANCA EXAMINADORA

Prof^o. D.Sc. Glauber Henrique de Sousa Nunes
Presidente

Ph.D. José Jaime Vasconcelos Cavalcanti
Primeiro Membro

Prof^a. Ph.D. Manoel Abílio Queiroz
Segundo Membro

Prof^o. D.Sc. Josué Fernandes Pedrosa
Terceiro Membro

Prof^a. D.Sc. Maria Zuleide de Negreiros
Quarto Membro

A minha mãe, meu pai e meu avô materno, que
pelejaram na agropecuária, vindo daí a
influência para cursar agronomia.

Dedico

A minha esposa e aos três filhos, por
tudo de bom que representam na
minha vida.

Ofereço.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), por mais uma oportunidade para minha qualificação profissional;

Ao orientador Glauber Henrique de Sousa Nunes por ter desempenhado um papel que transcendeu as funções da orientação;

Ao professor Manoel Abílio de Queiroz, pela visão de futuro na resolução científica dos problemas da agricultura no Semi-Árido e contribuições para este trabalho;

Ao professor Leilson Costa Granjeiro, pela ajuda e sugestões na condução dos dois experimentos de campo;

À professora Regina Célia de Oliveira, pela ajuda na tomada dos dados morfológicos;

Ao coordenador do programa de pós-graduação professor Francisco Bezerra Neto, pelas necessárias cobranças para o cumprimento dos prazos;

Ao colega de doutorado José Robson da Silva, pela ajuda no campo e pelo trabalho de fotografia realizado;

Ao colega e pesquisador do CNPAT Fernando Aragão, pelas várias contribuições ao longo do curso de doutorado;

Aos docentes dos quais fui aluno no doutorado;

À EMBRAPA SEMI-ÁRIDO por ter cedido os acessos de melão que foram usados neste trabalho;

Aos alunos da graduação em Agronomia Gabriel, Hamilton, Igor, Lívia, Mara e Isaías pela enorme ajuda na coleta dos dados;

Aos pesquisadores do Embrapa Agroindústria Tropical Dr. José Jaime Vasconcelos Cavalcanti e à Dra. Patrícia Bordallo pela atenção, paciência e orientação na coleta dos dados;

Ao pessoal de campo da Horta do Departamento de Ciências Vegetais da UFERSA, especialmente ao senhor Antônio, pela competência e carinho com que cuidou dos ensaios em todos os momentos;

Enfim a todos aqueles que contribuíram da forma mais singela até aquelas mais complexas, as quais me fizeram entender que é absolutamente fundamental o trabalho em equipe. Muitíssimo obrigado!

RESUMO

TORRES FILHO, José. **Caracterização morfo-agronômica, seleção de descritores e associação entre a divergência genética e a heterose em meloeiro**. 2008. 150. f. Tese (Doutorado em Agronomia: Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-árido (UFERSA).

Os objetivos do presente trabalho foram caracterizar acessos de meloeiro coletados em áreas de pequenos agricultores do Nordeste brasileiro, selecionar descritores para o agrupamento de acessos e cultivares, investigar os efeitos da interação genótipo x ambiente sobre o agrupamento de acessos e cultivares e verificar a associação entre divergência genética e heterose em meloeiro do tipo Honey Dew. Foram conduzidos dois experimentos para caracterizar e agrupar acessos de meloeiro coletados no Nordeste brasileiro e um terceiro experimento de avaliação de sete linhagens do tipo Honey Dew e seus híbridos. Os experimentos foram conduzidos em blocos casualizados com duas, duas e três repetições, respectivamente. Observou-se grande variação entre os acessos para todos os descritores, em especial nos descritores de fruto. Constatou-se variação entre e dentro dos grupos botânicos estudados, principalmente no grupo *Cantalupensis*. De um modo geral, os acessos foram prolíficos, produtivos, com frutos de tamanho intermediário a grandes, com baixa firmeza da polpa e baixo teor de sólidos solúveis. O descarte de descritores foi necessário para eliminar os problemas de colinearidade na matriz de variância-covariância residual. O descarte dos descritores e o agrupamento dos acessos foram dependentes das condições de avaliação, principalmente devido aos efeitos de ano e da interação acessos x anos. Os descritores descartados na avaliação foram diâmetro do fruto (DF) e peso do fruto (PF), em 2006; diâmetro longitudinal (DL), peso do fruto (PF) e produção (PR), em 2007; e peso de cem sementes (PS), produção (PR) e diâmetro longitudinal (DL) na avaliação conjunta 2006-2007. As análises conjuntas, com e sem descarte, proporcionaram agrupamentos semelhantes, permitindo a obtenção de cinco grupos e a discriminação entre acessos e materiais comerciais. A divergência genética não se correlacionou com a heterose para todas as características avaliadas.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, germoplasma, colinearidade, interação genótipos x ambientes, distância de Mahalanobis.

ABSTRACT

TORRES FILHO, José. **Morpho-agronomic characterization, selection of germplasm descriptors and association between genetic divergence and heterosis in melon plants**. 2008. 150 f. Dissertation (Doctorate in Plant Science) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró, 2008.

The objectives of the present work were to characterize melon plant accessions collected in small farms of the Brazilian Northeast, to select traits for the grouping of accessions and cultivars of melon, to investigate the effects of the genotype x environment interaction and the environment on the grouping of accessions and cultivars and to verify the association between genetic divergence and heterosis in melon of the type Honey Dew. Two experiments were carried out to characterize and to form groups of melon accessions collected in Northeast Brazil and another experiment was conducted to evaluate seven lines of the type Honey Dew and your hybrids. The experiments were laid out in randomized complete blocks design with two, two and three replications, respectively. Great variation was observed among the melon accessions for all the descriptors, especially in the fruit descriptors. Variation was verified among and within botanical groups, mainly in the group *Cantalupensis*. Generally speaking, the accessions were prolific and productives, with fruits of intermediate to big size, with lower pulp firmness and content of soluble solids. The descriptors discard was necessary to eliminate the colinearity in the residual variance-covariance matrix. The discard of the descriptors and the grouping of the accessions were dependent of the evaluation conditions, mainly due to the year effects and the interaction accessions x years. The discarded descriptors in the evaluation were: fruit diameter and fruit mass in 2006; fruit lengthwise diameter, fruit mass and production in 2007; and weight of 100 seeds, fruit production and lengthwise diameter in the 2006-2007 joint analysis. The joint analyses, with and without discard, provided similar groupings, allowing the obtaining of five groups and discrimination between accessions and commercial cultivars. The genetic divergence was not correlated with any parameter for all the evaluated traits.

Keywords: *Cucumis melo*, germoplasm, colinearity, genotypic x environment interaction, Mahalanobis's distance.

LISTA DE FIGURAS

Figura 01	Varição na cor da casca e na cor da polpa de frutos de acessos de meloeiro. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.....	56
Figura 02	Dendrogramas de acessos/cultivares de meloeiro, construído pelo método UPGMA a partir das distancias generalizadas de Mahalanobis. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.....	65
Figura 03	Dendrograma baseado em UPGMA de linhagens de melão Honey Dew avaliadas no município de Mossoró-RN, UFERSA, 200.....	125

LISTA DE TABELAS

Tabela 01	Temperatura média, umidade relativa do ar e precipitação pluviométrica no período de avaliação dos acessos. Mossoró-RN, UFERSA, 2006-2007.....	47
Tabela 02	Caracterização de acessos/cultivares de meloeiro a partir de descritores do fruto. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.....	57
Tabela 03	Média e coeficiente de variação (entre parênteses) de nove descritores avaliados em acessos e cultivares de meloeiro. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.....	62
Tabela 04	Caracterização de acessos/cultivares de meloeiro a partir de descritores da semente, do caule, folha e flor. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.....	64
Tabela 05	Esquema da análise de variância para cada ano analisado. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.....	78
Tabela 06	Esquema da análise conjunta de variância para todos os ambientes avaliados Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007	79
Tabela 07	Resumo da análise de variância de 20 descritores avaliados em acessos/cultivares de meloeiro nos anos de 2006 e 2007. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007	86
Tabela 08	Resumo da análise de variância conjunta de 20 descritores avaliados em acessos/cultivares de meloeiro cultivados em dois anos. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007	87
Tabela 09	Autovalor (λ), porcentagem acumulada do autovalor e ordem das variáveis de maior peso nos últimos autovetores estimados em análise de componentes principais realizada na avaliação de 20 descritores de acessos/cultivares de meloeiros nos anos de 2006 e 2007. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.....	88

Tabela 10	Descritores selecionados e descartados pelos métodos na avaliação de acessos de meloeiro coletados no Nordeste do Brasil. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007	90
Tabela 11	Coefficientes de correlação entre os descritores variantes descartados pelos métodos da seleção direta e reanálise. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007	93
Tabela 12	Tabela 12. Grupos de acessos/cultivares formados pelo critério de Tocher a partir das distâncias generalizadas de Mahalanobis. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.....	95
Tabela 13	Índice de ramificação de consenso obtido a partir de dendrogramas gerados por UPGMA comparados dois a dois. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007	97
Tabela 14	Contribuição relativa de 20 características avaliadas de acessos/cultivares de meloeiros nos anos de 2006 e 2007. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.....	98
Tabela 15	Esquema da análise de variância do modelo II de Griffing (1956) e esperanças matemáticas dos quadrados médios. Mossoró-RN, UFERSA 2005.....	117
Tabela 16	Média de nove características avaliadas em linhagens de melão Honey Dew. Mossoró-RN, UFERSA, 2005.....	123
Tabela 17	Contribuição de cada característica para divergência genética pelo critério de Singh entre linhagens de melão Pele de sapo avaliadas no município de Mossoró-RN. Mossoró-RN, UFERSA 2005.....	125
Tabela 18	Resumo da análise de variância do dialelo conforme modelo 1, método II de Griffing (1956) e estimativas dos componentes quadráticos das capacidades geral e específica de combinação de nove características avaliadas em sete linhagens de melão Honey Dew e seus híbridos. Mossoró-RN, UFERSA, 2005	126

Tabela 19 Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) de nove características avaliadas em sete linhagens de melão Honey Dew e seus híbridos. Mossoró-RN, UFERSA, 2005.....	127
Tabela 20 Estimativas da capacidade específica de combinação de nove características avaliadas em sete linhagens de melão Honey Dew e seus cruzamentos. Mossoró-RN, UFERSA, 2005.....	128
Tabela 21 Estimativas da heterose em relação à média dos pais de nove características avaliadas em sete linhagens de melão Honey Dew e seus cruzamentos. Mossoró-RN, UFERSA, 2005.....	131
Tabela 22 Correlação de Spearman entre as estimativas da distância de Mahalanobis com a capacidade específica de combinação, a heterose e a média dos híbridos, e entre a capacidade específica de combinação e heterose de nove características avaliadas em linhagens de melão Honey Dew e seus híbridos. Mossoró-RN, UFERSA, 2005.....	132

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	17
2 REFERENCIAL TEÓRICO	20
2.1 ORIGEM E DIVERSIDADE DO MELOEIRO	20
2.2 CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA	21
2.3 SELEÇÃO DE DESCRITORES	23
2.4 INTERAÇÃO GENÓTIPOS X AMBIENTES EM MELOEIRO	27
2.5 CRUZAMENTOS DIALÉLICOS	29
2.6 DIVERGÊNCIA GENÉTICA E HETEROSE	32
3 REFERÊNCIAS	35
CAPÍTULO 1 - CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA DE ACESSOS DE MELOEIRO COLETADOS NO NORDESTE BRASILEIRO	41
RESUMO	41
ABSTRACT	42
1 INTRODUÇÃO	43
2 MATERIAL E MÉTODOS	46
2.1 CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL	46
2.2 MATERIAL EXPERIMENTAL	47
2.3 CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS	47
2.3.1 Avaliação em 2006.....	47
2.3.2 Avaliação em 2007.....	48
2.3.3 Delineamento e unidade experimental.....	49
2.3.4 Caracterização dos acessos/cultivares.....	49
2.3.4.1 Descritores da semente.....	49
2.3.4.2 Descritores da planta.....	50
2.3.4.3 Descritores do caule.....	50
2.3.4.4 Descritores da folha.....	50
2.3.4.5 Descritores da flor.....	50

2.3.4.6	Descritores do fruto.....	51
2.4	ANÁLISE ESTATÍSTICA	53
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	54
4	CONCLUSÕES	68
5	REFERÊNCIAS.....	69
CAPÍTULO 2 - SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFO-AGRONÔMICOS DE GERMOPLASMA DE MELOEIRO EM DOIS ANOS DE AVALIAÇÃO		73
	RESUMO	73
	ABSTRACT	74
1	INTRODUÇÃO	75
2	MATERIAL E MÉTODOS	77
2.1	ANÁLISES ESTATÍSTICAS	77
2.1.1	Análises de variância univariadas (individual e conjunta).....	77
2.1.2	Decomposição da Interação Acessos x Ano.....	79
2.1.3	Seleção de descritores.....	80
2.1.4	Medida de dissimilaridade (Distância de Mahalanobis).....	81
2.1.5	Métodos de agrupamentos.....	82
2.1.5.1	Otimização de Tocher.....	82
2.1.5.2	UPGMA.....	83
2.1.6	Colinearidade.....	84
2.1.7	Processamento das análises.....	84
3	RESULTADOS.....	85
4	DISCUSSÃO	99
5	CONCLUSÕES	104
6	REFERÊNCIAS	106
CAPITULO 3 - ASSOCIAÇÃO ENTRE A DIVERGÊNCIA GENÉTICA E A HETEROSE EM LINHAGENS DE MELÃO HONEY DEW.....		109
	RESUMO	109

ABSTRACT	110
1 INTRODUÇÃO	111
2. MATERIAL E MÉTODOS	113
2.1 CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL	113
2.2 MATERIAL EXPERIMENTAL	113
2.3 CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS	115
2.4 DELINEAMENTO EXPERIMENTAL E CARACTERÍSTICAS AVALIADAS	116
2.5 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	116
3 RESULTADOS	123
4 DISCUSSÃO	133
5 CONCLUSÕES	144
6 REFERÊNCIAS	145

1 INTRODUÇÃO

A produção brasileira de melão (*Cucumis melo*) em 2006 atingiu cerca de 500 mil toneladas, gerando receita em torno de 316 milhões de reais e dentre os estados produtores o Rio Grande do Norte foi o maior produtor nacional com produção próxima a 246 mil toneladas (IBGE, 2008). O melão foi o principal produto de exportação do setor primário referente a frutas *in natura* no estado do Rio Grande do Norte em 2006 (FAERN, 2007).

O agropólo Mossoró-Assu, base produtiva da fruticultura potiguar, tem o meloeiro como principal cultura. As grandes empresas produtoras e exportadoras aplicam pesados investimentos em tecnologia de ponta para produção de frutos com a qualidade requerida pelo exigente mercado europeu. A alta tecnologia envolve modernos sistemas de irrigação, uso intensivo de insumos agrícolas e sementes melhoradas, mais especificamente híbridos simples. Existe também uma estrutura para garantir a qualidade do fruto e aumentar a vida pós-colheita, permitindo a chegada com qualidade no mercado externo.

A utilização de cultivares modernas, com uniformidade e elevada produtividade, tem aumentado a erosão genética em muitas culturas, pela diminuição ou perda da variabilidade genética de espécies cultivadas ou seus parentes silvestres, bem como variedades locais, gerando estreitamento da base genética. Essa situação é preocupante para os melhoristas, que muitas vezes recorrem a cultivares tradicionais ou parentes silvestres para promover o melhoramento genético de determinada cultura.

O Nordeste brasileiro dispõe de várias espécies de cucurbitáceas introduzidas há muitos anos por escravos e imigrantes. Essas espécies são cultivadas até hoje na agricultura de sequeiro e subsistência em pequenos estabelecimentos agrícolas, tendo o originado a diversas cultivares tradicionais (QUEIROZ, 1993). Para evitar a perda

desse rico banco de alelos presente entre os agricultores, é necessária a coleta do material e sua caracterização.

A caracterização é uma atividade primordial para geração de conhecimentos sobre germoplasma conservados em bancos ou coleções, por permitir um melhor manejo dos acessos e fornecer subsídios para a conservação e preservação, bem como para utilização em programas de melhoramento. Existem muitos trabalhos de caracterização do meloeiro em vários países do mundo, todavia, no Brasil, não foram encontrados na literatura trabalhos realizados com esse propósito.

A caracterização pode ser realizada com o emprego de descritores morfológicos e agronômicos, sejam eles quantitativos ou qualitativos, ou molecularmente, com os marcadores moleculares. Na caracterização morfo-agronômica, muitos descritores são contemplados, exigindo maior esforço e tempo para coleta dos dados. Todavia, em muitas situações, não há necessidade de um grande número de descritores, sendo mais racional a seleção daqueles que melhor representam a variabilidade existente para essa cultura. No caso do meloeiro, espécie que tem vários descritores definidos pelo IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute) (IPGRI, 2003), ainda não há relatos sobre a seleção de descritores capazes de representar toda a estrutura biológica da espécie.

Outro problema pouco considerado na caracterização morfo-agronômica é o fato dos descritores sofrerem ação ambiental e da interação de genótipos por ambientes. A presença desses dois fatores pode alterar completamente o agrupamento realizado por técnicas multivariadas. Há relatos em que a interação genótipos por ambiente, em características de herança complexa como a produtividade e o teor de sólidos solúveis, é extremamente acentuada em meloeiro (NUNES *et al.*, 2006; SILVA, 2006). Assim sendo, faz-se necessário estudar os efeitos da interação de genótipos por ambiente e do ambiente sobre o agrupamento de acessos.

A utilização pelos melhoristas da divergência genética é muito comum a fim de identificar cruzamentos que possibilitem populações segregantes com maior efeito heterótico e variabilidade. Os resultados são discrepantes, pois apontam associação entre divergência genética e heterose em alguns casos e não-associação em outros. No caso do meloeiro, os resultados ainda são incipientes e também contraditórios. Rizzo (1999) e Barros (2005) concluíram que não há relação significativa entre esses parâmetros, mas Garcia et al. (1998) recomendam a utilização da divergência para definir linhagens genitoras em melão. Com efeito, necessita-se de mais informações sobre a associação entre divergência genética e heterose.

Do exposto, o presente trabalho apresenta como principais objetivos:

- a) caracterizar morfologicamente acessos de meloeiro coletados em pequenas fazendas do Nordeste brasileiro;
- b) selecionar descritores para o agrupamento de acessos e cultivares de meloeiro;
- c) investigar os efeitos da interação e do efeito ambiental sobre o agrupamento de acessos e cultivares de meloeiro;
- d) verificar a associação entre divergência genética e heterose em meloeiro do tipo Honey Dew.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 ORIGEM E DIVERSIDADE DO MELOEIRO

Para a maioria dos autores, a forma selvagem ancestral do meloeiro é originária da África (AKASHI *et al.*, 2001). Conforme comentam Mallick e Massui (1986), a literatura aponta centros primário e secundário do melão. Os diferentes centros citados foram a Índia, a Arábia Saudita e a China. Por outro lado, em um estudo conduzido por mais de 25 anos pelo Instituto de Indústria Vegetal da antiga União Soviética, com 4500 acessos de melões coletados em diferentes partes do mundo, Pangalo (1951) e Filov (1960), citados por Pitrat *et al.* (2000), sugerem que o melão é originário de diferentes regiões como o Irã, a Ásia menor e a Índia.

A espécie *Cucumis melo* L. é diplóide ($2n=2x=24$ cromossomos) e compreende duas subespécies de acordo com a pilosidade do ovário: *C. melo* ssp *melo*, com ovário piloso, e *C. melo* ssp *agrestis*, com ovário ceroso (JEFREY, 1980). O meloeiro está distribuído em todo o mundo, é a espécie que possui a maior variabilidade fenotípica no gênero. A maior parte da variação é observada em seus frutos. O meloeiro tem frutos com formas que variam de esféricas a extremamente alongadas, com peso de poucos gramas a vários quilogramas, sabor da polpa de amargo a doce e diferentes colorações de polpa e casca (STEPANSKY *et al.*, 1999).

A grande variação fenotípica observada no meloeiro levou os botânicos a proporem uma classificação intra-específica. Naudin (1859), citado por Pitrat *et al.* (2000), trabalhando com uma coleção de 2.000 espécimes, dividiu a espécie *Cucumis melo* em dez variedades. O trabalho pioneiro de Naudin (1859) serviu de base para todas as outras classificações subsequentes, como as propostas por outros autores (HAMMER *et al.*, 1986). Munger e Robinson (1991) propuseram uma versão simplificada da classificação de Naudin (1958), dividiram a espécie *Cucumis melo* em

uma variedade selvagem denominada de *Agrestis* e seis variedades ou grupos botânicos: *cantaloupe*, *inodorus*, *conomon*, *dudaim*, *flexuosus* e *momordica*.

Dentro dos grupos estão os tipos de melão, sendo os mais comercializados no Brasil: Amarelo, Honey Dew, Pele de Sapo, Cantaloupe, Gália e Charentais. Os três primeiros tipos de melão pertencem ao grupo botânico *Inodorus* e se caracterizam por serem frutos sem aroma, não climatéricos, resistentes ao transporte e elevada vida pós-colheita. Os melões do tipo Cantaloupe (americano) e Charentais (europeu) são aromáticos, climatéricos, têm elevado teor de sólidos solúveis e baixa conservação pós-colheita. O melão Gália foi desenvolvido pelos israelenses em meados da década de sessenta. Foi 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 melão Honey Dew (ODET, 1985). Os frutos de melão Gália são esféricos, aromáticos, têm peso entre 1.000 a 1.500 g, polpa esverdeada e teor de sólidos solúveis entre 13 e 15 % (KARCHI, 2000).

A divisão em tipos é importante, pois auxilia no processo de classificação e comercialização. Os diversos tipos de melão podem ser cruzados entre si e, na verdade, existe uma continuidade entre eles. As diferentes características fenotípicas dos tipos de melão podem ser combinadas e exploradas nos programas de melhoramento dessa cultura, propiciando a produção de genótipos superiores.

2.2 CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA

A palavra germoplasma, do ponto de vista etimológico, tem duas raízes: *germo*, que significa “princípio rudimentar de um novo set orgânico”; e *plasma*, palavra grega que significa “a formação” e, em sentido mais amplo, “matéria não definida” (QUEROL, 1993). Portanto, germoplasma significa a matéria onde se encontra um princípio que pode crescer e se desenvolver. Germoplasma, do ponto de

vista técnico, pode ser definido como a soma total dos materiais hereditários de uma espécie. Assim sendo, o germoplasma constitui a base física da herança, sendo transmitido de uma geração para outra.

O germoplasma de uma espécie está guardado em um banco de germoplasma que constitui um reservatório de alelos. O germoplasma pode ser composto por parentes silvestres da espécie, cultivares locais (*landraces*), linhagens melhoradas e cultivares atuais (QUEROL, 1993).

As atividades de um banco de germoplasma são a coleta, caracterização, avaliação, documentação e conservação. A coleta dos recursos genéticos pode ser realizada em lavouras familiares, hortas e pomares caseiros, mercados, feiras e *habitats* silvestres. No caso das cucurbitáceas, as principais coletas têm sido feitas em propriedades de pequenos agricultores e feiras. Mais especificamente em meloeiro, as coletas são feitas junto aos agricultores (QUEROL, 1993).

Uma vez disponível, o germoplasma precisa ser bem caracterizado e avaliado. Nessas duas atividades, o papel do curador, indivíduo responsável pela coordenação do banco de germoplasma, é fundamental, pois as informações sobre os acessos e toda a atividade pertinente ao seu produto são suas atribuições. Na avaliação e caracterização, cinco etapas são consideradas, quais sejam: correta identificação botânica; elaboração e cadastro de acessos por espécie; caracterização propriamente dita; avaliação preliminar e avaliação complementar (VALLS, 1998). Essas atividades contribuem sobremaneira para um melhor conhecimento dos acessos, sendo possível a detecção de eventuais duplicações indesejáveis nas coleções.

A caracterização morfo-agronômica tem sido efetuada em coleções de germoplasma para gerar informações sobre a descrição e a classificação do material conservado. Na maioria das coleções, é de praxe a obtenção de dados morfológicos e agronômicos concomitantemente, o que explica a fusão dos nomes. Em plantas perenes, os caracteres podem ser obtidos em diferentes estádios (germinação, juvenil e

adulto), grupos (vegetativo, reprodutivo, produtivo) e modos, ou seja, por observações, registradas em escalas de notas (quantitativas), e/ou por mensurações (quantitativas). A obtenção de descritores em várias etapas é feita com o objetivo de identificar caracteres que possam ser úteis na seleção precoce. Dessa forma, têm sido comum a observação e/ou mensuração de vários caracteres em um mesmo genótipo (CURY, 1993).

Quase sempre, as inúmeras informações obtidas são manipuladas por análise univariada, gerando dificuldades na seleção de indivíduos desejáveis e na determinação da diversidade, como também de medidas que visem à redução de custos e à otimização de coleções (PEREIRA, 1989).

Procedimentos multivariados avaliam o indivíduo na sua multidimensionalidade, proporcionando uma visão holística de cada genótipo (DIAS, 1994). Para esse autor, as técnicas multivariadas têm se mostrado muito adequadas em 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 melão (SENSOY *et al.*, 2006), melancia (SILVA, 2007), abóbora (AMARAL JÚNIOR *et al.*, 1996).

2.3 SELEÇÃO DE DESCRITORES

Nas coleções de germoplasma, o termo descritor é utilizado para se referir a um atributo ou caráter que se observa ou se mensura nos acessos (QUEROL, 1993), sendo capaz de discriminar um acesso de outro. Nesses locais, frequentemente, há um grande número de acessos que necessita ser caracterizado e avaliado, além de ser regra geral as observações e a mensuração de um grande número de caracteres (PEREIRA, 1989).

Em muitos casos, os caracteres são obtidos sem um critério sobre sua real contribuição para a viabilização e esse tipo de procedimento, além de produzir a

duplicação da mesma informação para muitos caracteres, tem contribuído para uma análise multivariada, confusa e de difícil interpretação (DIAS, 1994).

No geral, todo caráter deve apresentar uma parcela de contribuição na variação do germoplasma analisado. Mas há uma tendência de que o aumento do número de descritores avaliados ocasione a presença de caracteres redundantes, posto que esses caracteres quase sempre estão associados a outros (DAHER, 1993). Logo, a eliminação dos redundantes seria uma decisão vantajosa, pois reduziria o trabalho de tomada de dados sem ocasionar perda na precisão da caracterização, especialmente se esses caracteres forem de difícil mensuração e apresentarem baixa variabilidade e estabilidade de expressão (PEREIRA, 1989).

O conjunto reduzido de caracteres após o descarte deve se mostrar efetivo na representação da variação total, além de proporcionar uma redução nos gastos com mão-de-obra e no tempo destinado à tomada de dados.

A seleção de descritores tem sido realizada com base em várias análises estatísticas, podendo-se mencionar: a regressão e interdependência de dados, o coeficiente de repetitividade, variáveis cônicas e componentes principais (CRUZ, 1990). Contudo, a análise de componentes principais vem se destacando como a metodologia mais empregada em bancos e/ou coleções de germoplasma, pois além de identificar os caracteres mais importantes na contribuição de variação total disponível entre os indivíduos analisados, fornece indicação para eliminar os que pouco contribuem (DIAS *et al.*, 1997; ALVES, 2002).

O emprego da análise de componentes principais no descarte de caracteres foi impulsionado a partir da publicação dos trabalhos de Jolliffe (1973). Esse autor, analisando quatro métodos de descarte com base em dados simulados e reais, concluiu que esse procedimento era satisfatório quando o número de caracteres rejeitados fosse igual ao de componentes principais que apresentassem variâncias inferiores a 0,7. Posteriormente, Mardia *et al.* (1979), complementando essa metodologia,

recomendaram o descarte com base na observação dos componentes principais que apresentassem autovalores inferiores a 0,70 e, em cada um desses componentes, fosse descartado o caráter com maior coeficiente de ponderação em valor absoluto (autovetor). Esse procedimento foi denominado, por Cruz (1990), de seleção direta.

Wilches (1983), aplicando a análise de componentes principais em 34 variedades de amendoim, propôs uma seleção prévia antes da utilização da metodologia de Jolliffe (1973) e descartou os caracteres altamente influenciados pelo ambiente, com base na informação da análise de variância univariada realizada para cada caráter. Cruz (1990) menciona outros trabalhos que empregaram a seleção prévia por meio de outras análises estatísticas.

O primeiro trabalho que utilizou essa metodologia no descarte de caracteres redundantes foi realizado por Pereira (1989), quando caracterizou 208 acessos de mandioca com base em 28 caracteres e conseguiu descartar 50% dos caracteres analisados, o que proporcionou redução no trabalho e facilidade na interpretação dos dados. Daher (1993), empregando a mesma metodologia na aplicação de 22 caracteres em 60 acessos de capim-elefante, obteve uma redução de 63,6% no conjunto analisado.

Cury (1993) e Strapasson (1997) propuseram algumas alterações para aumentar a eficiência do descarte com o emprego da análise de componentes principais. O primeiro autor modificou parcialmente a metodologia de Jolliffe (1973) quando estudou 20 caracteres em 30 acessos de mandioca, propondo uma nova análise com os remanescentes após o descarte de cada caráter, além da observação da matriz de correlação fenotípica para auxiliar no descarte dos caracteres redundantes. O procedimento foi realizado até não ser possível discriminar o maior autovetor no último componente principal e considerou, a partir dessa situação, o processo inconsciente. Com essa modificação, reduziu 30% dos caracteres, em vez dos 65% propostos na metodologia inicial, sem perda significativa de informações e concluiu que o número de descarte não deve ser pré-fixado, como sugerido na seleção direta.

Cruz (1990) denominou esse procedimento de seleção com reanálise. No segundo trabalho, o número de acessos era bem inferior ao número de caracteres avaliados, os quais pertenciam a diferentes grupos, descartando os redundantes, dentro de cada grupo, com base na metodologia inicial de Jolliffe (1973). Em seguida, procedeu a mais uma análise, utilizando todos os descritores previamente selecionados para definir o conjunto final de descritores e concluiu que, dos 40 caracteres avaliados, apenas oito seriam importantes na quantificação da avaliação dos acessos.

De modo geral, a seleção direta tem sido o procedimento mais adotado no descarte de caracteres em bancos e/ou coleções de germoplasma, especialmente quando se tomam dados de caracteres morfológicos e agronômicos, simultaneamente, em um grande número de acessos. Um outro procedimento que tem sido adotado para dar maior segurança na seleção de descritores, é o emprego de mais de um procedimento no descarte dos caracteres redundantes (ALVES, 2002; DAHER, 1993; DIAS *et al.*, 1997).

Pelo fato de alguns trabalhos criticarem o emprego da análise de componentes principais no descarte de caracteres, especialmente quando se utiliza o método da seleção direta, considerando um procedimento drástico, faz-se necessária a avaliação de sua eficiência (ALVES, 2002).

A avaliação da eficiência tem sido realizada com base na comparação do poder discriminatório do conjunto de caracteres originais com o dos descritores selecionados. Alguns trabalhos sugerem que essa avaliação seja feita pela comparação dos agrupamentos formados antes e depois do descarte. Por exemplo, Cury (1993) comparou a eficiência do descarte por meio do número de agrupamentos formados por todos os caracteres com os obtidos pelos descritores selecionados, levando em consideração no método de otimização de Tocher. Araújo *et al.* (2002) e Dias (1994) também utilizaram esse mesmo método na comparação da eficiência de descarte em

acessos de cacaueteiro e de cupuaçuzeiro, respectivamente, obtendo agrupamentos próximos, sem perda de informações.

Outras metodologias vêm sendo empregadas na avaliação da eficiência do descarte, como o estudo comparativo dos agrupamentos formados pelo dendrograma (BEKELE *et al.*, 1994) e a comparação por meio de medidas de similaridade, estimativas pelo coeficiente de correlação entre os pares obtidos (r_1) e entre dois conjuntos de componentes (Q_1), utilizada por Strapasson (1997). Essa última metodologia, é indicada para condições onde o número de caracteres é superior ao número de acessos.

2.4 INTERAÇÃO DE GENÓTIPOS POR AMBIENTES EM MELOEIRO

A interação de genótipos por ambientes pode ser entendida como a resposta diferenciada de genótipos, quando submetidos a ambientes diferentes. Nesse caso, o comportamento dos genótipos em um determinado ambiente pode não ser coincidente em outro (RAMALHO *et al.*, 1993; LYNCH e WALSH, 1998). A interação de genótipos x ambientes tem um papel importante no contexto do melhoramento genético vegetal. Como o objetivo do melhorista é identificar genótipos superiores, é fácil perceber que a interação é muito importante, pois ela diminui a correlação entre os valores fenotípicos e genotípicos (FALCONER e MACKAY, 1996).

O termo ambiente é designado por Romagosa e Fox (1993) como um termo geral que envolve uma série de condições sob as quais as plantas são cultivadas. Nesse sentido, o ambiente pode ser um local, ano, práticas culturais, época de semeadura ou mesmo a junção de todos esses fatores. Com isso, quando genótipos são avaliados em diferentes condições, estão sujeitos às variações do ambiente, e os seus comportamentos geralmente são modificados. As variações ambientais que contribuem para a interação com os genótipos, ainda segundo os autores citados, são classificadas

em dois tipos: previsíveis e não-previsíveis. No primeiro tipo de variação estão incluídas todas as características gerais do clima, solo, comprimento do dia, insolação e também os aspectos ambientais determinados pela ação do homem, como época de semeadura, densidade de semeadura, níveis de adubação e outras práticas agrônômicas. Por outro lado, as variações imprevisíveis são flutuações no clima, como a quantidade e distribuição das chuvas, variações da temperatura e outros.

A interação de genótipos x ambientes está associada a dois fatores: o primeiro, denominado de parte simples ou quantitativa, é proporcionado pela diferença de variabilidade entre os genótipos. Nesse caso, a classificação dos genótipos não se altera nos ambientes contemplados no estudo. A interação simples corresponde às mudanças nas magnitudes das diferenças entre os genótipos. O segundo fator é denominado de parte complexa ou qualitativa, e é responsável pela falta ou pela reduzida correlação genética entre os comportamentos dos genótipos nos ambientes. Normalmente, quando a correlação genética é baixa, ocorre uma mudança na classificação dos genótipos, ou seja, há genótipos que apresentam desempenho superior em alguns ambientes, mas não em outros (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 deve-se principalmente à natureza simples, o trabalho do melhorista é facilitado, pois a recomendação das cultivares pode ser feita de maneira generalizada. A predominância de interação complexa indica a presença de materiais adaptados a ambientes particulares, o que traz uma complicação para o melhorista, uma vez que a recomendação é restrita a ambientes específicos (NUNES *et al.*, 2002).

O número de trabalhos que tratam do estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em meloeiro é reduzido. Silva (2006), avaliando nove híbridos de melão amarelo em quatro locais do agropolo Mossoró-Assu, observou a presença da interação

de genótipos por ambientes. O mesmo autor indicou os híbridos Rochedo, Gold Mine e PX 4910606 para todos os ambientes.

Nunes *et al.* (2006) concluíram que a maior parte da interação de genótipos por ambientes em meloeiro avaliada no Rio Grande do Norte é de natureza complexa para a produtividade e o teor de sólidos solúveis. Segundo esses autores, os híbridos do tipo amarelo mais promissores foram AMR-04 e AMR-12.

Avaliando 144 famílias de melão Gália em quatro locais do Rio Grande do Norte, Silva (2006) também observou efeito pronunciado da interação do tipo complexa. O autor verificou que as estimativas de coeficiente de variação genética e variância genética entre famílias são superestimadas pelo componente da interação de genótipos x ambientes, sendo necessárias avaliações em mais de um ambiente. Além disso, recomendou que a seleção deve ser feita com base no comportamento médio das famílias, pois proporciona maiores ganhos com a seleção em relação àqueles obtidos com base na seleção no ambiente individual.

2.5 CRUZAMENTOS DIALÉLICOS

Segundo Kempthorne e Curnow (1961), o emprego de cruzamentos dialélicos teve origem após Sprague e Tatum (1942) definirem os conceitos de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). O sistema de cruzamentos dialélicos corresponde ao intercruzamento de n materiais, dois a dois, produzindo n^2 combinações possíveis, que correspondem aos n materiais, $n(n-1)/2$ híbridos e $n(n-1)/2$ recíprocos desses híbridos, perfazendo uma tabela dialélica completa. Todavia, a obtenção da tabela dialélica completa não é o único esquema de cruzamento utilizado. Variações desse esquema foram introduzidas, com a utilização dos híbridos e seus recíprocos, isto é, excluindo-se apenas os genitores, totalizando $n(n-1)$ combinações ou tratamentos experimentais, ou a utilização dos genitores e seus

cruzamentos, sem os recíprocos, perfazendo $n(n+1)/2$ combinações, e também a utilização apenas dos $n(n-1)/2$ cruzamentos em razão da não-inclusão dos genitores e dos cruzamentos recíprocos (CRUZ e REGAZZI,1994).

De acordo com Sprague e Tatum (1942), a capacidade combinatória, em sua forma mais geral, refere-se ao comportamento de linhagens ou cultivares, quando são usadas em combinações híbridas em um ou vários sentidos, entre si. A capacidade combinatória é subdividida, considerando o modo de ação gênica envolvida, em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). CGC refere-se ao comportamento médio de uma linhagem em uma série de cruzamentos ou combinações híbridas. Por outro lado, a CEC refere-se ao comportamento particular de duas linhagens cruzadas entre si, ou seja, representa o desvio, para melhor ou pior, de um determinado cruzamento, tendo por base a média da CGC dos pais (GRIFFING, 1956a,b).

A capacidade combinatória é diferenciada de acordo com o modo de ação gênica envolvida, sendo que a CGC está associada a genes de efeitos principalmente aditivos, além da parte dominante e epistática, porém, quando o efeito dos locos é apenas aditivo, a variância genética total é a soma das variâncias genotípicas separadas para cada loco. Por outro lado, a CEC depende basicamente dos alelos com efeitos não-aditivos (dominância e/ou epistasia). Para o uso em programas de melhoramento que visam à seleção de genótipos superiores, são mais indicados os genitores com mais alta CGC. Porém, quando o objetivo é exploração de híbridos, a CEC passa a ter um importante valor (GRIFFING, 1956a,b).

Existem vários relatos na literatura sobre cruzamentos dialélicos no meloeiro. Lippert e Legg (1972) estimaram a capacidade geral e específica de combinação, utilizando o método de Griffing (Modelo I). Foram utilizados 10 cultivares de melão (Hale's Best, PMR 45, Campo, Schoon's, Honey Rock, SR 91, Spartan Rock, Pride of Wise, Tip Top e Delicious 51) e seus 45 híbridos F_1 com relação a características

associadas à maturação, dimensões de frutos e produção. A CGC e a CEC foram significativas para o número de dias para a colheita do primeiro fruto e peso médio dos primeiros três frutos colhidos em todos os cruzamentos dialélicos realizados.

Kalb e Davis (1984a) estudaram os efeitos da capacidade geral e específica de combinação, heterose e variância genética para características qualitativas dos frutos de melão. Foram utilizadas seis linhagens e 15 híbridos obtidos dos cruzamentos entre essas linhagens. As capacidades geral e específica de combinação foram significativas para todos os tratamentos, indicando a importância dos efeitos aditivos dos genes. Foram obtidos valores altos de heterose em relação à média dos pais para densidade de rendimento, conteúdo de sólidos solúveis, dimensões de polpa, espessura da casca, dimensões da cavidade interna e teor de umidade no interior da cavidade.

Kalb e Davis (1984b) avaliaram a variância genética e determinaram a herdabilidade da produtividade, maturação e características das plantas. Diferenças significativas foram encontradas para a maior parte das características, exceto para produção total e número de plantas doentes. A CGC foi altamente significativa para todas as características e conseqüentemente maior que a CEC, indicando a importância do efeito aditivo. A CEC foi significativa para produção, peso de fruto, número de colheitas, número de dias para ocorrência da primeira flor feminina, para frutificação, diâmetro e altura da planta.

Lopes (1991) avaliou cinco cultivares de melão (Eldorado-300, Fidalgo, Honey Dew, Hale's Best Jumbo e Caipira) e seus híbridos, e estimou a heterose, a CGC e CEC destes segundo o método de Griffing (Modelo 2 e 1). Observou-se que o caráter monóico foi dominante sobre o andromonóico. O rendimento demonstrou dominância parcial. A coloração da casca verde foi dominante sobre a amarela em cruzamentos entre genótipos do grupo inodorus, enquanto que a coloração da casca amarela foi dominante em cruzamentos entre os genótipos dos grupos inodorus e cantalupense. A coloração de polpa laranja dominou a branca. Os genitores 1 e 4

apresentaram elevados valores de CGC, enquanto os híbridos 1x5 e 2x5 apresentaram os melhores valores de CEC.

Rizzo (1999) avaliou a divergência genética, a CGC, a CEC, a ocorrência ou não de efeitos recíprocos e os efeitos da heterose entre cinco genótipos, seus 10 híbridos F₁ e 10 recíprocos. Os efeitos da CGC revelaram que os genótipos JAB-20, JAB-23 e 'Bônus nº 2' destacaram-se com relação ao número de flores masculinas por planta e produção total de frutos por m²; JAB-22 e JAB-23 para diâmetro médio longitudinal do fruto e 'Bonus nº 2', para diminuição do desprendimento da semente. A melhor combinação híbrida foi JAB-20 x JAB-21 para menor número de flores masculinas por planta, desprendimento de sementes, e aumento na produção total de frutos por m² e diâmetro médio longitudinal do fruto. Detectou-se efeitos recíprocos nas características: produção total de frutos por m², desprendimento de sementes e coloração do mesocarpo e epicarpo.

2.6 DIVERGÊNCIA GENÉTICA E HETEROSE

A divergência genética, com base em caracteres morfo-agronômicos, tem sido muito utilizada pelos pesquisadores para identificar cruzamentos com potencial de se obter populações segregantes com alta variabilidade. Os estudos de divergência permitem uma orientação inicial, a qual auxiliará o melhorista na tomada de decisão sobre quais cruzamentos podem ser realizados (OLIVEIRA *et al.*, 1996).

Existem várias metodologias utilizadas na escolha de genitores, dentre as quais está aquela que se baseia nas próprias cultivares pela estimativa da divergência genética. Para o estudo da divergência genética, os procedimentos mais empregados são aqueles que utilizam técnicas multivariadas como análise por componentes principais, por variáveis canônicas, análise de fatores, de agrupamento e a distância

generalizada de Mahalanobis (CRUZ e REGAZZI, 1994; MACHADO *et al.*, 2000a; MACHADO *et al.*, 2002).

A heterose é um termo empregado para descrever a superioridade de uma combinação híbrida em relação à média dos seus genitores (BOS e CALIGARI, 1995). A heterose também é denominada de vigor híbrido e é definida pela seguinte expressão, adaptada de Falconer (1981): $h = \bar{F}_1 - (\bar{P}_1 + \bar{P}_2) / 2$, em que \bar{F}_1 é a média da geração filial e \bar{P}_1 e \bar{P}_2 são as médias dos genitores 1 e 2, respectivamente. A heterose se manifesta quando a média fenotípica estimada no híbrido é maior (heterose positiva) ou menor (heterose negativa) do que a média dos genitores. Convém ressaltar que os pais não necessariamente precisam ser linhagens. Pode-se obter híbridos de variedades (híbridos intervarietal) e de híbridos simples e duplos, dentre outros.

Ainda conforme Falconer (1981), a heterose pode ser definida como o produto entre o quadrado da divergência genética (y^2) e a dominância (d). Assim sendo, para a manifestação da heterose é preciso que os pais sejam divergentes nos locos com dominância. Se não houver dominância ou se a divergência entre os genitores for nula, então a heterose não se manifesta.

No caso do meloeiro, alguns trabalhos realizados fora do país têm evidenciado a presença de heteroses positivas e negativas para características de importância econômica, tais como produtividade, teor de sólidos solúveis, firmeza e espessura da polpa (LIPPERT e LEGG, 1972; KALB e DAVIS, 1984a,b; ABADIA *et al.*, 1985; RANDHAWA e SINGH, 1990).

No Brasil, trabalhando cultivares de melão (híbridos e variedades), Lopes (1991) observou heteroses positivas para a produtividade, peso médio do fruto e o teor de sólidos solúveis. Rizzo (1999), trabalhando com linhagens de melão rendilhado constatou principalmente heteroses negativas para as principais características avaliadas. Paiva (2002) observou heteroses positivas para a produtividade, teor de

sólidos solúveis e outras características do fruto e da planta, quando trabalhou com linhagens de vários tipos de melão.

Rizzo (1999) e Barros (2005) observaram correlação não-significativa entre a divergência genética e a heterose. Paiva (2002), avaliando a relação da divergência genética entre linhagens de melão e a heterose de seus híbridos, verificou correlações significativas entre a distância de Mahalanobis e a heterose para produção por planta e diâmetro da cavidade interna. Contudo, segundo a autora, a heterose favorável nos híbridos nem sempre ocorreu quando se utilizaram linhagens divergentes, enquanto que cruzamentos entre linhagens com pequenas distâncias de Mahalanobis manifestaram essa característica. Todavia, Garcia *et al.* (1998) recomendam a utilização da distância genética, principalmente com base em marcadores RAPD, para orientar cruzamentos em meloeiro.

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.

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

ALVES, R. M. **Caracterização genética de populações de cupuaçuzeiro, *Theobroma grandiflorum* (Will ex Spreng) Schum., por marcadores microssatélites e descritores botânico-agronômicos**. 2002. 146 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

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.

ARAÚJO, D.G. de; CARVALHO, S. P.; ALVES, R. M. Divergência genética entre clones de cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum* Willd ex Spreng Schum). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.26, n.1, p. 13-21, jan./mar. 2002.

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

BEKELE, F.L.; KENNEDY, A. J.; McDAVID, C.; LAUCKNER, F.B.; BEKELE, I. Numerical taxonomic studies on cacao (*Theobroma cacao* L.) in Trinidad. **Euphytica**, Dordrecht, v.75, n. 3, p.231-240, 1994.

BOS, I.; CALIGARI, P. **Selection methods in plant breeding**. London: Chapman & Hall, 1997. 347p.

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.

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, maio/jun. 1991.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV. Imprensa Universitária, 1994. 390p.

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) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

DAHER, R. F. **Diversidade morfológica e isoenzimática em capim elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.)**. 1993. 110 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

DIAS, L. A. dos S. **Divergência genética e análise 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, L. A. dos S.; KAGEYAMA, P. Y.; CASTRO, G. C. T. Divergência genética multivariada na preservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.). **Agrotrópica**, Bahia, v. 9, n. 1, p. 29-40, 1997.

FAERN-FEDERAÇÃO DA AGRICULTURA DO ESTADO DO RIO GRANDE DO NORTE. **Perfil do Agronegócio no Rio Grande do Norte**. Natal [2007.]. Disponível em www.faern.com.br/upload%5CPERFIL%20DO%20AGRONEG%20C3%93CIO%20DO%20RN.doc. Acesso em: 15 jan. 2008.

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

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.nd. Longman Edit. Malasya, 1996. 464p.

GARCIA, E.; JAMILENA, 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.

GRIFFING, B. A concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal Biology Science**, East Malbourne, v.9, p. 463-493, 1956a.

GRIFFING, B. A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. **Heredity**, Oxford, v. 10, n.1, p. 31-50, 1956b.

HAMMER, K.P.; HANELT, P.; PERRINO, P. Carosello and taxonomy of *Cucumis melo* L. especially of its vegetable races. **Kulturpflanze**, v.34, n.1, p. 249-259, 1986.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA-IBGE. Produção agrícola municipal: quantidade produzida Rio Grande do Norte, [2008]. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/listabl.asp?c=1612&z=t&o=11>> Acesso em: 22 jan. 2008.

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

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

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

JOLLIFFE, I. T. Discarding variables in a principal component analysis. II: real data. **Journal of the Royal Statistical Society Series C - Applied Statistics**, London, v. 22, n. 1, p. 21-31, 1973.

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. 411-4115, 1984a.

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, 1984b.

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.

KEMPTHORNE, O; CURNOW, R.N. The partial diallel cross. **Biometrics**, v. 17, p. 229-250, 1961.

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.

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. 33 f. Dissertação de mestrado.- ESAM, Mossoró.

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

MACHADO, C.F.; NUNES, G.H.de.S.; FERREIRA, D.F.; SANTOS, J.B.dos. 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.dos.; 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, 2000a.

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

MARDIA, K.L.; KENT, J.T.; BIBBY, J.M. **Multivariate analysis.** London: Academic Press, 1979. 521 p.

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

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.

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-Assu. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 9, p.1369-1376, 2006.

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 Agroindustrial Mossoró-Assu. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 9, p. 57-67, 2006.

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

OLIVEIRA, L.B.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de 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. Divergência genética entre linhagens de melão e a heterose de seus híbridos. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.20, n.1, p. 34-37, 2002.

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.

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.

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

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

RANDHAWA, K.S.; SINGH, M.J. Assentment 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.

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.

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. chapter 20, p. 375-390.

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.

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

SILVA, M. L. da; QUEIROZ, M. A. de e FERREIRA, M. A. J. de F. Variabilidade Genética de Acessos de Melancia Coletados em Três Regiões do Estado da Bahia. **Caatinga** (Mossoró, Brasil), v. 40, n. 4, p. 93-100, 2007.

SPRAGUE, G.F.; TATUM, L.A. . General vs specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of American Society of Agronomy**, v. 34, n.3, p.923-932.

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

STRAPASSON, E. **Seleção de descritores na caracterização de germoplasma de *Paspalum* através de componentes principais**. 1997. 95 p.(Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.

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

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto-SP: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.

WILCHES, M. O. Evaluación de treinta y cuatro variedades de mani mediante técnicas multivariadas. **Revista ICA**, v. 18, n.1, p. 67-76, 1983.

CAPITULO 1

CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA DE ACESSOS DE MELOEIRO COLETADOS NO NORDESTE BRASILEIRO

RESUMO

TORRES FILHO, José. **Caracterização morfo-agronômica de acessos de meloeiro coletados no nordeste brasileiro**. 2008. 150 f. Tese (Doutorado em Agronomia: Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-árido (UFERSA).

O objetivo do presente trabalho foi caracterizar morfológicamente acessos de meloeiro coletados no Nordeste brasileiro. Foram avaliados 42 acessos e quatro cultivares comerciais, nos anos de 2006 e 2007, em dois experimentos em blocos completos casualizados com duas repetições, conduzidos na Horta do Departamento de Ciências Vegetais, UFERSA, Mossoró-RN. Foram utilizados 24 descritores, sendo um da semente, 11 de frutos, sete da inflorescência, quatro da folha e dois da planta. Os acessos pertenciam aos grupos botânicos *Cantalupensis*, *Momordica*, *Conomon*, *Inodorus* e a um grupo não identificado. Observou-se grande variação entre os acessos para todos os descritores, em especial nos descritores de fruto. Constatou-se variação entre e dentro dos grupos botânicos estudados, principalmente no grupo *Cantalupensis*. De um modo geral, os acessos eram prolíficos, produtivos, com frutos de tamanho intermediário a grandes, com baixa firmeza da polpa e baixo teor de sólidos solúveis. A caracterização dos acessos quanto aos descritores de fruto pode auxiliar os programas de melhoramento. Alguns acessos podem ser utilizados para aumentar a prolificidade e a produtividade do meloeiro por meio de cruzamentos com cultivares ou linhagens melhoradas.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, recursos genéticos, germoplasma.

ABSTRACT

TORRES FILHO, José. **Morpho-agronomic characterization of melon accessions collected in the Brazilian Northeast Brazil**. 2008. 150 f. Thesis (Doctorate in Agronomy/Crop Science) – Universidade Federal Rural do Semi-árido (UFERSA).

The objective of the present work was to characterize melon plant accessions collected in Northeast Brazil. Forty two accessions and four cultivars were evaluated, in the years of 2006 and 2007, in two experiments designed in randomized complete blocks with two replications carried out at Horta do Departamento de Ciências Vegetais of the Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró-RN. Twenty four descriptors were used, being one of the seed, eleven of the fruits, seven of the inflorescence, four of the leaf and two of the plant. The accessions belonged to the botanical group *Cantalupensis*, *Momordica*, *Conomon*, *Inodorus* and a not defined group. Great variation was observed among the accessions for all the descriptors, especially for the fruit descriptors. Variation was verified among and within of the studied botanical groups, mainly in the group *Cantalupensis*. Generally speaking, the accessions were prolific and productives, with fruits of intermediate to big size, with lower pulp firmness and content of soluble solids. The characterization of the accessions as for fruit descriptors can help the melon breeding programs. Some accessions can be used to increase the prolificacy and the productivity of the melon through crossings with bred cultivars and lines.

Keywords: *Cucumis melo*, genetic resources, germoplasm.

1 INTRODUÇÃO

A família botânica com grande número de espécies cultivadas, apresentando variedades tradicionais, é a Cucurbitaceae. Dentre as espécies de importância econômica de Cucurbitaceae com riqueza de variedades tradicionais estão as abóboras (*Cucurbita* spp.), a melancia (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum & Nakai.) e o melão (*Cucumis melo* L.). As variedades tradicionais, também denominadas de *landraces* ou variedades crioulas, podem ser definidas como sendo plantas cultivadas, adaptadas aos locais e culturas onde se desenvolveram, estando presentes nos bancos de sementes de muitos agricultores, principalmente em países em desenvolvimento, justamente por se constituírem como garantia de plantio no ano seguinte (DOMINGUEZ *et al.*, 2000).

O meloeiro, apesar de ter seus centros de origem, domesticação primária e secundária em regiões distantes do Brasil, possui variedades tradicionais adaptadas às diferentes condições edafo-climáticas. As variedades tradicionais de melão, introduzidas desde o século XVI pela imigração, ainda existem devido aos trabalhos de seleção realizados por vários ciclos por pequenos agricultores. As referidas variedades têm sido coletadas na agricultura de subsistência de vários estados do Nordeste brasileiro (TAVARES, 2002), bem como em outros estados (DELWING *et al.*, 2007).

O trabalho de coleta, multiplicação e caracterização de acessos tem grande importância por dois aspectos. O primeiro está relacionado com a própria preservação da variabilidade genética existente na agricultura tradicional. A intenção é manter essa variabilidade presente nas propriedades, conservando-a em bancos de germoplasma ou mesmo *in loco*, evitando, por conseguinte, a erosão genética pela introdução de cultivares melhoradas. No caso do meloeiro, uma situação bem particular ocorreu no agropolo Mossoró-Assu, Rio Grande do Norte e no Vale do Jaguaribe, Ceará, principais regiões produtoras do país, a partir da década de oitenta. As grandes empresas produtoras e exportadoras começaram a adotar alta tecnologia nas lavouras

meloceiras, com elevados investimentos em sistemas de irrigação modernos, grande quantidade de insumos e sementes de híbridos simples. Essas empresas terceirizaram parte da produção, incluindo o trabalho de médios e pequenos agricultores, do montante de melão produzido para os mercados europeus e americanos. Essa situação certamente ocasionou perdas de variabilidade genética do meloeiro.

Um segundo aspecto está relacionado com os programas de melhoramentos dessa hortaliça, pois as variedades tradicionais são importantes principalmente por se constituírem em fontes de alelos. Com efeito, as informações geradas na caracterização auxiliam o melhorista na identificação de genitores com fenótipos desejáveis, como resistência aos principais patógenos da cultura, alto teor de sólido solúveis e longa vida pós-colheita. Em melão, um exemplo de sucesso no melhoramento genético é a utilização de acessos de melão indiano, *snappmelo*, pertencentes ao grupo *Momordica* (Roxb.) Duthie et Fuller como fontes de resistência ao fungo *Podosphaera xanthii*, agente causal do oídio (DHILLON *et al.*, 2007).

Com meloeiro, há artigos caracterizando, morfológicamente e geneticamente, acessos de diversos países, como Espanha (LÓPEZ-SESÉ *et al.*, 2002), Portugal (CARNIDE *et al.*, 2004), Grécia (STAUB *et al.*, 2004), Hungria (SZABÓ *et al.*, 2005), Japão (NAKATA *et al.*, 2005), Turquia (SENSOY *et al.*, 2006), Índia (DHILLON *et al.*, 2006) e Albânia (LOTTI *et al.*, 2007). Em todos os trabalhos citados, constatou-se grande variabilidade entre os acessos avaliados, confirmando a grande variação da espécie *Cucumis melo* L.

No Brasil, foram realizados trabalhos de caracterização morfológica com *C. lanatus* (ROMÃO, 2000), *C. moschata* (RAMOS *et al.*, 2000) e *C. maxima* (AMARAL JUNIOR *et al.*, 1996). Não obstante, não há trabalho de caracterização de germoplasma coletadas nos agrossistemas brasileiros, sendo, portanto, necessária a sua realização.

Diante dessas considerações, o objetivo do presente trabalho foi investigar a magnitude da variabilidade morfo-agronômica entre os acessos de meloeiro coletados no nordeste brasileiro.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL

Os experimentos foram conduzidos na Horta Experimental e Laboratório de Pós-colheita do Departamento de Ciências Vegetais da Universidade Federal Rural do Semi-árido - UFERSA. Mossoró-RN, nos períodos de 12/09/2006 a 5/12/2006 e de 15/08/2007 a 17/10/2007.

O município de Mossoró está situado na latitude sul 5° 11', longitude 37° 20' a oeste de Greenwich e com altitude de 18 m. O clima, segundo a classificação de Koppen é 'BSWh' (muito seco, com estação de chuva no verão atrasando-se para o outono) (CARMO FILHO e OLIVEIRA, 1989).

O solo da área experimental foi classificado como Argissolo Vermelho-Amarelo Eutrófico abrupto, textura areia-franca (EMBRAPA, 1999), relevo plano. Foram retiradas amostras da área experimental, cuja análise química, processada no Laboratório de Análises de Solo, Água e Planta da Empresa de Pesquisa Agropecuária do Rio Grande do Norte S/A - EMPARN, revelou os resultados apresentados a seguir: pH (água 1:2,5)= 7,94; Ca = 2,83 cmol_c kg⁻¹; Mg = 0,69 cmol_c kg⁻¹; Al = 0,0 cmol_c kg⁻¹; (H + Al)= 0,36; P= 233 mg kg⁻¹; K=70 mg kg⁻¹; Na= 37 mg kg⁻¹ e condutividade elétrica extrato (1:5 dS.m⁻¹)= 0,043.

Os dados de temperatura média, umidade relativa do ar e precipitação pluvial estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Temperatura média, umidade relativa do ar e precipitação pluvial do período de avaliação dos acessos. Mossoró-RN, UFERSA, 2006-2007.

Mês	2006			2007		
	T (°C)	UR (%)	PP (mm)	T (°C)	UR (%)	PP (mm)
AGO	27,5	62,9	39,6	27,7	55,8	3,6
SET	28,3	62,1	9,7	28,5	57,0	0,0
OUT	28,8	62,7	0,0	28,7	58,5	0,0
NOV	28,6	66,4	0,0	28,8	62,9	0,0
DEZ	28,7	74,3	0,0	28,8	66,6	33,2

T(°C): temperatura média; UR (%): umidade relativa do ar; PP (mm): precipitação pluviométrica.

2.2 MATERIAL EXPERIMENTAL

Foram avaliados quarenta e dois acessos de meloeiro oriundos do Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas do Centro de Pesquisa Agropecuária do Trópico Semi-árido (CPATSA) e quatro cultivares comerciais (Tabela 2).

2.3 CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS

2.3.1 Avaliação em 2006

O preparo do solo constou de uma aração e uma gradagem, seguidas de sulcamento em linhas espaçadas de 2,0 m com profundidade de aproximadamente 20 cm, onde foi realizada a adubação de fundação, utilizando-se 4,0 t ha⁻¹ de polifétil e 120 kg ha⁻¹ de P₂O₅ na forma de superfosfato simples. Os adubos foram aplicados nos sulcos de plantio e incorporados com enxada rotativa. As adubações de cobertura foram realizadas via fertirrigação, com início sete dias após o transplântio. Foram utilizadas as seguintes fontes: uréia e ácido nítrico: 126,7 kg ha⁻¹; cloreto de potássio: 252,2 kg ha⁻¹ e ácido fosfórico: 66,1 kg ha⁻¹. A partir da segunda semana, foram feitas adubações foliares, semanalmente, junto com os defensivos, empregando, 40 mL por

20,0 L de solução dos produtos contendo: 0,6 g L⁻¹ de Mg; 0,8 g L⁻¹ de Ca; 0,05 g L⁻¹ de B; 0,3 g L⁻¹ de Zn; 0,2 g L⁻¹ de Mn e 0,01 g L⁻¹ de Mo.

As sementes dos acessos/cultivares foram semeadas em bandejas de poliestireno expandido com 128 células compostas do substrato comercial Plantmax®, sendo o transplântio realizado quando as mudas estavam com um par de folhas definitivas.

Foi aplicado semanalmente Vertemec para controlar a mosca-minadora (*Liriomyza trifolii* L.). Realizaram-se as demais práticas culturais de acordo com Nunes et al., 2004.

2.3.2 Avaliação em 2007

O preparo do solo constou de uma aração e uma gradagem, seguidas de sulcamento em linhas, espaçadas de 2,0 m com profundidade de aproximadamente 20 cm, onde foi realizada a adubação de fundação, utilizando-se 4,0 t ha⁻¹ de polifétil e 120 kg ha⁻¹ de P₂O₅. Os adubos foram aplicados nos sulcos de plantio e incorporados com enxada rotativa. As adubações de cobertura foram realizadas via fertirrigação, com início sete dias após o transplântio. Foram utilizadas as seguintes fontes: uréia e ácido nítrico: 127,0 kg ha⁻¹; cloreto de potássio: 253,2 kg ha⁻¹ e ácido fosfórico: 68,1 kg ha⁻¹. A partir da segunda semana, foram feitas adubações foliares, semanalmente, junto com os defensivos, empregando, 40 mL por 20,0 L de solução dos produtos contendo: 0,6 g L⁻¹ de Mg; 0,8 g L⁻¹ de Ca; 0,05 g L⁻¹ de B; 0,3 g L⁻¹ de Zn; 0,2 g L⁻¹ de Mn e 0,01 g L⁻¹ de Mo.

As sementes dos acessos/cultivares foram semeadas em bandejas de poliestireno expandido, com 128 células compostas do substrato comercial Plantmax®, sendo o transplântio realizado quando as mudas estavam com um par de folhas definitivas.

Foi aplicado semanalmente Vertemec para controlar a mosca-minadora (*Liriomyza trifolii* L.). As demais práticas culturais foram realizadas de acordo com Nunes *et al.*, 2004.

2.3.3 Delineamento e unidade experimental

Os dois experimentos foram conduzidos em blocos completos casualizados com 46 tratamentos (acessos e cultivares) e duas repetições. A unidade experimental, em 2006, foi composta por uma linha de 2,5 metros, totalizando 5 plantas por parcela. Em 2007, a unidade experimental foi composta por uma linha de 6,0 metros, totalizando 12 plantas por parcela. O espaçamento da cultura foi de 2,0 m entre linhas por 0,5 m entre plantas.

2.3.4 Caracterização dos acessos/cultivares

Os acessos e cultivares foram caracterizados a partir dos seguintes descritores morfo-agronômicos, relacionados a partir da relação do IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute) (IPGRI, 2003).

2.3.4.1 Descritores da semente

- Peso de 100 sementes: obtido pela pesagem de 100 sementes em balança de precisão. As sementes foram retiradas dos frutos e colocadas para secar em papel jornal em condições ambiente, durante 15 dias. Foi feita uma mistura (*bulk*) das sementes dos frutos selecionados ao acaso.

2.3.4.2 Descritores da planta

- Comprimento da haste principal: medido com o auxílio de régua graduada em milímetro. A mensuração foi feita a partir do colo da planta até a extremidade final da haste, no final do ciclo da planta;

- Número de hastes secundárias: obtido a partir da contagem das hastes, excetuando-se a principal, no final do ciclo da planta.

2.3.4.3 Descritores da folha

- Número de lóbulos: obtido pela contagem do número de lóbulos da folha;

- Razão foliar: obtido pela razão entre o comprimento e a largura da folha. O comprimento da folha correspondeu à distância entre o ponto de inserção do pecíolo e a extremidade oposta do limbo. A largura foliar correspondeu à maior distância horizontal entre as bordas extremas;

- Comprimento do pecíolo: obtido pela mensuração com régua graduada em milímetro. A mensuração foi feita a partir da base do pecíolo até a sua extremidade final.

2.3.4.4 Descritores da flor

- Número de dias para o florescimento: foram contados o número de dias para o aparecimento da primeira flor masculina em 50% das plantas da parcela;

- Comprimento da pétala: obtido pela mensuração com régua graduada em milímetro. O comprimento da pétala correspondeu à distância das duas extremidades longitudinais;

- Comprimento da corola: obtido pela mensuração com régua graduada em milímetro. O comprimento da corola correspondeu à distância das duas extremidades longitudinais;

- Largura da corola: obtido pela mensuração com régua graduada em milímetro. O comprimento da corola correspondeu a maior distância horizontal entre as bordas;

- Comprimento do cálice: obtido pela mensuração com régua graduada em milímetro. O comprimento do cálice correspondeu à distância das duas extremidades longitudinais.

2.3.4.6 Descritores do fruto

- Cor principal da casca: verificada pela observação visual de cada fruto;

- Cor principal do mesocarpo: verificada pela observação visual de cada fruto;

- Número médio de frutos por planta: obtido pela razão entre todos os frutos colhidos da parcela e o número de plantas da parcela (stand final);

- Massa média do fruto: obtida pela razão entre a massa total dos frutos colhidos e pelo número de frutos. Os frutos foram pesados em balança eletrônica com capacidade de 25,0 kg e precisão de 0,01 g. O resultado foi expresso em $\text{kg} \cdot \text{fruto}^{-1}$.

- Produtividade da planta: obtida pela pesagem de todos os frutos colhidos da parcela. Os frutos foram pesados em balança eletrônica com capacidade de 25,0 kg. e precisão de 0,01g O resultado foi expresso em t . ha⁻¹;

- Diâmetro longitudinal médio do fruto: obtido pela mensuração com régua graduada em milímetro. Os frutos foram seccionados longitudinalmente e a mensuração foi realizada em uma banda de cada fruto, medindo-se o seu maior comprimento desde a inserção do pedúnculo até a extremidade oposta, expresso em cm;

- Diâmetro transversal médio do fruto: obtido pela mensuração com régua graduada em milímetro. Os frutos foram seccionados longitudinalmente e foi realizada a mensuração do diâmetro de uma banda de cada fruto, expresso em cm;

- Índice de formato: obtido pela razão entre o diâmetro longitudinal médio e o diâmetro transversal médio;

- Espessura média da polpa: obtida pela mensuração com régua graduada em milímetro. Os frutos foram seccionados longitudinalmente e as mensurações foram realizadas em cada lado de uma das bandas de cada fruto, medindo-se na parte mediana o comprimento do mesocarpo, excluindo-se a casca. Efetuou-se a média de duas mensurações. Expressa em cm.;

- Firmeza média da polpa: o fruto foi seccionado longitudinalmente, e em cada banda foi medida a resistência através de um penetrômetro com pluger de ponta cônica de 8 mm de diâmetro, na região mediana comestível de cada parte do fruto (quatro leituras por fruto em regiões diferentes), equidistante em relação ao comprimento e à espessura

do mesocarpo. Os resultados no aparelho foram expressos em libras (lb), posteriormente convertidas em Newton (N), em que um Newton correspondente a uma libra x 4,45;

- Teor de sólidos solúveis: determinado através de refratometria digital, obtido pela retirada de uma fatia de cada um dos frutos, cortada longitudinalmente, pressionando-a manualmente até a liberação do suco no visor do refratômetro, Modelo PR-100 Paletti com correção automática de temperatura. Realizaram-se duas leituras, calculando-se o valor médio do fruto, expresso em percentagem de °Brix.

Para avaliação dos descritores do fruto, foi considerada uma amostra aleatória de 10 frutos por parcela.

2.3.5 Análise estatística

Foram estimadas as médias aritméticas, os valores mínimos e máximos para os acessos, considerando as duas avaliações em conjunto de cada descritor. Estimou-se o coeficiente de variação entre as médias dos acessos para cada descritor. Utilizou-se o programa R[®] 2.6.2 para processar todas as análises.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 DESCRITORES DO FRUTO

Dos 42 acessos coletados, aproximadamente 50% pertenciam ao grupo botânico *Cantalupensis*, seguido pelos grupos *Momordica* (19,05%) e *Conomon* (14,29%). Todavia, quase um quinto dos acessos não foram identificados quanto ao grupo botânico (Tabela 2).

Observou-se uma grande variação na cor da casca e na cor da polpa entre os acessos (Figura 1). A maioria dos acessos apresentou coloração de casca amarela (43,48%), seguida pelas cores branca (30,43%) e verde (21,74%). Apenas o híbrido ‘HDRF’ possui coloração creme, enquanto que o acesso A-32 possui casca de tipo rajada em verde e amarela.

Com relação à cor da polpa, a maior parte dos acessos tem cor de polpa branca (58,70%), seguida da cor salmão (23,91%) e branco-esverdeada (10,87%). Apenas três acessos tinham cor de polpa verde (6,52%).

Os acessos diferiram quanto ao número de frutos por planta, com uma amplitude de 10,1 frutos por planta. Os acessos A-16 e A-17, grupo *Conomon*, foram os mais prolíficos, com 11,0 e 7,3 frutos por planta; seguidos do acesso A-15, grupo *Momordica*, com 6,9 frutos por planta. Considerando o coeficiente de variação, esse descritor foi o mais variável entre os avaliados (Tabela 2).

Houve grande variação quanto ao peso médio do fruto, com pesos de 0,4 a 2,4 kg e um coeficiente de variação 34%. Conforme a lista dos descritores do meloeiro publicada pelo IPGRI, existem acessos de frutos pequenos (\cong 0,4 kg), pequenos a intermediários (\cong 0,8 kg), intermediários (\cong 1,2 kg), intermediários a grandes (\cong 1,6 kg), grande (\cong 2,0 kg) e grandes a muito grandes (\cong 2,6 kg). Os acessos A-34 e A-35

destacaram-se com frutos superiores a 2,0 kg, enquanto os acessos A-9, A-11, A-12, A-16, A-17, A-21 e A-32 possuíram frutos menores do que 1,0 kg. Dentre os referidos acessos, apenas A-12 e A-32 não pertencem ao grupo botânico *Conomon*.

Com relação à produtividade, observou-se a segunda maior variação, com amplitude total de 52,7 kg.ha⁻¹ e o segundo maior coeficiente de variação (38,8%). Os acessos A-2, A-15, A-20, A-35, A-36 e A-38 foram os mais produtivos (Tabela 2), enquanto os acessos A-10, A-34, A-43 e A-46 foram os menos produtivos.

Os frutos variaram quanto ao índice de formato, definido como a relação entre o comprimento longitudinal e o transversal, com valores entre 1,1 e 2,5 apresentando um coeficiente de variação de 21,0 %. A variabilidade no formato do fruto pode ser observada na Figura 1. Segundo Paiva (2000), frutos com forma esférica têm índice de formato inferior ou igual a 1,0; com forma oval, têm índice de formato entre 1,01-1,50; e comprido, têm valor superior a 1,5. Considerando essa classificação, os acessos possuem frutos com formatos oval e comprido. A variação no índice de formato reflete a variabilidade encontrada nos diâmetros longitudinal e transversal.



Figura 1. Variação na cor da casca e na cor da polpa de frutos de acessos de meloeiro. Mossoró-RN, UFERSA, 2008.

Tabela 2. Caracterização de acessos/cultivares de meloeiro a partir de descritores do fruto. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.

Acesso	GRUPO	CC	CP	NF	MF	PR	DL	DT	IF	EP	FP	SS
A-01	<i>Cantaloupenis</i>	Ve	Sa	2,4	1,5	31,1	19,5	13,2	1,5	2,9	24,0	5,8
A-02	<i>Cantaloupenis</i>	Am	Br	5,2	1,4	58,6	26,2	10,9	2,4	2,7	17,8	4,5
A-03	<i>Cantaloupenis</i>	Ve	BV	1,6	1,4	22,5	19,1	11,9	1,7	3,0	29,3	5,9
A-04	<i>Cantaloupenis</i>	Am	Sa	1,9	1,3	26,4	17,4	11,9	1,5	2,4	32,0	5,9
A-05	ND	Ve	Br	4,0	1,3	44,9	21,0	10,4	2,0	2,7	18,2	5,4
A-06	<i>Cantaloupenis</i>	Am	Sa	1,5	1,8	25,0	21,5	12,7	1,7	3,2	23,6	6,0
A-07	<i>Cantaloupenis</i>	Am	Sa	2,4	1,3	30,0	18,5	11,9	1,6	3,0	22,7	6,5
A-08	ND	Br	Br	1,7	1,3	24,3	18,8	12,0	1,6	3,2	26,7	6,9
A-09	<i>Conomon</i>	Am	Br	4,0	0,6	26,3	16,1	8,4	1,9	2,2	23,1	5,8
A-10	<i>Cantaloupenis</i>	Am	BV	1,0	1,3	11,9	16,5	12,9	1,3	3,4	24,4	7,8
A-11	<i>Conomon</i>	Br	Br	5,9	0,7	30,5	14,8	9,1	1,6	2,2	25,8	6,8
A-12	ND	Am	Br	4,7	0,6	21,9	16,0	8,4	2,0	2,0	28,0	5,9
A-13	<i>Cantaloupenis</i>	Ve	Ve	2,3	1,0	20,9	16,4	10,6	1,5	2,3	35,1	6,5
A-14	<i>Cantaloupenis</i>	Am	BV	1,6	1,5	23,7	20,0	12,5	1,7	2,6	22,2	6,2
A-15	<i>Momordica</i>	Br	Br	6,9	1,2	63,8	24,2	12,9	2,0	2,6	16,4	4,7
A-16	<i>Conomon</i>	Am	Br	11,	0,4	42,9	11,6	7,6	1,5	2,0	40,9	4,1
A-17	<i>Conomon</i>	Am	Br	7,3	0,6	34,9	15,1	8,8	1,7	2,1	26,7	6,0

Cont...

A-18	<i>Cantaloupenis</i>	Am	Br	4,4	1,1	41,6	19,2	10,6	1,9	2,7	18,7	5,6
A-19	ND	Br	Br	2,2	1,6	27,6	15,0	13,3	1,1	3,4	20,0	6,7
A-20	<i>Momordica</i>	Br	Br	5,4	1,3	57,7	25,4	10,0	2,5	2,5	17,8	3,9
A-21	<i>Conomon</i>	Am	BV	6,7	0,6	35,2	14,6	9,0	1,6	2,2	24,0	7,5
A-22	<i>Cantaloupenis</i>	Ve	Ve	2,0	1,5	31,1	20,8	11,9	1,8	2,9	23,1	6,3
A-23	<i>Momordica</i>	Br	Br	4,8	1,1	49,7	22,3	10,5	2,1	2,3	30,7	6,1
A-24	<i>Cantaloupenis</i>	Am	Sa	3,2	1,1	41,6	21,0	10,8	1,9	2,6	26,7	6,7
A-25	<i>Cantaloupenis</i>	Am	Sa	1,6	1,9	29,7	20,1	13,4	1,6	3,0	18,7	6,6
A-26	ND	Br	Br	2,2	1,9	32,9	22,4	13,5	1,7	3,5	17,3	6,6
A-27	ND	Br	Sa	1,9	1,6	34,4	19,9	9,6	1,6	2,5	16,4	3,8
A-28	<i>Cantaloupenis</i>	Ve	Sa	2,3	1,8	40,2	23,9	13,1	1,8	5,6	32,0	6,5
A-29	<i>Cantaloupenis</i>	Ve	BV	4,1	1,1	28,6	17,7	10,9	1,6	2,5	27,1	7,3
A-30	<i>Momordica</i>	Br	Br	1,9	1,9	33,7	19,5	13,7	1,5	3,0	21,3	6,3
A-31	<i>Cantaloupenis</i>	Am	Ve	4,3	1,3	47,4	23,6	11,2	2,1	2,5	19,6	5,0
A-32	<i>Momordica</i>	Rj	Br	6,7	0,7	38,0	15,5	9,3	1,6	2,1	21,3	7,4
A-33	ND	Am	Br	2,2	1,7	23,8	20,0	13,4	1,5	2,5	28,0	6,1
A-34	<i>Cantaloupenis</i>	Am	Sa	0,9	2,1	15,9	21,2	15,2	1,4	3,2	24,0	6,1
A-35	ND	Ve	Sa	3,2	2,4	51,1	30,2	13,6	2,3	3,3	21,8	4,9
A-36	<i>Cantaloupenis</i>	Ve	Br	4,8	1,6	64,3	27,8	11,1	2,5	2,9	24,0	3,5

Cont...												
A-37	<i>Momordica</i>	Br	Br	3,8	1,0	44,7	17,7	10,8	1,6	2,9	25,8	6,2
A-38	<i>Momordica</i>	Ve	Br	4,5	1,3	50,4	24,0	10,5	2,3	2,7	17,8	4,2
A-39	<i>Cantaloupenis</i>	Cr	Br	4,2	1,0	43,6	23,6	9,6	2,5	2,2	24,0	3,3
A-40	<i>Momordica</i>	Br	Br	6,8	0,5	26,1	12,9	8,6	1,5	2,0	22,7	7,8
A-41	<i>Cantaloupenis</i>	Br	Br	1,8	1,2	22,2	15,6	12,6	1,3	3,5	21,8	7,1
A-42	<i>Momordica</i>	Br	Br	2,7	1,6	37,2	22,7	12,3	1,9	2,8	20,4	5,7
‘HDRF’	<i>Inodorus</i>	Br	Sa	1,3	1,1	13,9	13,3	12,2	1,1	3,4	36,9	10,1
‘Mandacaru’	<i>Inodorus</i>	Am	Br	1,6	1,4	19,4	15,4	13,6	1,1	3,8	35,1	8,5
‘Vereda’	<i>Inodorus</i>	Am	Br	1,5	1,3	19,5	15,9	10,4	2,0	3,7	24,0	8,1
‘Goldex’	<i>Inodorus</i>	Am	Br	1,4	1,2	16,6	13,8	11,9	1,2	6,3	24,9	9,2
Mínimo				0,9	0,4	11,9	11,6	7,6	1,1	2,0	16,4	3,3
Máximo				11,4	2,4	64,3	30,2	15,2	2,5	6,3	40,9	10,1
CV(%)				62,4	34,	38,8	21,5	15,6	21,	28,3	22,9	23,25

ND: não definido.

Ve: verde; Am: amarelo; Br: branco; Rj: rajada; Cr: creme; Sa: salmão; Bv: branco-esverdeada.

Gr: grupo botânico; CC: cor da casca; CP: cor da polpa; NF: número de frutos por planta; MF: massa média do fruto, em kg;

PR: produtividade, em t ha⁻¹; DL: diâmetro longitudinal, em cm; DT: diâmetro transversal, em cm; IF: índice de formato; EP:

espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em Kgf; SS: sólidos solúveis totais, em %.

Os acessos variaram quanto à espessura da polpa, com amplitude de 4,3 cm. O acesso com maior valor foi o A-28, com espessura inferior a apenas o cultivar ‘Mandacaru’ (Tabela 2). Os menores valores foram dos acessos A-12, A-16 e A-40, com média de 2,0 cm.

Quanto à espessura da polpa, destacaram-se os acessos A-4, A-13, A-16, A-28, A-43 e A-44, com valores superiores a 30 N. Os menores valores foram observados nos acessos A-15 e A-27, com estimativas de 16,4 N (Tabela 2).

Quanto ao teor de sólidos solúveis, as estimativas variaram de 3,3 a 10,1%. Observou-se que os acessos possuíam valores muito baixos desse descritor, contrastando com valores maiores das cultivares melhoradas ($\geq 8,0\%$) (Tabela 2).

Considerando apenas as estimativas dos grupos definidos (*Cantalupensis*, *Conomon*, *Momordica* e *Inodorus*) (Tabela 3), observou-se variação entre e dentro dos grupos de acessos avaliados. Esse fato evidencia a grande variabilidade presente na espécie *Cucumis melo* para os descritores do fruto, conforme comentado por diversos autores na literatura (STAUB *et al.*, 2000; STAUB *et al.*; 2004; NAKATA *et al.*, 2005).

Comparando-se as estimativas dos acessos nos grupos identificados e no grupo de acessos não identificados com os quatro híbridos, em média, os mais produtivos são os mais prolíficos, contudo possuem frutos mais alongados, com menor espessura de polpa, menor firmeza da polpa e menor teor de sólidos solúveis em relação aos cultivares comerciais.

O grupo botânico *Cantalupensis* Naud é caracterizado pelo aroma exalado pelos frutos maduros e reduzida vida pós-colheita. Na presente caracterização, observou-se uma grande variabilidade em todos os descritores do fruto. Muitos desses acessos pertenciam ao melão comumente denominado pelos agricultores de “melão de cheiro” ou “melão caipira”. Esse tipo de melão apresentou frutos de casca amarela e polpa salmão, tamanho de intermediário a grande e presença de gomos.

O grupo botânico *Conomon* Naud, conforme definido por Munger e Robson (1991), é dividido em var. *conomon* e var. *makuwa*. Esses melões são cultivados no sul e leste da Ásia, em especial no Japão, Coréias e raramente no sul da China. Suas principais características são frutos com baixo teor de sólidos solúveis, casca lisa, polpa branca, folhagem verde-escuro e sementes pequenas (TANAKA *et al.*, 2006). Essas características foram observadas nos acessos avaliados no presente trabalho. O acesso A-16 foi o mais prolífico e apresentou firmeza de polpa elevada (40,9 N). Com efeito, o referido acesso pode ser utilizado para aumentar a prolificidade e a produtividade do meloeiro por meio de cruzamentos com cultivares ou linhagens melhoradas.

Os melões *momordica* [*Cucumis melo* L. Grupo. *momordica* (Roxb.) Duthie et Fuller], também denominados de *snampelo*, são nativos da Índia e muito utilizados em saladas ou em picles. As principais características desses frutos são o baixo teor de sólidos solúveis e a rachadura nos frutos maduros, também observadas na maioria dos acessos avaliados. A principal utilidade do melão indiano é como fonte de resistência genética a doenças e pragas, como, por exemplo, os fungos *Fusarium oxysporium* e *Podosphaera xanthii*, o nematóide *Meloidogyne incognita* e os vírus PRSV (Papaya Ring Spot Vírus) (DHILLON *et al.*, 2007). Por outro lado, deve ser ressaltado que a avaliação da reação dos acessos aos principais patógenos da lavoura meloeira deve ser realizada para identificação de novas fontes de resistência. Atualmente, os principais patógenos da cultura do melão são *Podosphaera xanthii*, agente causal do oídio; *Rotylenchulus reniforme*, nematóide prevalente em mais de 25% das propriedades e *Acidovorax avenae*, bactéria causadora da mancha-aquosa.

Tabela 3. Média e coeficiente de variação (entre parênteses) de nove descritores avaliados em acessos e cultivares de meloeiro. Mossoró, UFERSA, 2006/2007.

Grupo	NF	MF	PR	DL	DT	IF	EP	FP	SS
Cantalupensis	2,7 (50,2)	1,4 (21,8)	32,8 (41,4)	20,5 (15,9)	11,9 (10,8)	1,8 (20,6)	3,0 (24,2)	24,4 (19,1)	6,0 (19,2)
Conomon	7,0 (36,8)	0,6 (18,9)	34,0 (18,2)	14,4 (11,7)	8,6 (7,1)	1,7 (9,1)	2,1 (4,2)	28,0 (26,0)	6,4 (24,0)
<i>Inodorus</i>	1,5 (8,9)	1,3 (10,3)	17,4 (15,4)	14,6 (8,5)	12,0 (10,9)	1,4 (32,3)	4,3 (31,3)	30,2 (22,2)	8,9 (11,0)
<i>Momordica</i>	4,8 (37,5)	1,2 (36,2)	44,6 (27,0)	20,5 (21,1)	11,0 (15,4)	1,9 (19,4)	2,5 (13,8)	21,8 (20,6)	5,8 (24,0)
Não identificado	2,8 (39,4)	1,6 (33,6)	32,6 (32,4)	20,4 (22,8)	11,8 (17,4)	1,7 (21,4)	2,9 (18,6)	22,2 (22,0)	5,8 (18,2)

NF: número de frutos por planta; MF: massa média do fruto, em kg; PR: produtividade, em t ha⁻¹; DL: diâmetro longitudinal, em cm; DT: diâmetro transversal, em cm; IF: índice de formato; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: sólidos solúveis totais, em %.

3.1 DESCRITORES DA SEMENTE, CAULE, FOLHA E INFLORESCÊNCIA

Observou-se variação para o peso de 100 sementes, com valores entre 1,0 a 4,5 g (Tabela 4). Os acessos A-09, A-16 e A-11, todos do grupo *Conomon*, foram aqueles com os menores valores para o peso da semente. O tamanho da semente é menor em espécies selvagens de melão. É fato notório na literatura internacional que acessos do grupo *Conomon* possuem, em média, sementes menores (STESPANSKY et al., 1999; AKASHI et al., 2002, TANAKA et al., 2006). Cultivares de melão melhorados têm, em sua maioria, sementes grandes, como é o caso dos híbridos dos tipos Cantaloupe, Amarelo, Charenthais e Honew Dew. No presente trabalho, os híbridos avaliados apresentaram sementes com estimativas elevadas para esse descritor, inclusive com as duas maiores pertencendo aos híbridos ‘Vereda’ e ‘Goldex’ (Tabela 4).

Com relação ao tamanho da haste principal, observou-se grande variação com coeficiente de variação de 39,0 % (Tabela 4). O acesso A-41, do grupo *Cantaloupensis*, possui o menor valor (0,7 cm), enquanto que o acesso A-19, de grupo não definido, teve o maior comprimento da haste principal (4,8 cm), totalizando uma amplitude de 4,1 cm.

O acesso A-11 apresentou maior número de ramos (7,5 ramos por planta), enquanto o acesso A-11 apresentou maior número de ramos (7,5 ramos por planta), enquanto que o híbrido ‘HDRF’ teve o menor valor, com 2,1 ramos por planta. Os quatro híbridos avaliados apresentaram valores reduzidos para esse descritor. O número de ramos por planta é estreitamente relacionado com o número de frutos por planta (TAHA et al., 2003). Essa é uma explicação para a prolificidade encontrada em *landraces* em vários trabalhos (RAKHI e RAJAMONY, 2005; MONFORTE et al., 2005; LOTTI et al., 2007), fato também observado nos acessos avaliados. Uma possível explicação para o menor número de ramos por planta em cultivares melhoradas é a seleção feita no sentido de redução do porte da planta e aumento da

qualidade do fruto, uma vez que o número de ramos e número de frutos por planta são inversamente proporcionais ao teor de sólidos solúveis (TAHA *et al.*, 2003; ZALAPA *et al.*, 2006). O número de frutos por planta nos híbridos cultivados no agropolo Mossoró-Assu é reduzido, em torno de 1,5 frutos por planta, em média.

Tabela 4. Caracterização de acessos/cultivares de meloeiro a partir de descritores da semente, do caule, folha e flor. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.

Acesso	PS	HP	NR	NLo	RF	CPe	CFo	TS	FLO	CP _d	CCa	LC _o	CC _o
A-01	2,3	1,5	6,1	4,5	0,8	12,7	V _c	M	23,5	3,1	4,1	0,9	1,9
A-02	2,8	2,3	4,2	4,0	0,8	15,4	V _c	M	20,0	3,1	5,1	0,7	1,4
A-03	3,2	1,9	4,5	3,0	0,9	12,2	V _c	A	23,5	3,6	5,1	1,0	2,0
A-04	3,5	1,9	6,2	5,0	0,8	15,4	V _c	A	24,5	6,2	6,2	1,3	2,7
A-05	2,3	1,9	4,9	3,0	0,8	14,8	V _c	A	23,5	4,1	5,1	1,3	2,7
A-06	2,5	1,9	4,4	4,0	0,9	13,8	V _c	M	23,5	5,1	4,6	0,9	1,9
A-07	3,6	2,1	5,2	4,0	0,8	13,3	V _c	M	23,5	4,6	5,6	0,9	1,9
A-08	2,5	2,1	6,8	4,0	0,9	17,2	V _c	M	23,5	3,6	5,1	1,1	2,2
A-09	1,2	1,3	5,1	4,0	0,9	14,8	V _c	M	23,5	3,6	5,6	1,2	2,1
A-10	3,8	1,6	3,9	3,0	0,7	14,8	V _c	A	23,5	2,1	5,1	1,0	2,3
A-11	2,4	0,9	7,5	4,0	0,8	14,3	Ve	M	20,0	4,7	4,1	0,8	1,7
A-12	2,3	1,2	7,0	4,0	0,8	13,3	V _c	A	23,5	4,7	5,1	1,3	2,7
A-13	3,4	1,7	5,4	4,0	0,9	12,2	V _c	A	24,5	2,6	5,6	1,1	2,4
A-14	2,5	1,7	4,7	5,0	0,8	16,4	V _c	A	23,5	4,2	5,1	1,1	2,5
A-15	2,6	2,2	4,8	3,0	0,7	14,4	V _c	M	23,5	4,2	6,2	1,1	2,3
A-16	1,0	1,9	5,1	5,0	0,8	15,1	Ve	M	23,5	3,2	4,6	0,9	1,6
A-17	1,1	1,4	6,0	4,0	0,7	14,9	Ve	A	16,5	3,2	5,1	0,8	1,7
A-18	1,7	1,9	4,3	3,0	0,9	15,9	V _c	A	20,0	4,7	6,2	1,2	2,6
A-19	2,7	4,8	3,2	5,0	0,9	11,3	V _c	A	16,5	4,7	6,2	1,5	3,2
A-20	2,4	4,7	5,4	3,0	0,9	16,2	V _c	M	20,0	4,2	5,1	1,3	2,4
A-21	2,6	1,5	5,6	3,0	0,8	15,7	Ve	M	20,0	3,7	5,6	1,5	2,5
A-22	3,5	1,7	6,5	6,0	0,8	11,9	V _c	A	23,5	2,6	5,6	1,4	2,8
A-23	3,0	1,6	6,5	5,0	0,7	14,6	V _c	M	23,5	3,7	5,1	1,2	2,0
A-24	2,7	2,2	6,6	3,0	0,7	16,2	V _c	A	23,5	3,7	4,6	0,7	1,5
A-25	3,5	2,2	5,4	3,0	0,9	12,2	V _c	A	23,5	3,7	5,1	0,8	1,2
A-26	3,9	2,2	5,9	4,0	0,8	13,0	V _c	A	23,5	4,2	5,6	1,0	1,7
A-27	2,5	1,8	2,7	3,8	0,7	9,4	V _c	A	19,8	3,9	4,3	1,1	1,6

Cont...													
A-28	2,6	2,3	4,4	5,0	0,9	12,4	V _c	A	23,5	4,3	6,2	1,2	2,0
A-29	2,1	1,5	6,1	4,5	0,8	11,9	V _c	A	20,0	3,1	4,6	1,3	2,1
A-30	2,0	1,0	6,8	3,0	0,8	13,5	V _c	A	25,0	5,5	5,6	0,9	1,6
A-31	2,5	2,2	4,2	3,0	0,9	14,3	V _c	A	20,0	4,4	4,6	1,0	1,5
A-32	2,1	2,5	3,7	3,0	0,8	15,9	V _c	M	20,0	2,8	5,1	1,1	2,1
A-33	3,3	1,1	5,8	4,0	0,8	16,7	V _c	A	24,0	3,9	5,6	1,4	2,3
A-34	3,5	1,9	4,2	5,0	0,7	13,5	V _c	A	24,0	3,9	5,6	1,2	2,2
A-35	2,5	1,7	5,3	4,0	0,8	13,5	V _c	A	24,0	5,0	4,6	1,3	2,6
A-36	3,3	2,4	4,7	5,0	0,8	15,1	V _c	A	20,5	3,9	5,1	1,1	1,9
A-37	2,7	2,3	5,1	3,0	0,8	9,2	V _c	A	13,5	3,3	5,1	1,0	1,6
A-38	3,3	1,5	3,5	4,0	0,8	15,1	V _c	A	20,5	3,9	5,6	1,5	1,8
A-39	2,6	2,7	3,7	4,0	0,9	13,8	V _c	A	24,0	5,0	4,6	0,9	1,7
A-40	2,5	2,1	5,1	5,0	0,7	10,3	V _e	M	24,0	3,9	5,1	1,0	1,7
A-41	3,4	0,7	4,5	3,0	0,9	16,5	V _c	M	14,0	3,9	4,1	0,6	1,4
A-42	2,4	1,5	3,5	4,0	0,9	16,7	V _c	A	15,0	2,6	5,1	1,3	2,2
'HDRF'	3,0	2,8	3,3	3,0	0,8	17,8	V _c	A	14,5	4,4	4,6	1,1	2,0
'Mandacaru'	3,5	1,4	3,5	5,0	0,7	14,3	V _c	A	13,5	3,9	4,6	1,2	2,1
'Vereda'	4,3	1,9	3,4	4,0	0,8	9,7	V _c	A	13,5	3,3	5,1	1,0	1,7
'Goldex'	4,5	1,5	2,1	4,0	0,8	12,2	V _c	A	13,5	3,3	4,6	0,9	1,4
Mínimo	1,0	0,7	2,1	3,0	0,7	9,2	-	-	3,5	2,5	4,1	1,2	0,6
Máximo	4,5	4,8	7,5	6,0	0,9	17,8	-	-	15,0	8,5	6,2	3,2	1,5
CV(%)	27,2	39,0	25,4	20,0	9,3	14,9	-	-	33,1	28,5	11,1	21,9	20,2

PS: peso de cem sementes, em g; HP: comprimento da haste principal, em m; NR: número de ramos; NL_o: número de lóbulos; RF: razão foliar; CP_e: comprimento do pecíolo, em cm; CF_o: cor da folha; TS: tipo sexual; CP_d: comprimento do pedúnculo, em cm; CC_a: comprimento do cálice, em cm; LC_o: largura da corola, em cm; CC_o: comprimento da corola, em cm;

A média do número de lóbulos foliares variou de 3,0 (acesso A-03) a 6,0 (acesso A-22) (Tabela 4). Conforme o IPGRI, a forma da folha é caracterizada pela conformação e o número de lóbulos. Assim sendo, as folhas podem ser sem lóbulos, tri-lobadas e penta-lobadas, entre outras variações. Foram observados 15 acessos com folhas trilobadas (32,61%) e 10 com folhas pentalobadas (21,74%). Todavia, a maior parte dos acessos segregou (45,65%) para esse descritor. Os acessos com média de 3,8 e 4,0 possuíam algumas plantas trilobadas e outras pentalobadas, enquanto que o acesso A-22 segregou para plantas pentalobadas e heptalobadas.

A relação entre o comprimento e a largura da folha, denominada de razão foliar pelo IPGRI, foi pouco variável, com valores entre 0,6 e 0,9 e o menor coeficiente de variação entre os descritores (Tabela 4).

Com relação ao pecíolo foliar, verificou-se que o híbrido 'HDRF' possuiu o maior comprimento do pecíolo (17,8 cm), enquanto que o acesso A-37 revelou o menor tamanho (9,2 cm). Os pecíolos dos acessos A-27, A-37 e A-40, bem como o híbrido 'Vereda', com valores próximos a 10,0 cm, são classificados como médios, enquanto que os demais acessos são classificados como de pecíolos longos.

A maioria dos acessos possuía folhas de coloração verde-clara (78,26%), enquanto que apenas 10 acessos possuíam folhas verde-escuras. Dentre os acessos com folhas verde-claras, cinco pertenciam ao grupo botânico *Conomon*. Aliás, dentro do referido grupo, todos os acessos tinham folha, caule e ramos de coloração verde-escura intensa.

Quanto à expressão sexual, os acessos foram classificados como monóicos (plantas com flores masculinas e femininas na mesma planta, mas separadas) e andromonóicos (plantas com flores masculinas e hermafroditas na mesma planta, mas separadas). A maioria dos acessos foi andromonóico (67,40%). A maior parte dos acessos dos grupos *Conomon* e *Momordica* é monóica (Tabela 4). Para o melhoramento genético, as plantas monóicas e andromonóicas são as mais utilizadas. A maior parte dos híbridos comercializados são plantas andromonóicas, enquanto que uma pequena parte é monóica, em especial os híbridos do tipo Charenthais. No presente estudo, todos os híbridos eram andromonóicos. Todavia, existe uma tendência para substituição de plantas andromonóicas por plantas monóicas devido às seguintes razões: a) a emasculação de flores não é necessária para evitar a autofecundação; b) a facilidade para produzir sementes híbridas e preservar direitos autorais e c) frutos de plantas monóicas desenvolvem uma pequena cicatriz na região peduncular, resultando

em menor risco para infecção de microorganismos e, por conseguinte, melhor qualidade de fruto (NOGUERA *et al.*, 2005).

Com relação à precocidade, número de dias para o aparecimento da primeira flor masculina após o transplântio, observou-se grande variação entre os acessos e cultivares. As cultivares melhoradas foram extremamente precoces, exibindo a primeira flor aproximadamente uma semana após o transplântio (Tabela 4). O ciclo do meloeiro no Nordeste do Brasil é extremamente rápido (65-70 dias) em relação àqueles da Europa e América do Norte (120 dias), pois o meloeiro, nas condições de intensa luminosidade e elevada temperatura, amadurece rapidamente. A precocidade é negativamente correlacionada com o teor de sólidos solúveis (TAHA *et al.*, 2003). Considerando que um dos principais objetivos nos programas de melhoramento é aumentar o teor de sólidos solúveis do fruto, a precocidade não seria uma boa característica. Por outro lado, materiais muito tardios não seriam aceitos pelo produtor devido à demora no retorno econômico e, por conseguinte, menor número de safras por ano.

O acesso A-10 apresentou o menor comprimento do pedúnculo (2,1 cm), enquanto que o acesso A-30 revelou o maior valor de 5,1 cm. A variação observada entre os acessos para esse descritor pode ser descrita pela magnitude do coeficiente de variação (28,5%), o terceiro maior valor entre os descritores que constam na Tabela 4.

Quanto ao comprimento do cálice, verificou-se uma amplitude de 2,1 cm, com maior valor de 6,2 para o acesso A-04 e o menor valor para o acesso A-10. O coeficiente de variação foi o segundo menor dos descritores (11,1%).

O comprimento e a largura da corola apresentaram coeficientes de variação equivalentes, 21,9 e 20,2 %, respectivamente. O acesso com as maiores estimativas de média para os dois descritores foi o A-41, pertencente ao grupo *Cantalupensis* (Tabela 4).

4 CONCLUSÕES

Há uma alta variabilidade entre os acessos coletados para os descritores de fruto, caule, folha, semente e inflorescência, com possibilidade de sua utilização para obter populações segregantes prolíficas, com alto teor de sólidos solúveis e precoces quando cruzados com cultivares melhoradas.

5 REFERÊNCIAS

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.

AKASSHI.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, 2002.

CARMO FILHO, F.; OLIVEIRA, O.F. **Mossoró**: um município do semi-árido nordestino – características e aspectos florísticos. Mossoró: FGD, 1989. (Coleção Mossoroense, Série B, n. 672)

CARNIDE, V.; MARTINS, S.; BARROSO, M. R. Caracterização morfológica de variedades antigas portuguesas de melão. **In: II CONGRESSO DE MEJORA GENETICA DE PLANTA, Acta de Horticultura**, n.. 41, p. 176-178, Universidad de León, 21-24 septiembre, 2004.

DELWING, A.B.; FRANKE, L.B.; BARROS, I.B.I. Qualidade de sementes de acessos de melão crioulo (*Cucumis melo* L.). **Revista Brasileira de Sementes**, v. 29, n. 2, p. 187-194, 2007.

DHILON, N.P.S.; RANJANA, R.; SINGH, K.; EDUARDO, I.; MONFORTE, A.J.; PITRAT, M.; DHILON, N.L.; SINGH, P.P. Diversity among landraces of Indian Snapmelon (*Cucumis melo* var. *momordica*). **Genetics Resources and Crop Evolution**, v. 54, n.6, p. 1267-1283, 2007.

DOMINGUEZ, O.; PESKE, S.T.; VILLELA, F.A.; BAUDET, L. **Sistema informal de sementes**: causas, conseqüências e alternativas. Pelotas: UFPel, 2000. 270p.

EMBRAPA. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília: Embrapa, 1999. 412 p.

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

JOLLIFFE, I. T. Discarding variables in a principal component analysis. II: real data. **Journal of the Royal Statistical Society Series C - Applied Statistics**, London, v. 22, n. 1, p. 21-31, 1973.

LÓPEZ-SESÉ.A.I.; STAUB, J.; KATZIR, N.; GÓMEZ-GUILLAMÓN, M.L. Estimation between and within accession variation in selected Spanish melon germoplasm using RAPD and SSR markers to assess strategies for large collection evolution. **Euphytica**, v. 127, n.1, p. 41-51, 2002.

LOTTI, C.; MARCOTRIGIANO, A. R.; DE GIOVANNI, C.; RESTA, P.; RICCIARDI, A.; ZONNO, V.; FANIZZA, G.; RICCIARDI, L. Univariate and multivariate analysis performed on bio-agronomical traits of *Cucumis melo* L. germoplasm. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 54, n.1, p. 125-134, 2007.

MONFORTE, A.J.; IBAN, E.; ABAD, S. PERE, A. Inheritance mode of fruit traits in melon: Heterosis for fruit shape and its correlation with genetic distance. **Euphytica**, v. 144, n. 1., 31-38, 2005.

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

NAKATA, E.; STAUB, J. E.; LÓPEZ-SESÉ, A. I.; KATZIR, N. Genetic diversity of Japanese melon cultivars (*Cucumis melo* L.) as assessed by random amplified polymorphic DNA and simple sequence repeat markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 52, p. 405-419, 2005.

NOGUERA, F.J.; CAPEL, J.; ALVAREZ, J.I.; LOZANO, R. Development and mapping of a codominant SCAR marker linked to the andromonoecious gene of melon. **Theoretical Applied Genetics**, v. 110, n.2, p. 714-720, 2005.

NUNES, G. H. 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 agropolo Mossoró-Assu . **Horticultura Brasileira** v. 22, n.4, p.744-747, 2004.

PAIVA, W.O. Divergência genética entre linhagens de melão e a heterose de seus híbridos. **Horticultura Brasileira**, v.20, n.1, p. 34-37, 2000.

RAKHI, R.; RAJAMONY, L. Variability, heritability and genetic advance in landraces of culinary melon (*Cucumis melo* L.). **Journal of Tropical Agriculture**, v. 43, n.1-2, p. 79-82, 2005.

RAMOS, S. R. R.; QUEIRÓZ, M. A.; CASALI, V. W.; CRUZ, C. D. Divergência genética em germoplasma de abóbora procedente de diferentes áreas do Nordeste. **Horticultura Brasileira**, v. 18, n. 2, p. 195-199, 2000.

ROMÃO, R. L. Northeast Brazil: a secondary center of diversity for watermelon (*Citrullus lanatus*). **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 47, n. 1, p. 207-213, 2000.

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

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

STAUB, J. E.; LÓPEZ-SESÉ, A. I.; FANOURLAKIS, N. Diversity among landraces (*Cucumis melo* L.) from Greece and their genetic relationships with other melon germoplasm of diverse origins. **Euphytica**, v. 136, n.1, p.151-166, 2004.

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

SZABÓ, Z.; GYULAI, G.; HUMPHREYS, M.; HORVÁTH, L.; BITTSÁNSZKY, A.; LÁGLER, R.; HESZKY, L. Genetic variation of melon (*C. melo*) I. rDNA, SSR and SNP analysis of 47 cultivars. **Euphytica**, v.146, n.1, p.87-94, 2005.

TAHA, M.; OMARA, K.; EL JACK, A. Correlation among growth and quality characters in *Cucumis melo* L. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, v. 26, n.1, p. 9-11, 2003.

TANAKA, K.; NISHITANI, A.; AKASHI, Y.; SAKATA, Y.; NISHIDA, H.; YOSHINO, H.; KATO, K. Molecular characterization of south and east Asian melo, *Cucumis melo* L., and origin of group Conomon var. *makuva* and var. *conomom* revealed by RAPD analysis. **Euphytica**, v. 153, n. 1, p. 233-247, 2006.

TAVARES, S.H.C.C. **Melão**: Produção. Aspectos Técnicos. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 87p.

ZALAPA, J. E.; STAUB, J. E.; McCREIGHT, J. D. Generation means analysis of plant architectural traits and fruit yield in melon. **Plant Breeding**, v. 125, n.1, p. 482-487, 2006.

CAPÍTULO 2

SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFO-AGRONÔMICOS DE GERMOPLASMA DE MELOEIRO EM DOIS ANOS DE AVALIAÇÃO

RESUMO

TORRES FILHO, José. **Seleção de descritores morfo-agronômicos de germoplasma de meloeiro em dois anos de avaliação.** 2008. 150 f. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-árido (UFERSA).

Os objetivos do presente trabalho foram verificar se a seleção de descritores é necessária e eficiente na avaliação de acessos de meloeiro; verificar se o descarte de descritores e o agrupamento de acessos depende das condições nas quais os experimentos são conduzidos; identificar os descritores descartados e selecionados nas avaliações e agrupar os acessos/cultivares avaliados em diferentes condições. Foram conduzidos dois experimentos, em 2006 e 2007, no delineamento de blocos casualizados com duas repetições. Foram utilizados 20 descritores, sendo um da semente, nove do fruto, cinco da inflorescência, três da folha e dois do caule. Utilizou-se a invariância e técnica de componentes principais para descarte dos descritores. O descarte de descritores foi necessário para eliminar os problemas de colinearidade na matriz de variância-covariância residual. O descarte dos descritores e o agrupamento dos acessos foram dependentes das condições de avaliação, principalmente devido aos efeitos de ano e da interação acessos x anos. Os descritores descartados na avaliação foram diâmetro do fruto (DF) e massa do fruto (PF), em 2006; diâmetro longitudinal (DL), massa do fruto (PF) e produção (PR), em 2007; e peso de cem sementes (OS), produção (PR) e diâmetro longitudinal (DL) na avaliação conjunta 2006-2007. As análises conjuntas, com e sem descarte, proporcionaram agrupamentos semelhantes, permitindo a obtenção de cinco grupos e a discriminação entre acessos e materiais comerciais.

Palavras-chave: *Cucumis melo* L., colinearidade, interação genótipos x ambientes, componentes principais.

ABSTRACT

TORRES FILHO, José. **Selection of morpho-agronomic descriptors of melon germplasm in two years of evaluation.** 2008. 150 f. Tese (Doctorate in Agronomy/Crop Science) – Universidade Federal Rural do Semi-árido (UFERSA).

The objectives of the present work were: to verify if descriptors selection is necessary and efficient in the evaluation of melon accessions; to verify if descriptors discard and the grouping of accessions depends on the conditions in which the experiments are carried out; to identify the discarded and selected descriptors in the evaluations and to group the accessions/cultivars evaluated in different conditions. Two experiments were carried out in 2006 and 2007 in a randomized complete block design with two replications. Twenty descriptors were used, being one of the seed, nine of fruits, five of the inflorescence, three of the leaf and two of the stem. The descriptors discard was necessary to eliminate the colinearity in the residual variance-covariance matrix. The discard of the descriptors and the grouping of the accessions were dependent of the evaluation conditions, mainly due to the year effects and the interaction accessions x years. The analysis of variance and the principal component analysis were used to discard descriptors. The discarded descriptors in the evaluation were: fruit diameter and mass in 2006; fruit lengthwise diameter, fruit mass and production in 2007; and weight of 100 seeds, fruit production and lengthwise diameter in the 2006-2007 joint analysis. The joint analyses, with and without discard, provided similar groupings, allowing the obtaining of five groups and discrimination between accessions and commercial cultivars.

Keywords: *Cucumis melo* L., colinearity, genotypes x environments interaction, principal components.

1 INTRODUÇÃO

Em razão da quantidade de germoplasma coletado entre os produtores, estudos de divergência entre acessos tornam-se importantes para fornecer informações sobre a variabilidade genética disponível. As informações obtidas podem ser utilizadas para identificar duplicatas na coleção, auxiliando o curador do banco de germoplasma a decidir quais acessos devem ser selecionados. Além disso, do ponto de vista do melhorista, o interesse principal é a identificação de combinações híbridas que possam proporcionar populações segregantes com grande variabilidade, aumentando a possibilidade de recuperação de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI, 1994).

No estudo da divergência genética são comumente utilizados dados morfo-agronômicos e/ou dados moleculares. Com relação aos trabalhos com dados morfo-agronômicos, uma das questões básicas diz respeito ao número e tipo de características ou descritores a serem avaliados, pois a maior ou menor extensão da dissimilaridade depende dos descritores e de seu número (CRUZ *et al.*, 1994). Os descritores escolhidos devem ser relevantes para a classificação esperada. Os descritores preservados na análise de divergência genética deverão ser apenas aqueles que representem a estrutura fundamental do sistema biológico que está sendo estudado, devendo ainda serem suficientemente diversos para representar, no mínimo, as dimensões mais importantes do sistema (ADAMS; WIERSMAN, 1978).

Em muitas situações, os pesquisadores tenderão, naturalmente, a avaliar maior número possível de descritores, gerando, com isso, acréscimo considerável de trabalho. Quando o número de caracteres é muito elevado, é possível que muitos deles pouco contribuam para a discriminação dos indivíduos avaliados, por serem relativamente invariantes entre estes ou mesmo por serem redundantes em virtude das elevadas correlações com outros descritores. Essa situação apresenta como consequência, aumento no trabalho da caracterização, sem melhoria de precisão, além de tornar mais

complexa a análise e interpretação dos dados. Assim sendo, a eliminação dos descritores redundantes, invariantes e de difícil mensuração torna-se desejável, a fim de facilitar o estudo da divergência, reduzindo tempo e custos da experimentação.

No caso do meloeiro, os descritores mais importantes são aqueles relacionados à produção e qualidade dos frutos. A cultivar ideal dessa cucurbitácea precisa ter 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 altamente relacionada ao tempo de vida útil pós-colheita, e elevado teor de sólidos solúveis, principal descritor da qualidade do meloeiro (NUNES *et al.*, 2006). Além desses, a precocidade e a arquitetura da planta do meloeiro (comprimento da haste principal e número de ramos secundários) são características importantes contempladas nos programas de melhoramento genético. Com efeito, em princípio, todos esses descritores devem ser considerados nos estudos de divergência genética. Não obstante, mesmo com a notória importância da cultura do meloeiro, não foram encontrados trabalhos relacionados à seleção de descritores, sendo, portanto necessárias informações que possam orientar trabalhos futuros tanto na área de recursos genéticos como no melhoramento de plantas.

Diante dessas considerações, o presente trabalho foi realizado com os seguintes objetivos:

- a) verificar se a seleção de descritores é necessária e eficiente na avaliação de acessos de meloeiro;
- b) verificar se o descarte de descritores e o agrupamento de acessos depende das condições nas quais os experimentos são conduzidos;
- c) identificar os descritores descartados e selecionados nas avaliações;
- d) agrupar os acessos/cultivares avaliados em diferentes condições.

2 MATERIAL E MÉTODOS

Todas as informações referentes à caracterização da área experimental, material vegetal, condução experimental e descritores utilizados estão contidas nos itens 2.1 a 2.3.3 do Capítulo 1.

2.1 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

2.1.1 Análises de variância univariadas (individual e conjunta)

Inicialmente foram realizadas as análises de variância para cada ano (Tabela 5), conforme o seguinte modelo estatístico:

$$y_{ik} = \mu + c_i + b_k + e_{ik}$$

em que:

y_{ik} : observação da parcela que recebeu o acesso i no bloco k;

μ : efeito fixo da média geral do experimento, sendo $E[\mu]=\mu$ e $\text{Var}[\mu]=0$;

c_i : efeito fixo do acesso i, sendo $i=1, 2, \dots, I$;

b_k : efeito aleatório do bloco k, sendo $k=1,2, \dots, K$ e $b_k \cap \text{NID} (0, \sigma_B^2)$;

e_{ik} : efeito aleatório do erro experimental associado à observação y_{ik} , sendo $e_{ik} \cap \text{NID} (0, \sigma^2)$;

Tabela 5. Esquema da análise de variância para cada ano analisado.

FV	GL	QM	F
Blocos	K-1	Q ₁	
Acesso	I-1	Q ₂	Q ₂ /Q ₃
Erro	(K-1)(I-1)	Q ₃	

Realizadas as análises de variância para cada ambiente, procedeu-se à análise conjunta (Tabela 6), conforme o seguinte modelo estatístico:

$$y_{ijk} = \mu + b_{(j)k} + a_j + c_i + (ca)_{ij} + e_{ijk}$$

em que:

y_{ijk} : observação da parcela que recebeu o acesso i no bloco k, no ano j;

μ : efeito fixo da média geral do experimento, sendo $E[\mu]=\mu$ e $Var[\mu]=0$;

$b_{(j)k}$: efeito aleatório do bloco k dentro do ano j, sendo $k=1,2, \dots, K$ com $b_{(j)k} \cap NID (0, \sigma_{B/A}^2)$;

a_j : efeito aleatório do ano j; sendo $j=1,2, \dots, J$ com $a_j \cap NID (0, \sigma_A^2)$;

c_i : efeito fixo do acesso i, sendo $i=1, 2, \dots, I$ com $h_i \cap NID (0, \sigma_C^2)$;

$(ha)_{ij}$: efeito fixo da interação do acesso i com o ambiente j, sendo $ha_{ij} \cap NID (0, \sigma_{CA}^2)$;

e_{ijk} : efeito aleatório do erro experimental médio associado à observação y_{ijk} , sendo $e_{ijk} \cap NID (0, \sigma^2)$;

Tabela 6. Esquema da análise conjunta de variância para todos os ambientes avaliados.

CV	GL	QM	F
Blocos/Locais	J (K-1)	Q ₄	
Ambiente (A)	(J-1)	Q ₅	Q ₅ /Q ₄
Acesso (C)	(I-1)	Q ₆	Q ₆ /Q ₇
A x C	(J-1)(I-1)	Q ₇	Q ₇ /Q ₈
Erro médio	J(K-1)(I-1)	Q ₈	

A análise de variância multivariada individual foi utilizada para avaliar as diferenças globais entre acessos, enquanto a análise conjunta foi utilizada para verificar a presença dos efeitos de acessos, ano e interação ano x acesso. Utilizou-se o critério de Wilks a 5% de probabilidade, o qual corresponde ao teste F de Snedecor da análise univariada, para testar a significância das fontes de variação. A análise de variância multivariada é descrita em detalhes por Ferreira (2006).

2.1.2 Decomposição da Interação Acessos x Ano

Para decompor a interação acessos x anos nas partes simples e complexa foram realizadas análises de variâncias conjuntas de anos (2006-2007). Foi utilizada a metodologia proposta por Cruz e Castoldi (1991) para estimação das partes simples e complexa, conforme a seguinte expressão:

$$QM_{CA} = [(\sqrt{Q_j} - \sqrt{Q_{j'}})^2 / 2 + k \cdot \sqrt{Q_j Q_{j'}}] + [(\sqrt{(1-r)^3 Q_j Q_{j'}})]$$

Parte Simples
Parte Complexa

em que:

QM_{CA} : Quadrado médio da interação acessos x ano;

Q_j e $Q_{j'}$: Quadrados médios do efeito de acessos nos anos j e j' ;

r : Coeficiente de correlação entre os acessos nos anos j e j' ;

O valor de k é obtido pela seguinte expressão: $k = 1 - r - \sqrt{(1 - r)^3}$.

2.1.3 Seleção de descritores

A seleção de descritores foi realizada conforme dois aspectos: a) invariância dos descritores: obtida pela significância do teste F de Snedecor a 5% de probabilidade para a fonte de variação acesso e b) técnica de componentes principais para verificar a possibilidade de descarte dos descritores não-discriminantes (STRAPASSON, 1997).

A identificação dos descritores redundantes foi baseada em dois critérios: a) seleção direta, proposta por Jolliffe (1973), sendo indicado para descarte todo descritor que apresentou maior coeficiente de ponderação em valor absoluto (autovetor), no componente principal de autovalor menor, partindo do último componente até aquele cujo autovalor não excedeu 0,70; e b) seleção com reanálise, sugerida por Cury (1993), em que se descarta um descritor por análise e realiza-se nova análise com os descritores remanescentes, examinando os coeficientes de correlação do descritor redundante com os demais descritores. A seleção com reanálise foi finalizada quando o descritor a ser descartado se mostrou altamente correlacionado com pelo menos um descritor descartado anteriormente. O descarte final foi realizado com base na informação obtida nos dois procedimentos, sendo indicado para descarte o descritor identificado simultaneamente nos dois procedimentos.

A fim de auxiliar no processo de descarte dos descritores redundantes no método de seleção com reanálise, foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson entre todos os descritores, conforme descrito por Cruz e Regazzi (1994).

A eficiência do descarte foi realizada comparando-se os agrupamentos formados pelos métodos UPGMA e Tocher, levando em consideração todos os descritores selecionados.

Os diferentes dendrogramas, gerados a partir das matrizes de distâncias de Mahalanobis, via UPGMA, foram subjetivamente comparados por inspeção visual e pelo índice de ramificação de consenso ('Consesus Fork Index'), obtido a partir de dendrogramas comparados dois a dois (SOKAL e ROLF, 1982). O referido índice fornece uma estimativa relativa da semelhança dos dendrogramas e é obtido dividindo-se o número de ramificações comuns entre estes pelo número máximo de ramificações possíveis, o qual é igual a $n - 2$ para dendrogramas integralmente construídos, sendo n igual ao número de unidades taxonômicas, no caso 46.

2.1.4 Medida de dissimilaridade (Distância de Mahalanobis)

Inicialmente, realizou-se a análise multivariada (individual e conjunta), sendo obtidas as matrizes de médias de cada descritor e covariâncias residuais. A partir dessas matrizes, foram calculadas as distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2_{ij}), definidas pela seguinte expressão: $D^2_{ij} = (X_i - X_j)' E^{-1} (X_i - X_j)$, em que: X_i e X_j são os vetores médios associados aos acessos i e j , respectivamente; E^{-1} é a matriz de covariâncias residuais (CRUZ e REGAZZI, 1994).

Foi utilizado o critério de Singh (1981) para estimar a contribuição relativa de cada característica para a divergência genética entre os acessos, conforme descrito em Cruz e Regazzi (1994).

2.1.5 MÉTODOS DE AGRUPAMENTOS

2.1.5.1 Otimização de Tocher

Na otimização de Tocher, a partir da matriz de dissimilaridade, realiza-se a partição do conjunto de indivíduos (acessos) em subgrupos não-vazios e mutuamente exclusivos por meio da maximização ou minimização de uma medida pré-estabelecida.

Adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos.

No estabelecimento dos grupos, a distância entre o indivíduo k e o grupo formado pelos indivíduos ij é dada por:

$$d_{(ij)k} = d_{ij} + d_{jk}$$

A inclusão, ou não, do indivíduo k no grupo é feita considerando:

- a) Se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} \leq \theta$ inclui-se o indivíduo k no grupo;
- b) Se $\frac{d_{(grupo)k}}{n} > \theta$ não inclui o indivíduo k no grupo.

Sendo n o número de indivíduos que constituem o grupo original e θ é o valor máximo da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada indivíduo.

2.1.5.2 UPGMA

Foi utilizado o método aglomerativo UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) para o agrupamento dos acessos.

Nesse método, a partir da distância matriz de dissimilaridade, no caso do presente trabalho, a distância de Mahalanobis, foram identificados os dois acessos mais similares, menor distância, os quais foram reunidos em um grupo inicial. A seguir, calculou-se a distância do grupo inicial em relação aos demais acessos.

No método UPGMA, a distância entre um grupo e um indivíduo é fornecida pela seguinte expressão:

$$d_{(ab)c} = \frac{(d_{ac} + d_{bc})}{2}$$

Para a distância entre dois grupos, a expressão é a seguinte:

$$d_{(ab)(cd)} = \frac{(d_{ac} + d_{ad} + d_{bc} + d_{bd})}{4}$$

Assim sendo, a distância entre dois grupos G_1 e G_2 , contendo n e n' indivíduos, respectivamente, é obtida por:

$$d(G_1 G_2) = \frac{\sum_{i=1}^n \sum_{i'=1}^{n'} d_{ii'}}{n.n'}$$

2.1.6 Colinearidade

A colinearidade na matriz de variância-covariância residual foi diagnosticada a partir da estimativa do número de condição (NC). Quando esse valor é inferior a 100, a colinearidade é fraca; quando é superior a 100 e inferior a 1000, a colinearidade é de moderada a forte, e quando é superior a 1000, a colinearidade é severa. O número de condição foi obtido pela razão entre o maior e o menor autovalor da matriz de correlação residual (CRUZ, 2001).

2.1.7 Processamento das análises

Todas as análises estatísticas foram processadas pelo programa GENES, Aplicativo Computacional em Genética e Estatística, versão 2007.0.0 (CRUZ, 2001).

3 RESULTADOS

3.1 ANÁLISE DE VARIÂNCIAS INDIVIDUAIS E CONJUNTA (2006 E 2007)

No ano de 2006, observou-se efeito significativo de acessos para as características número de frutos por planta (NF), massa média do fruto (MF), produtividade (PR), diâmetro longitudinal (DL), diâmetro transversal (DT), índice de formato (IF), espessura da polpa (EP), firmeza da polpa (FP), teor de sólidos solúveis (SS), número de ramos secundários (NR) e florescimento (FLO) (Tabela 7). Em 2007, foram detectadas diferenças significativas para as mesmas características referidas em 2006, além do peso de cem sementes (PS) (Tabela 7).

Com relação às estimativas do coeficiente de variação, observou-se uma grande variação entre os descritores e entre as estimativas para o mesmo descritor, nas duas avaliações. Os maiores valores, nos dois anos de avaliação, foram observados no descritor comprimento da haste principal (HP). Os menores valores foram observados no DT, em 2006 e razão foliar (RF), em 2007.

Na análise multivariada, o critério de Wilks apontou variabilidade global entre os acessos nos dois anos de avaliação (Tabela 7).

A análise conjunta revelou efeito de ano para os descritores NF, PF, PR, DL, DT, FP, SS, NR, FLO, CP_e, CC_o, comprimento do pecíolo (CP_e), comprimento da corola (CC_o), comprimento do cálice (CC_a), RF e comprimento do pedúnculo (CP_d) (Tabela 8).

Constatou-se efeito significativo de acessos para todas as características, com exceção do PS (Tabela 8).

A interação entre acessos e anos foi constatada para as características NF, PF, PR, DL, DT, IF, FP e SS. Para todas essas características, o componente complexo da interação foi predominante.

Pelo critério de Wilks, na análise multivariada conjunta, verificou-se efeito significativo para todas as fontes de variação (Tabela 7).

Tabela 7. Resumo da análise de variância de 20 descritores avaliados em acessos/cultivares de meloeiro nos anos de 2006 e 2007. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.

Descritor	QM(2006)				QM(2007)			
	Acesso	Erro	Média	CV(%)	Acesso	Erro	Média	CV(%)
OS	1,24 ^{ns}	1,01	2,97	33,68	5,52 ^{**}	4,36	2,96	19,46
NF	251,36 ^{**}	30,84	16,66	33,32	1814,36 ^{**}	229,67	43,62	34,74
PF	0,73 ^{**}	0,16	1,44	27,55	0,37 ^{**}	0,07	1,13	23,66
PR	614,70 ^{**}	155,86	38,68	32,27	320,78 ^{**}	84,72	29,04	31,70
DL	38,19 ^{**}	7,82	20,11	13,90	54,78 ^{**}	8,88	18,49	16,12
DT	9,78 ^{**}	1,47	11,81	10,25	8,09 [*]	4,48	10,91	19,40
IF	0,31 ^{**}	0,04	1,75	11,00	0,44 ^{**}	0,19	1,72	25,14
EP	0,68 ^{**}	0,14	2,84	13,23	3,35 [*]	2,21	2,93	30,68
FP	2,82 ^{**}	1,02	6,19	16,31	8,53 ^{**}	1,88	4,80	28,52
SS	6,42 ^{**}	1,08	6,68	15,57	4,69 ^{**}	1,03	5,74	17,66
HP	1,89 ^{ns}	1,61	2,04	62,20	1,85 ^{ns}	1,12	1,85	57,29
NR	3,38 ^{**}	1,35	5,14	22,62	3,36 ^{**}	0,95	4,61	21,09
FLO	26,88 ^{**}	5,78	9,63	24,96	27,74 ^{**}	7,96	12,47	22,63
CP _e	3,06 ^{ns}	2,52	4,13	38,42	3,37 ^{ns}	3,96	4,56	43,66
CC _o	0,09 ^{ns}	0,09	1,02	29,36	0,12 ^{ns}	0,14	1,15	32,81
LC _o	0,30 ^{ns}	0,32	1,97	28,86	0,56 ^{ns}	0,33	2,11	31,08
CC _a	0,58 ^{ns}	0,54	5,05	14,57	0,84 ^{ns}	1,03	5,28	19,27
RF	4,28 ^{ns}	3,45	13,78	13,47	6,53 ^{ns}	4,20	12,97	15,81
CP _d	6,82 ^{ns}	8,38	13,12	22,07	12,13 ^{ns}	12,64	14,87	23,90
NL _o	1,38 ^{ns}	0,84	3,98	23,09	1,42 ^{ns}	1,11	3,92	26,85
Λ_{WilksS}	2,03 ^{**}				1,76 ^{**}			

**,: significativo a 1 e 5 % pelo teste F de Snedecor, na análise univariada, e pelo critério de Wilks, na análise multivariada. ns: não significativo.

PS: peso de cem sementes, em g; NF: número de frutos por planta; MF: massa média do fruto, em g; PR: produtividade, em t ha⁻¹; DL: diâmetro longitudinal, em cm; DT: diâmetro transversal, em cm; IF: índice de formato; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: teor de sólidos solúveis, em %; HP: comprimento da haste principal, em cm; NR: número de ramos; FLO: dias para o florescimento; CP_e: comprimento do pecíolo, em cm; CC_o: comprimento da corola, em cm; LC_o: largura da corola, em cm; CC_a: tamanho do cálice, em cm; RF: razão foliar; CP_d: comprimento do pedúnculo, em cm; NL_o: número de lóbulos.

S: simples e C: complexa

Tabela 8. Resumo da análise de variância conjunta de 20 descritores avaliados em acessos/cultivares de meloeiro cultivados em dois anos. Mossoró-RN, UFERSA, 2006-2007.

Descritor	QM					Média	CV(%)	S(%)	C(%)
	Bl(Ano)	Acesso (A)	Ano (a)	A x a	Erro				
OS	2,24 ^{ns}	3,31 ^{ns}	0,01 ^{ns}	3,45 ^{ns}	2,68	2,96	35,21	50,45	50,55
NF	514,05*	1488,7**	3342,0**	577,3**	1,40	3,49	33,93	44,06	55,94
PF	0,09 ^{ns}	0,79**	4,38**	0,30**	0,11	1,28	26,32	34,81	65,19
PR	754,6	691,5**	4279,8**	243,9**	120,29	33,86	32,40	36,40	63,62
DL	6,61	68,95**	121,63**	24,02**	8,35	19,30	14,97	30,88	69,12
DT	0,91	12,42**	36,63**	5,45**	2,97	11,40	15,84	22,72	77,28
IF	0,26 ^{ns}	0,54*	0,06 ^{ns}	0,21**	0,11	1,74	19,26	27,43	72,57
EP	0,81 ^{ns}	2,68**	0,44 ^{ns}	1,35 ^{ns}	1,18	2,88	37,58	53,23	46,77
FP	2,92 ^{ns}	88,77**	6,40**	4,95*	1,45	5,49	21,89	22,15	77,85
SS	1,43 ^{ns}	8,39**	40,29**	2,71**	1,05	6,21	16,54	32,18	67,82
HP	0,05 ^{ns}	2,30*	1,70 ^{ns}	1,44 ^{ns}	1,37	1,49	60,18	88,04	11,96
NR	14,10 ^{ns}	6,12**	13,05**	0,61 ^{ns}	1,15	4,88	21,98	57,60	42,40
FLO	21,18 ^{ns}	53,40**	370,22**	1,22 ^{ns}	6,87	11,05	23,72	78,92	21,08
CP _e	1,14 ^{ns}	6,21**	8,48**	0,21 ^{ns}	3,24	4,34	31,43	74,81	25,19
CC _o	0,15 ^{ns}	0,20*	0,69*	0,01 ^{ns}	0,12	1,08	31,80	75,19	24,81
LC _o	0,84 ^{ns}	0,78*	0,80 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,38	2,04	30,08	70,67	29,33
CC _a	0,07 ^{ns}	1,27*	2,26**	0,15 ^{ns}	0,79	5,17	17,18	58,72	41,28
RF	4,62 ^{ns}	9,70**	30,41**	1,11 ^{ns}	3,82	13,37	14,62	61,26	38,74
CP _d	2,31 ^{ns}	17,43*	141,58**	1,52 ^{ns}	10,51	13,99	2316	73,42	26,58
NL _o	0,29 ^{ns}	2,66**	0,14 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,98	3,95	25,02	68,89	31,11
Λ_{Wilks}	4,08**	120,26**	2,64**	1,43*					

**,* : significativo a 1 e 5 % pelo teste F de Snedecor, na análise univariada, e pelo critério de Wilks, na análise multivariada. ns: não-significativo.

PS: peso de cem sementes, em g; NF: número de frutos por planta; PF: peso médio do fruto, em g; PR: produtividade, em t ha⁻¹; DL: diâmetro longitudinal, em cm; DT: diâmetro transversal, em cm; IF: índice de formato; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: teor de sólidos solúveis, em %; HP: comprimento da haste principal, em cm; NR: número de ramos; FLO: dias para o florescimento; CP_e: comprimento do pecíolo, em cm; CC_o: comprimento da corola, em cm; LC_o: largura da corola, em cm; CC_a: tamanho do cálice, em cm; RF: razão foliar; CP: comprimento do pedúnculo, em cm; NL_o: número de lóbulos.

3.2 DESCARTE DE DESCRITORES POR ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS

Ao se analisar as estimativas dos autovalores associadas aos componentes principais e suas respectivas variâncias relativas (autovalor) e acumuladas, percebe-se que os três primeiros componentes principais explicam 70,46, 75,03 e 54,41% da variação total nas análises em 2006, 2007 e conjunta, respectivamente (Tabela 9).

Tabela 9. Autovalor (λ), porcentagem acumulada do autovalor e ordem das variáveis de maior peso nos últimos autovetores estimados em análise de componentes principais, realizada na avaliação de 20 descritores de acessos/cultivares de meloeiros nos anos de 2006 e 2007. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.

2006			2007			Conjunta		
λ	% (λ)	Ordem	λ	% (λ)	Ordem	λ	% (λ)	Ordem
3,38	30,75	DL	4,15	34,60	DT	4,12	21,69	IF
2,96	57,73	PF	3,25	61,64	DL	3,66	40,94	PF
1,40	70,46	FLO	1,60	75,03	NR	2,56	54,41	LC _o
0,99	79,53	EP	1,02	83,53	PS	1,64	63,03	FLO
0,75	86,31	FP	0,66	89,01	FLO	1,56	71,25	FF
0,55	91,35	IF	0,49	93,12	SS	1,09	77,01	NL _o
0,45	95,45	EP	0,33	95,82	IF	0,79	81,15	FF
0,24	97,64	FLO	0,28	98,12	NR	0,74	85,05	CP _d
0,13	98,84	PRO	0,13	99,24	EP	0,62	88,31	EP
0,096	99,72	PF	0,06	99,72	PR	0,57	90,97	NR
0,031	100,00	DL	0,03	99,94	PF	0,45	93,34	FP
-	-	-	0,01	100,00	DL	0,41	95,47	HP
-	-	-	-	-	-	0,26	96,85	EP
-	-	-	-	-	-	0,21	97,95	EP
-	-	-	-	-	-	0,14	98,71	LC _o
-	-	-	-	-	-	0,12	99,35	SS
-	-	-	-	-	-	0,07	99,70	PR
-	-	-	-	-	-	0,03	99,93	PF
-	-	-	-	-	-	0,01	100,00	DL

PS: peso de cem sementes, em g; NF: número de frutos por planta; MF: massa média do fruto, em g; PR: produtividade, em t ha⁻¹; DL: diâmetro longitudinal, em cm; DT: diâmetro transversal, em cm; IF: índice de formato; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: teor de sólidos solúveis, em %; HP: comprimento da haste principal, em cm; NR: número de ramos; FLO: dias para o florescimento; CP_e: comprimento do pecíolo, em cm; CC_o: comprimento da corola, em cm; LC_o: largura da corola, em cm; CC_a: tamanho do cálice, em cm; RF: razão foliar; CP: comprimento do pedúnculo, em cm; NL_o: número de lóbulos.

3.2.1 Avaliação em 2006

Conforme demonstrado anteriormente, os descritores que mostrassem invariância, ou seja, valor de F de Snedecor não-significativo, seriam automaticamente descartados por não contribuírem para a divergência dos acessos. Assim sendo, os descritores descartados foram PS, HP, CP_e, CC_o, LCo, CC_a, RF, CP_d e NL_o (Tabela 9).

Quando se avaliou o descarte preliminar efetuado pela seleção direta na avaliação de 2006, verificou-se que o diâmetro longitudinal (DL) foi o primeiro descritor indicado, pois possui maior coeficiente de ponderação em módulo no último componente principal (Tabela 9). Os demais descritores indicados para descarte foram: PF, PR, FLO, EP e IF. Com efeito, 6 descritores foram considerados redundantes. Esse procedimento pode ser considerado como drástico, pois eliminou 54,55 % dos descritores variantes.

No descarte feito pela seleção com reanálise, foram indicados apenas os descritores DL e MF (Tabela 10). Comparado ao anterior, esse procedimento, em princípio, parece ser mais adequado, pois proporcionou a retenção de mais informação.

Com base na análise simultânea dos dois procedimentos, apenas dois descritores foram coincidentes, os quais fizeram parte do descarte final, sendo eles: DL e MF (Tabela 10). Com esses dois descritores, somados àqueles descartados pela invariância, totalizou-se 55% de descarte de todos os descritores avaliados.

Tabela 10. Descritores selecionados e descartados pelos métodos na avaliação de acessos de meloeiro coletados no Nordeste do Brasil. Mossoró-RN, UFRSA, 2006/2007.

Descritores	2006				2007				Conjunta			
	Pré-seleção			Seleção	Pré-Seleção			Seleção	Pré-seleção			Seleção
	I _N	S _D	S _R		I _N	S _D	S _R		I _N	S _D	S _R	
OS	D	-	-	D	S	S	S	S	D	-	-	D
NF	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
PF	S	D	D	D	S	D	D	D	S	D	S	S
PR	S	S	S	S	S	D	D	D	S	D	D	D
DL	S	D	D	D	S	D	D	D	S	D	D	D
DT	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	D	S
IF	S	D	S	S	S	D	S	S	S	S	S	S
EP	S	D	S	S	S	D	S	S	S	D	S	S
FP	S	S	S	S	S	S	S	S	S	D	S	S
SS	S	S	S	S	S	D	S	S	S	D	S	S
HP	D	-	-	D	D	-	-	D	S	D	S	S
NR	S	S	S	S	S	D	S	S	S	D	S	S
FLO	S	D	S	S	S	D	S	S	S	S	S	S
CP _e	D	-	-	D	D	-	-	D	S	S	S	S
CC _o	D	-	-	D	D	-	-	D	S	S	S	S
LC _o	D	-	-	D	D	-	-	D	S	D	S	S
CC _a	D	-	-	D	D	-	-	D	S	S	S	S
RF	D	-	-	D	D	-	-	D	S	S	S	S
CP _d	D	-	-	D	D	-	-	D	S	S	S	S
NL _o	D	-	-	D	D	-	-	D	S	S	S	S

PS: peso de cem sementes, em g; NF: número de frutos por planta; PF: peso médio do fruto, em g; PR: produtividade, em t ha⁻¹; DL: diâmetro longitudinal, em cm; DT: diâmetro transversal, em cm; IF: índice de formato; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: teor de sólidos solúveis, em %; HP: comprimento da haste principal, em cm; NR: número de ramos; FLO: dias para o florescimento; CP_e: comprimento do pecíolo, em cm; CC_o: comprimento da corola, em cm; LC_o: largura da corola, em cm; CC_a: tamanho do cálice, em cm; RF: razão foliar; CP: comprimento do pedúnculo, em cm; NL_o: número de lóbulos.
SD: seleção direta por componentes principais; SR: seleção por reanálise; D: descritor descartado; I_n: invariante: descartado devido à invariância (F de Snedecor não-significativo) S: descritor selecionado.

3.2.2 Avaliação em 2007

Na avaliação de 2007, os descritores descartados pela invariância foram os mesmos da avaliação de 2006, com exceção do descritor PS. No descarte pela seleção direta por componentes principais, foram sugeridos os descritores DL, MF, PR, EP, NR, IF, SS e FLO (Tabela 7), totalizando 66,67% de eliminação dos descritores redundantes não invariantes.

Comparando com os resultados do ano 2006, o descarte foi mais drástico. No descarte feito pela seleção com reanálise, foram indicados os descritores DL, MF e PR.

Analisando os três métodos de descarte, foram descartados os descritores DL, PF, PR, HP, CP_e, CC_o, LCo, CC_a, RF, CP_d e NL_o, totalizando um descarte de 55% de todas os descritores considerados, porcentagem igual àquela da avaliação de 2006.

3.2.3 Avaliação conjunta (2006-2007)

Apenas o descritor PS foi descartado como invariante (Tabela 8), enquanto que na pré-seleção por componentes principais, foram descartados os descritores DL, MF, PR, SS, LC, EP, HP, FP e NR (Tabela 9). No método de reanálise, foram descartados os descritores DL, DT e PR (Tabela 10).

Na análise conjunta foram descartados apenas os descritores DL e PR, totalizando apenas 10% dos descritores adotados na avaliação da divergência, evidenciando que na análise em mais de um ambiente devem ser considerados mais descritores.

Com relação às estimativas do coeficiente de correlação de Pearson entre o conjunto de descritores redundantes e aqueles selecionados, constatou-se que o descarte não revelou perda considerável de informação, pois os descritores

redundantes, seja nas avaliações por ano ou na avaliação conjunta, apresentam-se associados a pelo menos três descritores selecionados (Tabela 11), atenuando o descarte proposto.

Em 2006, o descritor descartado DL correlacionou-se positivamente com NF, DT e IF e negativamente com SS. O descritor descartado PF correlacionou-se positivamente com PR, DT e EP, enquanto com os descritores NF, IF e FP a associação foi negativa.

Em 2007, o descritor descartado DL apresentou correlação positiva com DT, IF e FLO. Correlacionou-se negativamente com FP e SS. O descritor PF correlacionou-se positivamente com DT e EP e negativamente com NF e NR. A produtividade apresentou associação positiva com NF e IF e negativa com SS.

Na análise conjunta, o descritor PS apresentou correlações significativas positivas com NF, DT, IF e HP e negativas com FP e SS. O descritor PR correlacionou-se positivamente com PF, DT, IF e HP e negativamente com os descritores FP e SS.

Tabela 11. Coeficientes de correlação entre os descritores variantes descartados pelos métodos da seleção direta e reanálise. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.

Selecionados	Descartados							
	2006		2007			Conjunta		
	DL	PF	DL	PF	PR	OS	PR	DL
OS	-	-	-0,13 ^{ns}		-0,09 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,25 ^{ns}
NF	0,65 ^{**}	-0,78 ^{**}	-0,13 ^{ns}	-0,56 ^{**}	0,65 ^{**}	0,56 [*]	-0,10 ^{ns}	-0,72 ^{**}
PF ou PR	0,03 ^{ns}	0,90 ^{**}	-	-	-	0,03 ^{ns}	0,64 ^{**}	0,84 ^{**}
DT	0,57 ^{**}	0,40 [*]	0,40 [*]	0,76 ^{**}	-0,29 ^{ns}	0,46 ^{**}	0,51 ^{**}	0,57 ^{**}
IF	0,75 ^{**}	-0,42 [*]	0,65 ^{**}	0,27 ^{ns}	0,75 ^{**}	0,78 ^{**}	0,74 ^{**}	-0,32 ^{ns}
EP	-0,31 ^{ns}	0,83 [*]	0,23 ^{ns}	0,37 [*]	-0,31 ^{ns}	-0,26 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,54 [*]
FP	-0,22 ^{ns}	-0,49 [*]	-0,49 [*]	-0,09 ^{ns}	-0,22 ^{ns}	-0,36 [*]	-0,45 [*]	-0,11 ^{ns}
SS	-0,59 ^{**}	0,26 ^{ns}	-0,45 [*]	-0,17 ^{ns}	-0,59 ^{**}	-0,70 ^{**}	-0,67 ^{**}	0,15 ^{ns}
HP	-	-	-	-	-	0,39 [*]	0,45 [*]	0,29 ^{ns}
NR	0,03 ^{ns}	-0,14 ^{ns}	0,10 ^{ns}	-0,41 [*]	-0,03 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,24 ^{ns}
FLO	0,05 ^{ns}	0,06 ^{ns}	0,34 [*]	0,05 ^{ns}	0,21 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,31 ^{ns}	0,05 ^{ns}
CP _e	-	-	-	-	-	-0,17 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,02 ^{ns}
CC _o	-	-	-	-	-	0,07 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,05 ^{ns}
LC _o	-	-	-	-	-	-0,07 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,08 ^{ns}
CC _a	-	-	-	-	-	0,10 ^{ns}	0,12 ^{ns}	0,17 ^{ns}
RF	-	-	-	-	-	-0,02 ^{ns}	0,10 ^{ns}	0,26 ^{ns}
CP _d	-	-	-	-	-	0,14 ^{ns}	0,11 ^{ns}	0,01 ^{ns}
NL _o	-	-	-	-	-	-0,17 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,12 ^{ns}

** , * : significativo a 1 e 5% pelo teste t , respectivamente. ns: não significativo.

PS: peso de cem sementes, em g; NF: número de frutos por planta; PF: peso médio do fruto, em g; PR: produtividade, em t ha⁻¹; DL: diâmetro longitudinal, em cm; DT: diâmetro transversal, em cm; IF: índice de formato; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: teor de sólidos solúveis, em %; HP: comprimento da haste principal, em cm; NR: número de ramos; FLO: dias para o florescimento; CP_e: comprimento do pecíolo, em cm; CC_o: comprimento da corola, em cm; LC_o: largura da corola, em cm; CC_a: tamanho do cálice, em cm; RF: razão foliar; CP: comprimento do pedúnculo, em cm; NL_o: número de lóbulos.

3.2.3 Agrupamento e eficiência do descarte de descritores

Considerando o método de otimização de Tocher, observaram-se diferenças significativas no agrupamento realizado com descarte de descritores e sem descarte de descritores nos anos de 2006 e de 2007 (Tabela 12). Por outro lado, considerando a análise conjunta, as diferenças observadas foram menores entre os agrupamentos de Tocher com e sem descarte, uma vez que apenas três descritores foram descartados (Tabela 10).

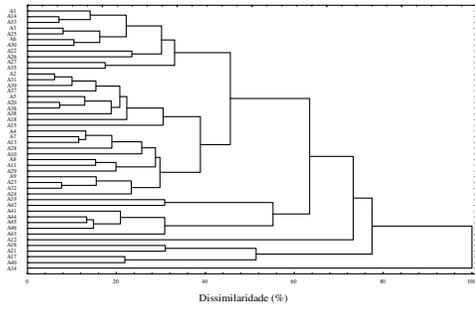
As análises individuais, 2006 e 2007, proporcionaram maior discriminação, sendo que na avaliação de 2006, sem descarte, ocorreu a maior discriminação, com a formação de dezessete grupos, embora as análises conjuntas não discriminaram muito, pois promoveram apenas 6 grupos sem descarte em 2006, e 5 com descarte (Tabela 12).

Comparando-se, dois a dois, os dendrogramas gerados por UPGMA a partir das distâncias de Mahalanobis obtidas com e sem o descarte de descritores, observaram-se, de modo geral, resultados semelhantes àqueles verificados no agrupamento de Tocher (Figura 2).

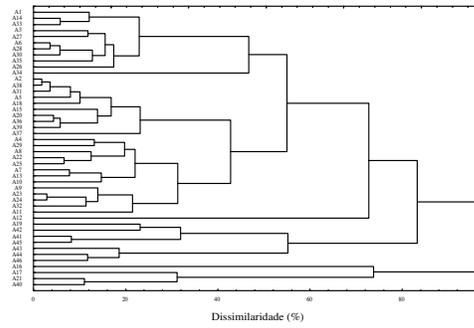
Considerando o índice de ramificação de consenso entre os dendrogramas, dois a dois, constatou-se que o maior valor (97,34) foi obtido entre os dendrogramas das análises conjuntas com e sem descarte (Tabela 13). Além disso, considerando os índices envolvendo as avaliações conjuntas, com ou sem descarte, os valores foram todos superiores a 72,0, indicando concordância entre os agrupamentos realizados nas avaliações individuais (2006 e 2007), com ou sem descarte, com aqueles obtidos nas avaliações conjuntas.

Tabela 12. Grupos de acessos/cultivares formados pelo critério de Tocher a partir das distâncias generalizadas de Mahalanobis. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.

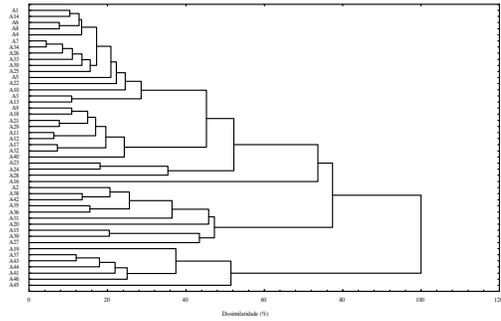
	2006 S	2006 D	2007 S	2007 D	Conjunta S	Conjunta D
I	1 32 37 7 5 3 33	1 32 39 2 4 7 36 19 5 6 20 35 3 23 34 18 21 33	1 32 5 22 6 3 24 17 8 4 26 20 21 19 41 25 7 12	1 32 22 5 6 3 4 21 17 20 19 26 8 46	1 32 5 3 6 8 9 22 4 20 26 25 7 37 18 17 2 24 19 21 46 35 36 31 14 33 41 23 16 43 40 15 39 34 44 45 27	1 32 8 7 5 3 20 26 4 22 37 25 9 2 18 17 6 24 16 36 31 35 21 15 19 46 33 41 27 39 14 40 38 44 23 34 43 45
II	2 17 40 4 39 15 21 20	11 37 31	9 36 31 14 16 23 35	7 35 45 16 36 9 31 25 14 44	13 38 12	12 13 30 10 29
III	6 19 23 14 43	12 22 24 16	11 37 46	11 37	10 11 29	11
IV	9 36 16	13 38 14 25	13 38 33	13 38 23 40 15 12 33 39	30	42
V	12 22 24	17 40 8 42 46 43 41	15 39 2 40 44 42	42 43	28	28
VI	13 38 25	10 26 29	43 45	2 24 10	42	
VII	8 45 41 46	9 28 15	18 29	18 34		
VIII	18 35	27	10 28	27 29		
IX	29 42	44	30	30		
X	10 26	45	27	41		
XI	30	30	34	28		
XII	31					
XIII	27					
XIV	11					
XV	44					
XVI	28					
XVII	34					



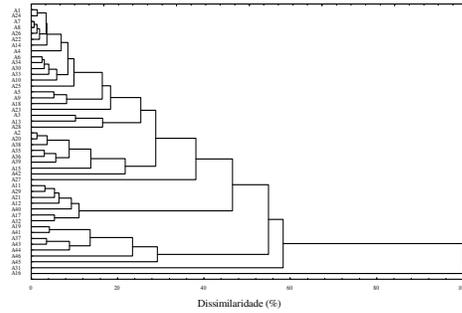
2006 Sem descarte



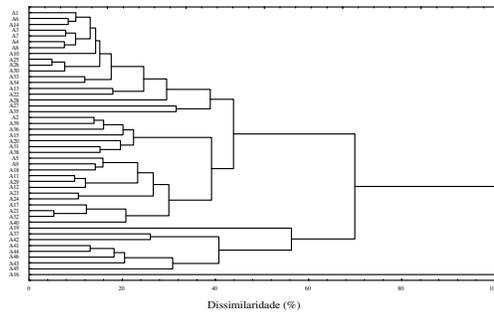
2006 Com descarte



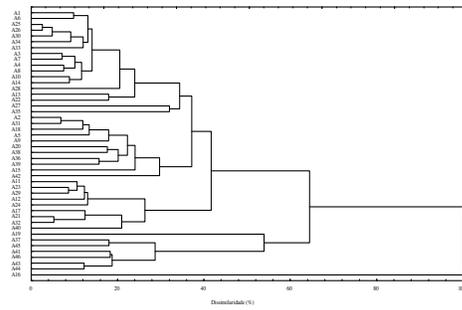
2007 Sem descarte



2007 Com descarte



Conjunta (2006-2007) Sem descarte



Conjunta (2006-2007) Com descarte

Figura 2. Dendrogramas de acessos/cultivares de meloeiro, construídos pelo método UPGMA, a partir das distancias generalizadas de Mahalanobis. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.

Com relação à contribuição relativa de cada descritor para divergência entre acessos, verificou-se que as estimativas variaram em função das análises e descritores descartados. Contudo, pode-se constatar, de um modo geral, que os descritores que mais contribuíram para divergência genética foram aqueles relacionados com o fruto (Tabela 14). Os descritores NF, SS e FLO foram aqueles que mais contribuíram para divergência.

Tabela 13. Índice de ramificação de consenso obtido a partir de dendrogamas gerados por UPGMA comparados dois a dois. Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.

	2006 S	2007 S	Conj S	2006 D	2007 D	Conj D
2006 S	-	37,48	73,24	50,99	43,05	72,91
2007 S		-		38,74	67,32	72,83
Conj S			-		59,88	97,34
2006 D				-	51,47	73,83
2007 D					-	72,21
Conj S						-

2006 S: avaliação em 2006 sem descarte de descritores; 2007 S: avaliação em 2007 sem descarte de descritores; Conj S: avaliação conjunta (2006-2007) sem descarte de descritores; 2006 D: avaliação em 2006 com descarte de descritores; 2007 D: avaliação em 2007 com descarte de descritores; Conj D: avaliação conjunta (2006-2007) com descarte de descritores.

Tabela 14. Contribuição relativa de 20 descritores de acessos de meloeiro, avaliados nos anos de 2006 e 2007, pelo método de Singh (1981). Mossoró-RN, UFERSA, 2006/2007.

Característica	S _i (%)					
	2006 S	2006 D	2007 S	2007 D	Conjunta S	Conjunta D
PS	1,94	-	1,82	4,42	1,26	-
NF	11,74	15,08	11,57	24,41	15,27	16,89
PF	9,68	-	4,69	-	7,07	7,27
PR	3,00	5,14	8,09	-	2,53	-
DL	6,73	-	27,93	-	12,25	-
DT	18,51	19,29	2,19	8,21	8,59	3,89
IF	6,66	13,80	3,69	7,38	1,77	8,31
EP	5,27	8,13	2,38	4,22	2,44	2,78
FP	4,68	8,69	4,06	12,60	3,80	4,75
SS	9,20	13,77	4,38	15,55	7,20	11,54
HP	1,14	-	2,01	-	1,38	1,68
NR	3,16	4,91	3,76	10,48	4,58	6,13
FLO	6,81	11,17	8,92	12,75	12,57	13,82
CP _e	1,65	-	2,08	-	3,38	4,02
CC _o	3,76	-	2,08	-	2,78	3,15
LC _o	0,09	-	3,97	-	3,47	4,19
CC _a	1,37	-	0,84	-	1,60	1,92
RF	1,77	-	2,09	-	2,93	3,32
CP _d	0,92	-	1,28	-	1,72	2,13
NL _o	1,91	-	2,18	-	3,40	4,16

PS: peso de cem sementes, em g; NF: número de frutos por planta; PF: peso médio do fruto, em g; PR: produtividade, em t ha⁻¹; DL: diâmetro longitudinal, em cm; DT: diâmetro transversal, em cm; IF: índice de formato; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: teor de sólidos solúveis, em %; HP: comprimento da haste principal, em cm; NR: número de ramos; FLO: dias para o florescimento; CP_e: comprimento do pecíolo, em cm; CC_o: comprimento da corola, em cm; LC_o: largura da corola, em cm; CC_a: tamanho do cálice, em cm; RF: razão foliar; CP: comprimento do pedúnculo, em cm; NL_o: número de lóbulos. 2006 S: avaliação em 2006 sem descarte de descritores; 2007 S: avaliação em 2007 sem descarte de descritores; Conjunta S: avaliação conjunta (2006-2007) sem descarte de descritores; 2006 D: avaliação em 2006 com descarte de descritores; 2007 D: avaliação em 2007 com descarte de descritores; Conjunta D: avaliação conjunta (2006-2007) com descarte de descritores.

4 DISCUSSÃO

4.1 ANÁLISES DE VARIÂNCIA

Em experimentação agrícola, é fundamental que os tratamentos sejam avaliados com a maior precisão possível. Quanto maior a precisão experimental, maior é a probabilidade de se encontrar diferenças entre os tratamentos avaliados. O coeficiente de variação é o parâmetro mais utilizado como indicativo da qualidade de experimentos. Considerando a classificação realizada por Lima *et al.* (2004) para a cultura do meloeiro, considera-se os CV's para as características número total de frutos (NF), massa média do fruto (MF), produtividade (PR), firmeza da polpa (FP) e teor de sólidos solúveis (SS) como altos (Tabelas 7 e 8). Para as demais características, não há classificação, contudo as estimativas para o peso de 100 sementes (PS), comprimento da haste principal (HP) e comprimento do pecíolo (CP_e) podem ser consideradas elevadas, em princípio.

A significância dos acessos indica heterogeneidade genética entre os materiais coletados. Houve efeitos de acessos para a análise multivariada de variância nos dois anos, indicando heterogeneidade global entre os acessos (Tabela 7). Considerando que os acessos pertenciam a diferentes grupos botânicos, notadamente variáveis para muitos descritores, era esperada a detecção dessa fonte de variação.

Assim como no presente trabalho, a interação de genótipos por ambientes foi constatada por outros autores (GURGEL *et al.* 2005; SILVA, 2006; NUNES *et al.*, 2006). A presença da interação de genótipos por ambientes pode ser entendida como a resposta diferenciada de genótipos quando submetidos a ambientes diferentes. Nesse caso, o comportamento dos genótipos em um determinado ambiente pode não ser coincidente em outro (RAMALHO *et al.*, 1993).

A interação é causada por dois fatores (CRUZ e 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 (LYNCH e WALSH, 1998). No presente trabalho, verificou-se predomínio da parte complexa da interação para NF, PF, PR, DL, DT, IF, FP e SS na conjunta (Tabela 8). Nunes *et al.* (2006) avaliando híbridos de melão em quatro municípios do Rio Grande do Norte, constataram prevalência da parte complexa sobre a simples, para as características produtividade e teor de sólidos solúveis. Silva (2006), selecionando famílias de melão Gália no agropolo Mossoró-Assu, também observou predomínio da parte complexa para a produtividade, teor de sólidos solúveis, espessura da polpa e proporção da cavidade interna.

Características como produtividade, peso médio do fruto, teor de sólidos solúveis, firmeza da polpa e diâmetro do fruto têm herança poligênica e são afetadas pelo ambiente (MONFORTE *et al.*, 2005). Em razão disso, geralmente a presença da interação é detectada para as mesmas. Por outro lado, para caracteres relacionados ao caule, folha e inflorescência, com exceção do florescimento, o efeito ambiental e da interação de genótipos por ambientes, em muitos casos, não é pronunciado (EDUARDO *et al.*, 2004), fato comprovado no presente trabalho (Tabela 8).

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 e REGAZZI, 1994). Dentro do contexto da estimação da divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma, a presença da interação evidencia que a

avaliação deve ser realizada em mais de uma oportunidade, uma vez que a interação do tipo complexa pode alterar de forma significativa o agrupamento dos acessos, em razão de algumas características morfo-agronômicas em meloeiro serem fortemente afetadas pela mudança de ambiente (SENSOY *et al.*, 2006).

4.2 SELEÇÃO DE DESCRITORES E AGRUPAMENTO

A técnica de componentes principais é puramente matemática, muito utilizada em estudos de divergência com o intuito de agrupar indivíduos. A intenção é reter em poucos componentes principais a maior parte da variação observada. O recomendado é que os dois primeiros componentes principais expliquem pelo menos 80% da variação total. No presente trabalho, não foi observada essa situação nas análises individuais e conjunta. O nível de 80% foi observado apenas com cinco componentes em 2006, três em 2007 e seis na análise conjunta (Tabela 9). Garcia *et al.* (1998), utilizando essa técnica para agrupar linhagens de melão Gália e Pele de Sapo, observou que os três primeiros componentes principais explicaram mais de 70% da variação, fato também observado em melão por Lotti *et al.* (2007). Quanto maior o número de variáveis (descritores), mais diluída fica a variação nos primeiros componentes principais.

Outra função da técnica de componentes principais é estudar a estrutura de correlação entre descritores e promover, por consequência, a eliminação de descritores redundantes. No presente trabalho, utilizou-se a técnica de componente principal direta (S_D) e com reanálise (S_R) e a invariância (S_I) dos descritores para a sua seleção. Em todas as situações, a aplicação direta da técnica (S_D) promoveu um descarte drástico (análises individuais e conjunta) (Tabela 10). Esse fato foi observado por Alves *et al.* (2003), em cupuaçuzeiro. Na seleção via reanálise (S_R), o descarte foi menor em função das correlações entre os descritores.

Considerando as três técnicas, nas análises individuais ocorreu maior descarte dos descritores (55%), enquanto que na análise conjunta o descarte foi de apenas 15%. Uma explicação foi a invariância de nove e oito descritores nas avaliações de 2006 e 2007, respectivamente (Tabela 7). Na análise conjunta apenas um descritor foi invariante (Tabela 8).

Os descritores selecionados e descartados devem apresentar correlações significativas entre si, ou seja, os descritores descartados devem ser redundantes. A redundância significa que os descritores selecionados são responsáveis pelo mesmo tipo de informação contida nos descritores descartados. Nesse sentido, as correlações entre os descritores descartados e os selecionados indicam que não haveria problema de descarte das variáveis (Tabela 11). Deve ser ressaltado que a não aplicação do critério de invariância nas análises individuais proporcionaria resultados mais similares no descarte, uma vez que os descritores invariantes não se correlacionaram com os descritores selecionados por componentes principais (seleção direta - S_D e seleção com reanálise - S_R).

Por outro lado, os descritores selecionados devem ter baixas correlações entre si, pois, desse modo, cada descritor será responsável por um tipo de informação biológica exclusiva e a ação conjunta dos mesmos será complementar para a descrição geral dos acessos. No presente estudo, as correlações entre os descritores selecionados foram reduzidas. Por conseguinte, em todas as situações (análises individuais e conjunta), o descarte foi necessário, pois reduziu a colinearidade da matriz de correlação residual. A colinearidade, em 2006, na análise sem descarte foi de $NC=1542$, enquanto que na análise com descarte foi de 37,12. Em 2007, a colinearidade sem descarte foi 1457 e na análise com descarte 51,17. Por fim, na análise conjunta, a colinearidade sem descarte foi 987,25, enquanto que na análise com descarte 45,14. A colinearidade deve ser menor do que 100. Colinearidade

elevada compromete as análises de agrupamento, pois reduz sensivelmente a precisão das estimativas.

Considerando as análises sem descarte, os agrupamentos realizados pela técnica de Tocher em cada ano e na média dos anos foram diferentes (Tabela 12). O mesmo foi observado quando as análises foram feitas com descarte de descritores.

Quanto as diferenças de agrupamento, na análise por UPGMA, também observaram-se resultados semelhantes àqueles obtidos por Tocher. Os índices de ramificação de consenso (Tabela 13) evidenciaram três situações: a) as análises individuais, com ou sem descarte, produziram agrupamentos muito diferentes. b) as análises conjuntas, com e sem descarte, proporcionaram agrupamentos muito semelhantes c) os agrupamentos, com ou sem descarte, entre cada avaliação individual e a conjunta são semelhantes.

Os resultados reforçam a idéia de que as avaliações devem ser realizadas em mais de uma oportunidade, em razão dos efeitos do ambiente (ano) e interação acessos x ambiente (Tabela 8). Convém ressaltar que para os descritores que mais contribuíram para a divergência genética (Tabela 14), com exceção do florescimento, a interação complexa foi dominante. Conforme é comentado na literatura, em meloeiro, os descritores relacionados ao fruto são aqueles que mais discriminam os acessos (STAUB *et al.*, 2000; STAUB *et al.*; 2004; NAKATA *et al.*, 2005). Neste estudo, a soma da contribuição dos descritores do fruto para a divergência foi superior em todas as análises, com ou sem descarte de descritores.

Considerando o agrupamento da análise conjunta com descarte, observou-se, tomando como ponto de corte a média das distâncias, a formação de cinco grupos (Figura 2, Conjunta 2006 D-2007 D) . O primeiro grupo foi composto pelo acesso A-16 (*Conomon*). O segundo grupo foi formado pelos acessos A-37, A-41, A-43 ('HDRF'), A-44 ('Mandacaru'), A-45 ('Vereda') e A-46 ('Goldex'). O terceiro grupo pelo acesso A-19 (não definido). O quarto grupo pelos acessos A-40, A-32, A-21, A-

17, A-24, A-12, A-29, A-23 e A-11. Por fim, o quinto grupo constituído pelos demais acessos.

Um fato interessante é que os descritores utilizados permitiram a diferenciação entre acessos e cultivares comerciais. Uma explicação razoável é o fato de os descritores número de frutos por planta, teor de sólidos solúveis e florescimento, que juntos explicaram 42,25% (Tabela 14, Conjunta D), serem, em média, diferentes entre acessos e cultivares. Os acessos são, em média, mais prolíficos (3,49 frutos por planta), mais tardios (22,28 dias para o florescimento) e menos doces (5,9%) em relação às cultivares comerciais (*Inodorus*).

O agrupamento do grupo de acessos avaliados permitirá a definição de futuros cruzamentos entre os acessos e cultivares comerciais para geração de populações segregantes com potencial para seleção nas etapas subsequentes do programa de melhoramento.

5 CONCLUSÕES

- O descarte dos descritores e o agrupamento dos acessos foram dependentes das condições de avaliação, principalmente devido aos efeitos de ano e da interação acessos x anos;
- Os descritores descartados na avaliação conjunta de 2006 - 2007 foram peso de sementes (PS), produção (PR) e diâmetro longitudinal (DL);
- As análises conjuntas, com e sem descarte, proporcionaram agrupamentos semelhantes, permitindo a obtenção de cinco grupos e a discriminação entre acessos e materiais comerciais;
- Os descritores número de frutos por plantas (NF) e florescimento (FLO) são eficientes para discriminar os acessos, pois explicam 30,71% da variância total na análise conjunta.

6 REFERÊNCIAS

ALVES, R.M.; GARCIA, A.A.F.; CRUZ, E.D. FIGUEIRA. Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 7, p. 807-818, 2003.

ADAMS, M.W.; WIERSMAN, J.V. An adaptation of principal components analysis to an assessment of genetic distance. **Resource Report**, v. 347, n.1, p. 2-7, 1978.

CRUZ, C.D. **Programa GENES**: aplicativo computacional em genética. Viçosa, Imprensa Universitária da UFV. 2001. 442p.

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, maio/jun. 1991.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV. Imprensa Universitária, 1994. 390p.

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 p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

EDUARDO, I.; ARÚS, P.; MONFORTE, A. J. Verificación de QTLs (Quantitative trait loci) implicados em la forma del fruto del melón (*Cucumis melo* L.) usando lineas casi-isogenicas (Nils, near isogenic lines). In: II CONGRESO DE MEJORA GENETICA DE PLANTA, II, 2004, León, **Resumos ...**, León: Universidade de León, 2004 (Acta de Horticura, n. 41 p. 199-202)

GARCIA, E.; JAMILENA, 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.

FERREIRA, D.F. **Análise multivariada**. Lavras: UFLA. 2006. 435 p.

GURGEL, F.L.; KRAUSE, W.; SCHMIDT, E.R.; SENA, L.C.N. Indicação de híbridos de melão para o Rio Grande do Norte. **Revista Ceres**, v. 52, v. 299, p. 115-123, 2005.

JOLLIFFE, I. T. Discarding variables in a principal component analysis. II: real data. **Journal of the Royal Statistical Society Series C - Applied Statistics**, London, v. 22, n. 1, p. 21-31, 1973.

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

LOTTI, C.; MARCOTRIGIANO, A. R.; DE GIOVANNI, C.; RESTA, P.; RICCIARDI, A.; ZONNO, V.; FANIZZA, G.; RICCIARDI, L. Univariate and multivariate analysis performed on bio-agronomical traits of *Cucumis melo* L. germoplasm. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 54, n.1, p. 125-134, 2007.

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

MONFORTE, A.J.; IBAN, E.; ABAD, S. PERE, A. Inheritance mode of fruit traits in melon: Heterosis for fruit shape and its correlation with genetic distance. **Euphytica**, v. 144, n. 1., 31-38, 2005.

NAKATA, E.; STAUB, J. E.; LÓPEZ-SESÉ, A. I.; KATZIR, N. Genetic diversity of Japanese melon cultivars (*Cucumis melo* L.) as assessed by random amplified polymorphic DNA and simple sequence repeat markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 52, p. 405-419, 2005.

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-Assu. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 9, p.1369-1376, 2006.

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

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

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

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

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods . **Taxonomy**, v. 11, n.1, p. 30-40, 1982.

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

STAUB, J. E.; LÓPEZ-SESÉ, A. I.; FANOURAKIS, N. Diversity among landraces (*Cucumis melo* L.) from Greece and their genetic relationships with other melon germoplasm of diverse origins. **Euphytica**, v. 136, n.1, p.151-166, 2004.

STRAPASSON, E. **Seleção de descritores na caracterização de germoplasma de *Paspalum* através de componentes principais**. 1997. 95 f. (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.

CAPÍTULO 3

ASSOCIAÇÃO ENTRE A DIVERGÊNCIA GENÉTICA E A HETEROSE EM LINHAGENS DE MELÃO HONEY DEW

RESUMO

TORRES FILHO, José. **Associação entre a divergência genética e a heterose em linhagens de melão Honey Dew**. 2008. 150 f. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-árido (UFERSA).

O objetivo do presente trabalho foi avaliar a associação entre a divergência genética e a heterose em linhagens de melão do tipo Honey Dew. Sete linhagens e seus híbridos foram avaliados em delineamento em blocos casualizados com três repetições. Estimou-se a divergência genética pela distância de Mahalanobis, a partir de nove características. Foi utilizado o método de UPGMA para agrupar as linhagens e o critério de Singh para estimar a contribuição relativa de cada característica. Realizou-se a análise dialélica pelo modelo de Griffing para estimar as capacidades geral e específica de combinação. Foram formados cinco grupos de linhagens. O primeiro composto pela linhagem LOF-13; o segundo pela linhagem LOF-12; o terceiro pelas LOF-05, LOF-06 e LOF-07. O quarto grupo foi constituído pela linha LOF-01 e o quinto pela linhagem LOF-02. O teor de sólidos solúveis foi a característica que mais contribuiu para a divergência genética. A divergência genética não se correlacionou com nenhum parâmetro estudado para todas as características. A heterose se correlacionou com a capacidade específica de combinação e a média do híbrido.

Palavras-chave: *Cucumis melo* L., escolha de genitores, distância de Mahalanobis.

ABSTRACT

TORRES FILHO, José. **Association between genetic divergence and heterosis in Honey Dew melon lines** . 2008. 150 f. Tese (Doctorate in Agronomy/Crop Science) – Universidade Federal Rural do Semi-árido (UFERSA).

The objective of the present work was to evaluate the association between the genetic divergence and the heterosis of melon lines of the type Honey Dew. Seven lines and their hybrids were evaluated in a randomized complete block design with three replications. It was estimated the genetic divergence by distance of Mahalanobis using nine traits. The grouping of the lines was accomplished by the method UPGMA and the estimate of the relative contribution of each characteristic for genetic divergence was made by the Singh method. The diallell analysis using Griffing's model was utilized to estimate the general and specific capacities of combination. The heterosis was estimated based on the average of the genitors. They were formed five groups of melon lines. The first group was formed by line LOF-13; the second one by line LOF-12; the third group was constituted by the lines LOF-05, LOF-06, and LOF-07. The fourth group was formed by LOF-01 and the fifth group by the line LOF-02. The content of soluble solids was the trait that contributed more to the genetic divergence. The genetic divergence was not correlated with any parameter for all the evaluated traits. However, the heterosis was correlated with the specific capacity of combination and with the hybrid average.

Keywords: *Cucumis melo* L., choice of parents, Mahalanobis's distance.

1 INTRODUÇÃO

O uso de sementes melhoradas é uma das razões do sucesso da lavoura meloeira no Nordeste brasileiro. Híbridos simples de melão começaram a ser cultivados no final dos anos 1980, no Rio Grande do Norte. Atualmente as cultivares plantadas, em quase sua totalidade, são híbridos simples andromonóicos. Exceções são variedades de polinização aberta de melão do tipo Honey Dew. A maior parte dos híbridos cultivados no Nordeste são produzidos na Europa (França, Espanha e Holanda) ou Estados Unidos.

Dentre os híbridos existentes, aqueles pertencentes à variedade botânica *Inodorus* Naud. são os mais cultivados. O maior destaque é o tipo Amarelo, em razão da maior conservação pós-colheita, condições mais simples de manejo e transporte. Do melão exportado nos últimos anos, mais de 60 % pertence ao tipo Amarelo, seguido pelo tipo Honey Dew, com 15,1 % (SALES JÚNIOR *et al.*, 2006).

O desenvolvimento de híbridos envolve a obtenção de linhagens com nível adequado de homozigose, avaliação das linhagens e seu cruzamento para obtenção de semente do híbrido F₁ (FEHR, 1997). A obtenção das linhagens é facilitada porque em cucurbitáceas a depressão por endogamia é reduzida (CARDOSO, 2001). Não obstante, a heterose tem sido explorada no meloeiro, sendo o emprego de híbridos uniformes uma das razões do sucesso da cultura.

Estudos de divergência genética têm sido de grande utilidade em programas de melhoramento envolvendo hibridações, por fornecerem estimativas de parâmetros para identificação de genitores que, quando cruzados, possibilitem maior efeito heterótico na progênie e maior probabilidade de recuperar genótipos superiores nas gerações segregantes (RIBEIRO *et al.*, 2003).

A divergência genética tem sido indicativa de genitores superiores que quando cruzados proporcionam alto efeito heterótico aos seus híbridos. Tal expectativa ocorre

porque a heterose ou vigor de híbrido é função dos efeitos de dominância e do quadrado da diferença de frequências alélicas nos genitores epistáticos (FALCONER e MAKAY, 1996). Não obstante, apesar de grandemente enfatizada a importância da divergência genética, ainda se discute a magnitude e a significância da relação entre a divergência genética e a heterose. A viabilidade da utilização da divergência genética tem sido ressaltada por diversos autores. Os Coeficientes de correlação entre a divergência genética e a heterose são indicativos da eficiência da predição do comportamentos dos híbridos.

Resultados positivos foram encontrados em diversas culturas como tomate (MALUF *et al.*, 1983), pimentão (MIRANADA *et al.*, 1988), milho (FERREIRA *et al.*, 1994) entre outras. No caso do meloeiro, existem poucos relatos sobre o tema. Rizzo (1999) e Barros (2005) observaram correlações não-significativas entre a divergência genética e a heterose. Paiva (2002) concluiu que a heterose favorável nos híbridos nem sempre ocorreu quando se utilizaram linhagens divergentes, enquanto que cruzamentos entre linhagens com pequenas distâncias de Mahalanobis manifestaram essa característica. Não obstante, trabalhando com a divergência de linhagens de melão dos tipos Gália e Pele de Sapo, Garcia *et al.* (1998) recomendam a utilização das distâncias genéticas para orientar cruzamentos em meloeiro.

Do exposto, a fim de contribuir com os estudos de divergência genética no melão na região Nordeste, o presente trabalho teve como objetivos avaliar a associação entre a divergência genética e a heterose, os efeitos genéticos, a capacidade geral de combinação e capacidade específica de combinação em linhagens do tipo Honey Dew.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL

O experimento foi conduzido na Horta Experimental e Laboratório de Pós-colheita do Departamento de Ciências Vegetais da Universidade Federal Rural do Semi-árido - UFERSA. Mossoró, RN

O município de Mossoró está situado na latitude Sul 5° 11', longitude 37° 20' a oeste de Greenwich e com altitude de 18 m. O clima, segundo a classificação de Koppen é 'BSWh' (muito seco, com estação de chuva no verão, atrasando-se para o outono) (CARMO FILHO e OLIVEIRA, 1989).

O solo da área experimental foi classificado como Argissolo Vermelho-Amarelo Eutrófico abrupto, textura areia franca e de relevo plano. Foram retiradas amostras da área experimental, cuja análise química, processada no Laboratório de Análises de solo, água e planta da Empresa de Pesquisa Agropecuária do Rio Grande do Norte S/A - EMPARN, revelou os resultados apresentados a seguir: pH (água 1:2,5)= 7,94; Ca = 2,83 cmol_c kg⁻¹; Mg = 0,69 cmol_c kg⁻¹; Al = 0,0 cmol_c kg⁻¹; (H + Al)= 0,36; P= 233 mg kg⁻¹; K=70 mg kg⁻¹; Na= 37 mg kg⁻¹ e condutividade elétrica extrato (1:5 dS.m⁻¹)= 0,043.

2.2 MATERIAL VEGETAL

Foram avaliadas sete linhagens do tipo Honey Dew. As linhagens LOF-01, LOF-02 e LOF-05, com polpa do fruto de cor salmão, foram obtidas do híbrido Honey Dew Red Flesh. As linhagens LOF-06 e LOF-07, com polpa do fruto verde, foram

obtidas do híbrido Saturno. Por fim, as linhagens LOF-12 e LOF-13, com polpa salmão, foram obtidas do híbrido Orange Flesh. A expressão sexual de todas linhagens é do tipo andromonóica.

As linhagens foram obtidas pelo método SSD (*Single Seed Descendent*) com modificações. A população S_0 foi composta por 500 plantas, originadas da autofecundação dos híbridos. As plantas foram identificadas e realizaram-se as autofecundações por sete gerações. Em cada geração, foram colhidos dois frutos por planta, misturaram-se as sementes de ambos e retirou-se uma semente para formar a próxima geração de autofecundação. Durante todo o processo as plantas com má formação de frutos e com alta susceptibilidade ao fungo *Podosphaera xantii*, agente causal do oídio, foram eliminadas. As autofecundações foram realizadas conforme descrito por Andrés *et al.* (1987).

As sementes híbridas foram produzidas na Horta do Departamento de Ciências Vegetais da Universidade Federal Rural do Semi-Árido-UFERSA, no período de novembro/2003 a janeiro/2004.

Foram realizados todos os cruzamentos possíveis entre as sete linhagens, obtendo-se 21 híbridos F_1 . De cada linhagem, foram cultivadas 25 plantas, no espaçamento de 2,0 m entre linhas e 1,0 m entre plantas. As flores masculinas e hermafroditas foram isoladas com saco de papel no dia anterior a sua antese. No caso das flores hermafroditas, antes do isolamento foi feita a emasculação, removendo-se a corola, o cálice e os estames com os dedos. No dia seguinte, foi feita a polinização encostando e friccionando os estames de três flores masculinas sobre o estigma (Andrés *et al.*, 1987). Após a polinização, as flores foram isoladas e identificadas com fios de lã. Cada genitor apresentou uma cor de fio de lã diferente. O fio de lã na flor polinizada identificou o doador de pólen.

Após a colheita dos frutos polinizados, foram extraídas e identificadas as sementes de cada combinação híbrida. As sementes foram lavadas e colocadas para

secar à sombra, em papel toalha. Posteriormente, as sementes de cada cruzamento foram armazenadas em câmara fria e seca ($\cong 15^\circ$) até o momento da semeadura.

2.3 CONDUÇÃO DOS EXPERIMENTOS

No preparo do solo, após uma gradagem procedeu-se à abertura dos sulcos com aproximadamente 0,20 m de profundidade e fez-se a adubação, de acordo com as recomendações da análise do solo, aplicando-se em kg. ha^{-1} 130 N, 270 k_2O_5 e 85 de P_2O_5 , respectivamente, nas formas de uréia, cloreto de potássio e superfosfato simples.

As adubações de cobertura foram realizadas diariamente por fertirrigação após o transplântio. As quantidades totais de adubo utilizados foram em Kg ha^{-1} 120 de uréia, 450 de cloreto de potássio, 450 de nitrato de cálcio e 210 de ácido fosfórico.

A cultura foi irrigada por gotejamento, com fertirrigação, no espaçamento de 2,0 m entre linhas e 0,5 m entre gotejadores. O volume de água esteve em torno de $3.000 \text{ m}^3/\text{ha}$.

As sementes dos acessos/cultivares foram semeadas em bandejas de poliestireno expandido, com 128 células compostas do substrato comercial Plantmax®, sendo o transplântio realizado quando as mudas estavam com um par de folhas definitivas.

Foi aplicado semanalmente Confidor para controlar a mosca-branca (*Bemisia tabacci* L.). Foram realizadas capinas manuais até trinta dias após o transplântio. As demais práticas culturais foram realizadas conforme a recomendação de manejo para a cultura sugeridas por Nunes et al., 2004.

A colheita foi realizada manualmente entre 10 e 20 de outubro de 2006. Os frutos foram colocados em contentores plásticos e levados para o galpão de embalagem para pesagem em balança eletrônica de 25 kg.

2.4 DELINEAMENTO EXPERIMENTAL E CARACTERÍSTICAS AVALIADAS

Adotou-se o delineamento experimental em blocos casualizados com três repetições. Cada parcela foi constituída de duas linhas de 5,0 metros com 10 plantas.

As características avaliadas foram: número total de frutos, produtividade, massa média do fruto, diâmetro transversal, diâmetro longitudinal, índice de formato, espessura da polpa, firmeza da polpa e teor de sólidos solúveis. A forma de mensuração das características estão descritas no capítulo 1. Foi tomada aleatoriamente uma amostra de 12 frutos para medir todas as variáveis, com exceção da produtividade.

2.5 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

2.5.1 Análise de variância

A análise de variância de cada característica foi feita conforme o modelo estatístico apresentado no item 2 do capítulo 2:

Realizou-se o teste de comparação múltipla das médias dos tratamentos, conforme Skott- Knott, a 5% de probabilidade. Todas as análises foram realizadas no programa SISVAR, desenvolvido no Departamento de Ciências Exatas da Universidade Federal de Lavras (UFLA).

2.5.2 Análise dialélica

A análise dialélica foi efetuada utilizando os dados médios considerando o modelo II proposto por Griffing (1956 a,b), o qual utiliza os cruzamentos e os genitores, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + e_{ij}$$

em que:

y_{ij} : observação da parcela que recebeu o cruzamento entre o genitor i e o genitor j ;

μ : efeito fixo da média geral do experimento, sendo $E[\mu]=\mu$ e $Var[\mu]=0$;

g_i : efeito da capacidade geral de combinação do genitor i, sendo $i=1, 2, \dots, I$;

g_j : efeito da capacidade geral de combinação do genitor j, sendo $i=1, 2, \dots, J$;

s_{ij} : efeito da capacidade específica do cruzamento entre o genitor i e o genitor j;

e_{ij} : efeito aleatório do erro experimental associado às médias da tabela dialélica, sendo $e_{ij} \cap NID (0, \sigma^2)$;

O esquema da análise de variância do dialelo, considerando os efeitos de genitores como fixos e as esperanças matemáticas dos quadrados médios de cada fonte de variação estão apresentados na Tabela 15.

Tabela 15. Esquema da análise de variância do modelo II de Griffing (1956) e esperanças matemáticas dos quadrados médios.

CV	GL	QM	F	E(QM)
Tratamentos	$p(p-1) - 1$	Q_1	Q_1/Q_4	$\sigma^2 + J\phi T$
CGC	$p - 1$	Q_2	Q_2/Q_4	$\sigma^2 + (p+2)\phi g$
CEC	$p(p-1)/2$	Q_3	Q_3/Q_4	$\sigma^2 + \phi s$
Erro	F	Q_4		σ^2

$$\phi g = 1/(p-1) \sum_i g_i^2 ; \phi s = 2 / p(p-1) \sum_i \sum_{i \leq j} s_{ij}^2$$

CGC e CEC: Capacidades geral e específica de combinação, respectivamente;

p: Corresponde ao número de genitores utilizados no dialelo; f:Corresponde ao número de graus de liberdade do resíduo obtido na análise em blocos casualizados com dados individuais (Vide Tabela 4).

Foram estimados os componentes quadráticos que expressam a variabilidade genética do material estudado, em termos de capacidades geral e específica de combinação, pelas seguintes expressões:

$$\hat{\phi}_g = (Q_2 - Q_4)/(p + 2) \text{ e } \hat{\phi}_s = (Q_3 - Q_4)$$

A relação $\phi_g / (\phi_g + \phi_s)$ fornece uma idéia da importância relativa dos efeitos das capacidades geral e específica de combinação (MARIS, 1989), quando os recíprocos não estão envolvidos na análise. Quando essa relação for superior a 0,5 a CGC é a mais importante no controle genético do caráter da característica avaliada, no entanto, se essa relação for inferior a 0,5 a CEC será a mais importante.

A estimação dos parâmetros do modelo foi realizada pelas seguintes equações conforme Cruz e Regazzi (1994):

$$\hat{\mu} = \frac{2}{p(p+1)} y_{..}$$

$$\hat{g}_i = \frac{1}{p+2} [y_{..} + y_{i.} - (p+1)\hat{\mu}] = \frac{1}{p+2} [y_{ii} + y_{i.} - \frac{2}{p} y_{..}]$$

$$\hat{s}_{ij} = y_{ij} - (\hat{\mu} + \hat{g}_i + \hat{g}_j) = y_{ij} - \frac{1}{p+2} [(y_{ii} + y_{jj} + y_{i.} + y_{.j})] + \frac{2}{(p+1)(p+2)} y_{..}$$

Em que:

$\hat{\mu}$: estimativa da média geral dos tratamentos (médias dos genitores e cruzamentos);

\hat{g}_i : estimativa da capacidade específica de combinação do genitor i;

\hat{s}_{ij} : estimativa da capacidade específica de combinação do cruzamento entre o genitor i e o genitor j;

p : Número de genitores envolvidos no dialelo;

$y_{..}$: Somatório geral dos tratamentos (médias dos genitores e cruzamentos);

$y_{i.}$: Somatório de todos os cruzamentos envolvendo o genitor i;

$y_{.j}$: Somatório de todos os cruzamentos envolvendo o genitor j;

y_{ii} e y_{jj} : Valores médios dos genitores i e j, respectivamente;

y_{ij} : Valores médio do cruzamento entre os genitores i e j;

As restrições necessárias são:

$$\sum_i \hat{g}_i = 0$$

$$\sum_i \sum_{i \leq j} \hat{s}_{ij} = 0 \text{ e } \hat{s}_{ii} + \sum_i \hat{s}_{ij} = 0 \text{ para todo } i.$$

A estimação das somas de quadrados dos efeitos foi realizada segundo as seguintes expressões:

$$SQ(CGC) = \sum_i \hat{g}_i (y_{..} + y_{i.}) = \frac{1}{p+2} \left[\sum_i (y_{ii} + y_{i.})^2 - \frac{4}{p} y_{ii}^2 \right]$$

$$SQ(CEC) = \sum_i \sum_{i \leq j} \hat{s}_{ij} y_{ij} = \sum_i \sum_{i \leq j} y_{ij}^2 - \frac{1}{(p+2)} \sum_i (y_{ii} + y_{i.})^2 + \frac{2}{(p+1)(p+2)} y_{..}^2$$

As variâncias dos valores médios de qualquer genitor ou cruzamento, da diferença entre quaisquer duas médias e dos efeitos e das diferenças entre efeitos, respectivamente, foram estimadas do seguinte modo:

$$\hat{V}(y_{ij}) = \sigma^2 = \text{QM Erro (Q}_4 \text{ da Tabelas 15)}.$$

$$\hat{V}(y_{ij} - y_{i'j'}) = 2\sigma^2$$

As variâncias dos efeitos e das diferenças entre efeitos foram estimadas pelas seguintes expressões:

$$\hat{V}(\hat{\mu}) = \frac{2}{(p^2 + p)} \sigma^2$$

$$\hat{V}(\hat{g}_i) = \frac{(p-1)}{(p^2 + 2p)} \sigma^2$$

$$\hat{V}(\hat{g}_i - \hat{g}_j) = \frac{2}{(p+2)} \sigma^2$$

$$\hat{V}(\hat{s}_{ii}) = \frac{p^2 - p}{[(p+1)(p+2)]} \sigma^2$$

$$\hat{V}(\hat{s}_{ij}) = \frac{(p^2 + p + 2)}{[(p+1)(p+2)]} \sigma^2, (i \neq j)$$

$$\hat{V}(\hat{s}_{ii} - \hat{s}_{jj}) = \frac{2p-4}{p+2} \sigma^2, (i \neq j)$$

$$\hat{V}(\hat{s}_{ij} - \hat{s}_{ik}) = \frac{2p+2}{p+2} \sigma^2, (i \neq j, k; j \neq k)$$

$$\hat{V}(\hat{s}_{ij} - \hat{s}_{km}) = \frac{2p}{(p+2)} \sigma^2, (i \neq j, k, m; j \neq k, m; k \neq m)$$

Todas as análises dialélicas foram realizadas utilizando o programa GENES, desenvolvido no Setor de Genética da Universidade Federal de Viçosa (UFV) (CRUZ, 2001).

2.5.3 Divergência genética

Utilizando os dados médios das características avaliadas no experimento, foram realizadas as análises uni e multivariada, sendo obtidas as matrizes de médias de

cada característica e covariâncias residuais. A partir dessas matrizes, foram calculadas as distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2_{ij}), definidas pela seguinte expressão: $D^2_{ij} = (X_i - X_j)'E^{-1}(X_i - X_j)$, em que: X_i e X_j são os vetores médios associados aos híbridos i e j , respectivamente; E^{-1} é a matriz de covariâncias residuais (Mahalanobis, 1936). Para o cálculo da distância generalizada de Mahalanobis, as variáveis foram transformadas por condensação pivotal, em que $D^2_{ij} = \Sigma (Z_{ij} - Z_{i\cdot})^2$, onde Z_{ij} é a média do i -ésimo genótipo em relação à j ésima variável com variância residual igual a 1.

A análise de agrupamento foi realizada com a matriz de distâncias de Mahalanobis entre as linhagens, utilizando o método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) para a construção do dendrograma.

Foi utilizado o critério de Singh (1981) para identificar a contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética. O critério é baseado na estatística (S.j.), cujos valores percentuais se constituem na medida da importância relativa da variável j para o estudo da divergência genética.

2.5.4 Heterose

A heterose foi calculada como porcentagem, em relação à média dos genitores, de acordo com a expressão a seguir:

$$h_{ij}(\%) = \left[\frac{\overline{F}_1 - \frac{\overline{G}_i + \overline{G}_j}{2}}{\frac{\overline{G}_i + \overline{G}_j}{2}} \right] \times 100$$

Em que:

$h_{ij}(\%)$: heterose em porcentagem;

\overline{F}_1 : média do cruzamento entre os genitores i e j ;

\bar{G}_i e \bar{G}_j : médias dos genitores i e j;

2.3.5 Correlação de Spearman

O coeficiente de correlação de Spearman foi calculado a partir da seguinte expressão:

$$r_s = 1 - \frac{6 \sum_{i=1}^N D_i^2}{N^3 - N}$$

Em que:

r_s : Correlação de Spearman;

D_i : Diferença entre postos;

N: Número de pares.

O teste t foi calculado pela seguinte expressão:

$$t = r_s \sqrt{\frac{N-2}{1-r_s^2}}$$

Utilizou-se o programa BioEstat 3.0 para estimação do coeficiente de correlação de Spearman (AYRES *et al*, 2003).

3 RESULTADOS

3.1 DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE LINHAGENS DE MELÃO HONEY DEW

As médias das características avaliadas das linhagens estão apresentadas na Tabela 16. Observou-se efeito significativo de linhagens apenas para as características número total de frutos (NF), produtividade (PR), massa média do fruto (MF), diâmetro transversal (DT), firmeza da polpa (FP) e teor de sólidos solúveis (SS).

Tabela 16. Média de nove características avaliadas em linhagens de melão Honey Dew. Mossoró-RN, UFERSA, 2005.

Linhagem	Médias (Características)								
	NF	PR	MF	DT	DL	IF	EP	FP	SS
LOF-01	20.330b	17,01 ^a	1,72 ^a	11,84a	11,00a	1,01a	3,44a	23,16b	9,94b
LOF-02	55.670a	16,39 ^a	1,50b	10,08a	10,43a	1,02a	3,13a	27,13a	10,71b
LOF-05	41.670a	19,75 ^a	1,40b	10,63b	10,40a	1,02a	3,23a	26,73a	10,81b
LOF-06	19.670b	17,23 ^a	1,43b	9,70b	10,40a	0,93a	3,18a	23,18b	10,94b
LOF-07	32.000b	16,66 ^a	1,37b	9,67b	10,23a	0,95a	3,18a	25,44b	11,14b
LOF-12	20.000b	19,91a	1,42b	9,67b	10,47a	0,93a	3,15a	30,12a	12,80a
LOF-13	21.000b	13,00b	1,07c	10,33b	9,83a	1,06a	2,46a	21,09b	10,00b

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo formado pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

NF: número de frutos por planta (mil ha⁻¹); MF: massa média do fruto, em g; PR: produtividade, em t ha⁻¹; DL: diâmetro longitudinal, em cm; DT: diâmetro transversal, em cm; IF: índice de formato; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: teor de sólidos solúveis, em %.

As linhagens foram agrupadas em dois grupos para NF. O primeiro grupo formado pelas linhagens LOF-02 e LOF-05, enquanto que as demais formaram o segundo grupo.

Com relação à PR, verificou-se a formação de dois grupos. O primeiro, formado pela linhagem LOF-13 e o segundo pelas demais linhagens.

Formaram-se três grupos quanto a MF, sendo o primeiro grupo formado pelas linhagens LOF-01; o segundo, pelas linhagens LOF-02, LOF-05, LOF-06, LOF-07 e LOF-12, e o terceiro pela linhagem LOF-13. Com relação ao tamanho do fruto, para o caso do tipo Honey Dew, valores entre 1,0 e 1,9 kg são preferidos nos contratos estabelecidos entre empresas exportadoras e os importadores europeus. Assim sendo, no presente trabalho, todas as linhagens estão dentro desse intervalo, ou próximo dele.

Todas as linhagens apresentaram frutos com formatos arredondados, característicos do melão do tipo Honey Dew. Esse fato ocorreu em razão da equivalência entre os diâmetros transversal (DT) e longitudinal (DL), que proporcionou índice de formatos (IF) próximos de 1,0.

Verificou-se discriminação de linhagens para FP, com a formação de dois grupos. O primeiro grupo foi formado pelas linhagens LOF-02, LOF-05 e LOF-12, valores acima de 26,0 N. O segundo grupo foi formado pelas linhagens LOF-01, LOF-06, LOF-07 e LOF-13.

A linhagem LOF-12 destacou-se com a maior média de SS de 12,80%, constituindo-se um grupo. As demais linhagens formaram o segundo grupo.

No método de UPGMA foram formados cinco grupos (Figura 3). O primeiro grupo foi formado pela linhagem LOF-13; o segundo pela linhagem LOF-12; o terceiro grupo foi constituído pelas linhagens LOF-05, LOF-06, e LOF-07. O quarto grupo foi formado pela LOF-02 e o quinto grupo pela linhagem LOF-01.

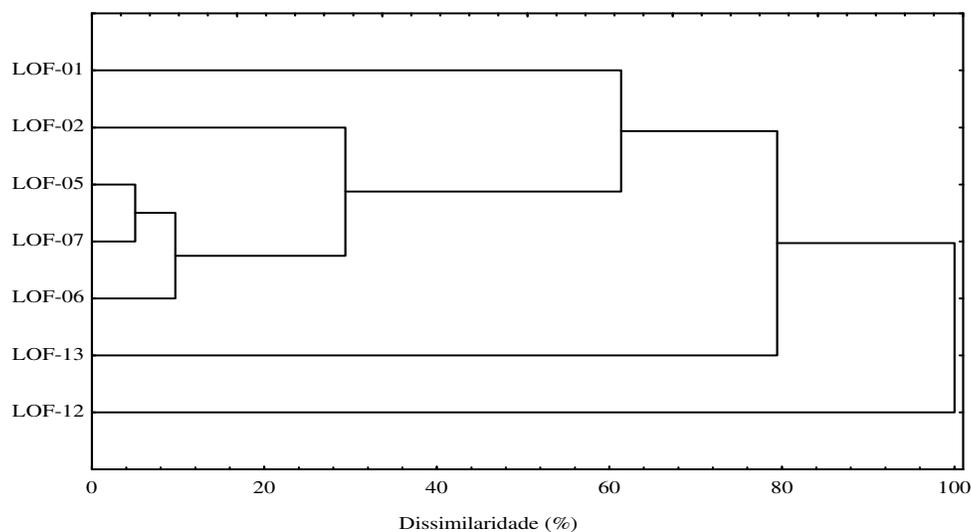


Figura 3. Dendrograma baseado em UPGMA de linhagens de melão Honey Dew avaliadas no município de Mossoró-RN. Mossoró-RN, UFERSA, 2005.

Verificou-se que SS e FP foram as características que mais contribuíram para divergência no grupo de linhagens Honey Dew (Tabela 17).

Tabela 17. Contribuição de cada característica para divergência genética pelo critério de Singh entre linhagens de melão Pele de Sapo avaliadas no município de Mossoró-RN. Mossoró-RN, UFERSA, 2005.

Característica	Contribuição para divergência genética	
	$S_{(i)}$	(%)
Número total de frutos (mil ha ⁻¹)	2194,21	12,64
Produtividade (t ha ⁻¹)	956,25	5,51
Peso médio do fruto (g)	1662,43	9,58
Diâmetro transversal (cm)	679,30	3,91
Firmeza da polpa (N)	9045,11	52,12
Teor de sólidos solúveis (%)	2816,07	16,23

3.2 ANÁLISE DIALÉLICA

Com relação ao estudo do dialelo, observou-se que os genitores diferiram quanto à capacidade geral de combinação (CGC) para NF, PF, FP e SS (Tabela 18). O efeito significativo da capacidade específica de combinação (CEC) foi detectado nas características NF, PR, DT, FP e SS. Além disso, para essas mesmas características, verificou-se que o componente da CEC foi superior ao componente da CGC.

Tabela 18. Resumo da análise de variância do dialelo conforme modelo 1, método II de Griffing (1956) e estimativas dos componentes quadráticos das capacidades geral e específica de combinação de nove características avaliadas em sete linhagens de melão Honey Dew e seus híbridos. Mossoró-RN, UFERSA, 2005.

FV	Gl	QM (Características)								
		NF	MF	PR	DT	DL	IF	EP	FP	SS
Tratamentos	(27)	551,04**	0,076 ^{ns}	253,46**	1,467*	0,471 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,119 ^{ns}	31,43**	1,88*
CGC	6	450,41*	0,165*	163,11 ^{ns}	0,773 ^{ns}	0,091 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,172 ^{ns}	44,60*	3,02**
CEC	21	579,78*	0,051 ^{ns}	256,13*	1,652*	0,581 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,104 ^{ns}	27,67*	1,55*
Erro	54	153,38	0,045	111,25	0,590	0,570	0,05	0,100	14,46	0,81
ϕ_{CGC}		11,0	0,004	1,92	0,010	-0,018	0,00	0,03	1,12	0,08
ϕ_{CEC}		142,14	0,002	48,30	0,354	0,004	0,00	0,00	4,40	0,25
$\phi_{(CGC/CGC+CEC)}$		0,07	0,67	0,04	0,03	1,29	-	1,00	0,20	0,24

*, **: Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F de Snedecor; ns: Não significativo a 5% de probabilidade pelo teste F de Snedecor. ϕ_{CGC} e ϕ_{CEC} : Componentes quadráticos das capacidades geral e específica de combinação. NF: número de frutos por planta; MF: massa média do fruto, em g; PR: produtividade, em t ha⁻¹; DL: diâmetro longitudinal, em cm; DT: diâmetro transversal, em cm; IF: índice de formato; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: teor de sólidos solúveis, em %;

As linhagens LOF-05 e LOF-02 destacaram-se com as maiores estimativas de CGC para NF, enquanto que as linhagens LOF-06 e LOF-12 apresentaram os menores valores (Tabela 19).

Com relação PF, a maior estimativa foi observada para a linhagem LOF-02 e a menor para a linhagem LOF-13.

As linhagens LOF-07 e LOF-12 apresentaram as maiores estimativas de CGC para FP. Os menores valores foram observados nas linhagens LOF-06 e LOF-13.

A linhagem LOF-12 apresentou a maior estimativa para SS, enquanto que as linhagens LOF-01 e LOF-02, os menores.

Tabela 19. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) de nove características avaliadas em sete linhagens de melão Honey Dew e seus híbridos. Mossoró-RN, UFERSA, 2005.

Linhagem	\hat{g}_i								
	NF	MF	PR	DT	DL	IF	EP	FP	SS
LOF-01	0,67	0,11	2,28	0,13	0,05	0,01	0,06	0,34	-0,39
LOF-02	2,23	0,07	-1,95	0,25	-0,05	0,03	0,07	-0,31	-0,49
LOF-05	6,52	0,00	3,84	0,14	-0,08	0,02	0,07	-0,68	0,09
LOF-06	-4,55	-0,03	-1,77	-0,16	0,01	-0,02	0,05	-1,38	0,15
LOF-07	-2,62	-0,05	-2,88	-0,16	0,06	-0,02	-0,08	1,11	0,11
LOF-12	-4,44	0,02	-0,43	-0,12	-0,04	-0,01	0,06	2,14	0,48
LOF-13	2,19	-0,12	0,90	0,08	0,08	-0,01	-0,05	-1,22	0,05
DP(g_i)	2,20	0,04	1,88	0,13	0,13	0,02	0,06	0,68	0,16
DP($g_i - g_{ij}$)	3,37	0,06	2,87	0,21	0,23	0,03	0,09	1,03	0,24

NF: número de frutos por planta; MF: massa média do fruto, em g; PR: produtividade, em t ha⁻¹; DL: diâmetro longitudinal, em cm; DT: diâmetro transversal, em cm; IF: índice de formato; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: teor de sólidos solúveis, em %;

As estimativas da CEC estão apresentadas na Tabela 20. Serão comentadas apenas aquelas características nas quais houve significância na análise de variância do dialelo para essa fonte de variação (Tabela 18).

Com relação a NF, constatou-se que o efeito da CEC de um genitor quando cruzado com ele mesmo ($i = j$) foi positivo apenas para as linhagens LOF-02 e LOF-07.

Tabela 20. Estimativas da capacidade específica de combinação de nove características avaliadas em sete linhagens de melão Honey Dew e seus cruzamentos. Mossoró-RN, UFERSA, 2005.

Linhagem/ Híbrido	\hat{s}_{ij}								
	NF	MF	PR	DT	DL	IF	EP	FP	SS
1. LOF-01	-20.74	0.13	-13.23	-0.32	0.26	-0.06	0.15	-3.93	0.20
2. LOF-02	17.70	-0.18	-5.37	-0.98	-0.10	-0.09	-0.22	1.34	1.17
3. LOF-05	-8.00	-0.06	-13.60	-0.82	-0.08	-0.07	-0.04	1.69	0.11
4. LOF-06	-7.85	0.03	-4.90	-1.14	-0.27	-0.09	-0.09	-0.44	0.11
5. LOF-07	0.63	0.02	-3.23	-1.16	-0.54	-0.06	0.13	-3.18	0.39
6. LOF-12	-7.41	-0.07	-4.90	-1.24	-0.09	-0.11	-0.14	-0.56	1.32
7. LOF-13	-20.00	-0.14	-14.47	-0.68	-0.91	0.03	-0.45	-2.87	-0.62
1 x 2	-19.85	0.14	-8.57	0.23	-0.17	0.04	0.13	-0.89	-0.36
1 x 3	-3.37	-0.07	-1.28	0.19	0.02	0.02	-0.03	-0.48	0.02
1 x 4	9.03	-0.05	5.15	0.37	-0.50	0.10	-0.12	-2.12	-0.26
1 x 5	10.45	-0.11	6.75	0.04	0.28	-0.02	-0.21	3.39	0.32
1 x 6	14.60	0.09	12.53	0.50	0.18	0.02	-0.12	2.41	-0.36
1 x 7	30.63	-0.26	11.89	-0.69	-0.34	-0.04	0.05	5.54	0.24
2 x 3	-3.15	0.23	12.62	0.78	0.06	0.07	0.08	-3.85	-0.56
2 x 4	7.93	0.04	10.56	0.58	0.07	0.04	0.18	0.66	-0.17
2 x 5	-15.00	0.00	-5.88	0.49	0.05	0.05	-0.17	3.91	-0.84
2 x 6	-12.52	-0.05	-7.62	-0.15	-0.24	0.01	0.02	0.11	-1.23
2 x 7	7.19	0.00	9.63	0.04	0.43	-0.04	0.22	-2.61	0.83
3 x 4	3.08	-0.03	1.67	0.38	0.23	0.01	0.11	1.65	0.99
3 x 5	10.81	-0.05	8.01	-0.04	-0.39	0.03	-0.10	2.39	-0.48
3 x 6	1.63	0.00	0.18	0.55	-0.25	0.08	0.00	-0.93	-0.38
3 x 7	7.00	0.04	5.99	-0.23	0.49	-0.07	0.01	-2.15	0.18
4 x 5	-11.45	-0.08	-9.23	0.36	0.35	0.00	-0.11	-4.81	0.66
4 x 6	11.70	-0.10	3.77	-0.11	-0.44	0.03	-0.01	0.78	-0.93
4 x 7	-4.59	0.16	-2.11	0.70	0.82	-0.01	0.12	4.73	-0.51
5 x 6	1.78	0.04	2.11	0.83	0.64	0.01	0.10	0.01	-0.34
5 x 7	2.15	0.16	4.71	0.65	0.14	0.04	0.23	1.48	-0.10
6 x 7	-2.37	0.17	-1.18	0.87	0.28	0.06	0.29	-1.24	0.61
DP (s_{ii})	5.46	0.09	4.65	0.34	0.33	0.04	0.14	1.68	0.40
DP(s_{ij})	6.42	0.11	5.47	0.40	0.39	0.05	0.16	1.97	0.47
DP($s_{ii} - s_{jj}$)	7.54	0.13	6.42	0.47	0.46	0.06	0.19	2.31	0.55
DP($s_{ij} - s_{ik}$)	9.53	0.16	8.12	0.59	0.58	0.07	0.24	2.93	0.69
DP($s_{ij} - s_{kl}$)	8.92	0.15	7.60	0.55	0.54	0.07	0.23	2.74	0.65

NF: número de frutos por planta; MF: massa média do fruto, em g; PR: produtividade, em t ha⁻¹; DL: diâmetro longitudinal, em cm; DT: diâmetro transversal, em cm; IF: índice de formato; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: teor de sólidos solúveis, em %;

Todas as linhagens apresentaram valores negativos da CEC para as características PR e DT. Por outro lado, para SS, todas as estimativas foram positivas.

Verificou-se valores de CEC positivos e negativos das linhagens para a FP. As linhagens LOF-02 e LOF05 apresentaram valores positivos, enquanto que as demais, negativos.

Considerando a CEC das quinze combinações híbridas ($i \neq j$), verificou-se, para NF, que doze cruzamentos apresentaram valores positivos para CEC. Destacou-se o cruzamento LOF-01 e LOF-13.

Para PR, apenas sete cruzamentos (33,33%) apresentaram valores negativos da CEC. Entre os cinco cruzamentos com maiores estimativas da CEC, a linhagem LOF-02, estava presente em três, com destaque para o cruzamento LOF-02 e LOF-05.

Para DT, as maiores CEC foram constatadas nos cruzamentos LOF-07 x LOF-02 e LOF-12 x LOF-13.

Os cruzamentos LOF-01 x LOF-13 e LOF-06 x LOF-13 destacaram-se com as maiores estimativas de CEC para FP.

As maiores estimativas de CEC para SS foram verificadas nos cruzamentos LOF-05 e LOF-06 e LOF-02 e LOF-13.

3.3 HETEROSE

Na Tabela 21 estão apresentadas as estimativas da heterose média dos genitores de todas as combinações híbridas.

A maioria das estimativas de heterose foram positivas para as características NF, PR, DT e FP. A exceção foi constatada para SS, com treze estimativas negativas. As maiores estimativas para heterose foram observadas para NF e PR, enquanto que os menores valores foram observados para o teor de sólidos solúveis.

Para NF, as três maiores estimativas de heterose foram observadas nos cruzamentos LOF-01 x LOF-06, LOF-01 x LOF-12 e LOF-01 x LOF-13. A linhagem LOF-01 esteve entre as cinco maiores estimativas de heterose, enquanto que a linhagem LOF-02 esteve entre as cinco menores.

As maiores estimativas de heterose para PF foram observadas nos cruzamentos envolvendo a linhagem LOF-07, embora o cruzamento LOF-02 e LOF-05 tenha sido o mais heterótico.

Os cruzamentos mais heteróticos para PR foram LOF-05 x LOF-13, LOF-02 x LOF-05, LOF-02 x LOF-13 e LOF-01 x LOF-12.

Para DT, os cruzamentos com maior heterose foram LOF-07 x LOF-12 e LOF-12 x LOF-13, enquanto que o cruzamento LOF-07 x LOF-12 foi o mais heterótico para o diâmetro longitudinal.

Os cruzamentos LOF-05 x LOF-12 e LOF-01 x LOF-06 foram os mais heteróticos para IF.

Os cruzamentos envolvendo a linhagem LOF-13 estão envolvida nas quatro maiores estimativas de heterose para EP, com destaque para o cruzamento LOF-13 x LOF-12 e LOF-13 x LOF-02.

O cruzamento mais heterótico observado para FP foi LOF-01 x LOF-13, enquanto que para SS, destacou-se o cruzamento LOF-05 x LOF-06.

Tabela 21. Estimativas da heterose em relação à média dos pais de nove características avaliadas em sete linhagens de melão Honey Dew e seus cruzamentos. Mossoró-RN, UFRSA, 2005.

Híbrido	Heterose (%)								
	NF	MF	PR	DT	DL	IF	EP	FP	SS
1 x 2	-48.24	10.56	4.37	8.13	-2.29	11.33	5.02	1.61	-10.12
1 x 3	35.48	-6.41	66.00	7.04	-0.65	8.37	-2.55	2.59	-1.30
1 x 4	116.65	-7.94	83.06	10.58	-4.67	18.56	-4.53	0.30	-4.02
1 x 5	78.37	-11.97	89.01	7.56	3.91	4.08	-10.57	28.56	0.28
1 x 6	141.02	3.82	117.01	12.37	0.88	11.34	-3.79	17.49	-9.85
1 x 7	246.82	-18.28	171.51	-1.73	-0.14	-2.42	6.78	40.43	4.51
2 x 3	-16.44	24.14	122.30	15.77	1.49	14.71	6.60	-19.94	-11.15
2 x 4	7.96	7.85	93.34	16.15	2.45	13.85	10.62	0.81	-7.53
2 x 5	-55.13	5.92	-9.53	15.34	3.58	12.69	-3.96	18.36	-14.78
2 x 6	-46.50	5.48	-13.72	9.44	-1.44	11.79	6.37	-1.00	-21.05
2 x 7	21.74	12.84	133.00	8.29	9.28	-0.96	19.86	-7.67	5.36
3 x 4	35.87	-1.06	59.06	13.43	3.85	9.74	5.46	4.11	8.05
3 x 5	39.35	-2.53	90.22	9.36	-0.82	9.64	-4.52	12.02	-6.70
3 x 6	30.10	4.96	47.55	15.57	-1.58	17.95	2.82	-5.26	-9.28
3 x 7	67.00	11.74	122.29	4.96	9.74	-4.81	8.96	-6.52	4.18
4 x 5	-30.33	-7.86	-30.48	15.64	7.32	8.51	-4.09	-12.34	3.71
4 x 6	96.65	-5.26	46.69	11.20	-2.54	13.98	3.32	4.80	-13.82
4 x 7	45.91	17.60	50.12	16.13	13.99	1.51	13.83	28.85	-2.48
5 x 6	19.74	4.66	33.77	20.99	9.18	10.64	3.32	6.77	-9.94
5 x 7	44.64	18.03	91.44	15.70	8.67	5.47	13.83	19.36	0.19
6 x 7	54.85	22.09	51.69	18.30	7.68	9.55	20.86	1.86	2.28

NF: número de frutos por planta; MF: massa média do fruto, em g; PR: produtividade, em t ha⁻¹; DL: diâmetro longitudinal, em cm; DT: diâmetro transversal, em cm; IF: índice de formato; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: teor de sólidos solúveis, em %;

3.4 CORRELAÇÕES

Os coeficientes de correlação entre a heterose e a capacidade específica de combinação foram elevados e positivos para todas as características (Tabela 22).

As correlações entre a heterose e a média dos híbridos foram significativas para NF, DL, IF, EP, FP e SS. A associação entre a capacidade específica de combinação e a média dos híbridos foi significativa para essas mesmas características.

A distância de Mahalanobis não se correlacionou com nenhum dos parâmetros considerados em nenhuma das características.

Tabela 22. Coeficientes de correlação de Spearman entre as estimativas da distância de Mahalanobis com a capacidade específica de combinação, a heterose e a média dos híbridos, e entre a capacidade específica de combinação e heterose de nove características avaliadas em linhagens de melão Honey Dew e seus híbridos. Mossoró-RN, UFERSA, 2004.

Híbrido	Heterose (%)								
	NF	MF	PR	DT	DL	IF	EP	FP	SS
\hat{s}_{ij} e \hat{h}_{ij}	0,89**	-	0,92**	0,92**	-	-	-	0,93**	0,92**
$\hat{\mu}_{ij}$ e \hat{h}_{ij}	0,78**	-0,11 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	0,27 ^{ns}	0,88**	0,71**	0,48*	0,79**	0,71**
$\hat{\mu}_{ij}$ e \hat{s}_{ij}	0,90**	-0,10 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,37 ^{ns}	0,95**	0,63**	0,62**	0,82**	0,77**
D_{ij} e \hat{s}_{ij}	0,11 ^{ns}	-	-0,06 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	-	-	-	0,24 ^{ns}	-0,01 ^{ns}
D_{ij} e \hat{h}_{ij}	0,34 ^{ns}	0,13 ^{ns}	0,10 ^{ns}	-0,18 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,20 ^{ns}	0,32 ^{ns}	0,33 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
D_{ij} e $\hat{\mu}_{ij}$	0,08 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,02 ^{ns}	-0,11 ^{ns}	0,01 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,32 ^{ns}	0,02 ^{ns}

** : Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t; ns: Não significativo a 5% de probabilidade pelo teste t. D_{ij} : distância de Mahalanobis; \hat{s}_{ij} : capacidade específica de combinação; \hat{h}_{ij} : heterose; $\hat{\mu}_{ij}$: média. NF: número de frutos por planta; MF: massa média do fruto, em g; PR: produtividade, em t ha⁻¹; DL: diâmetro longitudinal, em cm; DT: diâmetro transversal, em cm; IF: índice de formato; EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: teor de sólidos solúveis, em %.

4 DISCUSSÃO

As linhagens têm massa e formato de fruto compatíveis com o tipo Honey Dew comercializado nos portos de Natal e Fortaleza (Tabela 16). Além disso, possuem teor de sólidos solúveis dentro do limite aceitável para comercialização. A maioria dos países utiliza os valores do teor de sólidos solúveis como o principal guia de mercado para a aceitação do produto. O valor mínimo recomendado para o melão Honey Dew, segundo Filgueiras (2002), é de 10%. Todas as linhagens apresentaram estimativas maiores ou próximas do valor mínimo aceitável. Frutos com valores abaixo de 10% têm sido comercializados no porto de Natal (SALES JÚNIOR *et al.*, 2004; SALES JÚNIOR *et al.*, 2006).

Com relação à FP, a maior parte das linhagens apresentou valores acima do nível estabelecido para melão Honey Dew, com exceção da linhagem LOF-13 (Tabela 16). Em estudos realizados com vários tipos de melão no agropólo Mossoró-Assu, Filgueiras (2002) observou o valor mínimo de 22 N para firmeza da polpa.

Por outro lado, com relação à produtividade, as médias observadas são inferiores às aquelas observadas em experimentos com a cultura do meloeiro. Um aspecto importante a ser ressaltado é que como se trata de linhagens, as médias são inferiores às aquelas observadas nos híbridos avaliados em estudos anteriores no agropólo Mossoró-Assu (GURGEL *et al.*, 2000; NUNES *et al.*, 2004; NUNES *et al.*, 2005; NUNES *et al.*, 2006). Em melão, a produtividade precisa ser de pelo menos 25 t ha⁻¹ para que o produtor tenha lucro (PAIVA *et al.*, 2002). Assim sendo, nenhuma das linhagens estaria próxima desse nível mínimo.

Uma possível explicação pode ser a depressão por endogamia para essa característica, embora no meloeiro, assim como na maioria das cucurbitáceas, a depressão endogâmica seja reduzida (CARDOSO, 2001). Existem resultados contraditórios na literatura sobre a depressão por endogamia em cucurbitáceas

(JOHANSSON *et al.*, 1998; STEPHENSON *et al.*, 2001; CARDOSO, 2004). No caso do meloeiro, Calvet *et al.* (2005) observaram, após quatro gerações de autofecundação do híbrido Hy-Mark, que as características produtividade, formato do fruto e espessura da polpa não apresentaram mudanças com a endogamia, mas a maturidade, massa média do fruto e teor de sólidos solúveis foram prejudicados. Ressalta-se que a depressão por endogamia depende do material genético utilizado, sendo, por isso, observados resultados diferentes nos artigos publicados (MALUF, 2001; CARDOSO, 2004).

Quanto à variabilidade entre as linhagens, a partir das análises univariadas das características utilizadas, verificou-se variabilidade entre as mesmas tanto para características de produção, como para qualidade dos frutos (Tabela 16). A análise de variância multivariada confirmou a variação global entre as linhagens. A variabilidade entre as linhagens pode ser explicada, em parte, pelas suas diferentes contribuições genéticas.

Não obstante, a formação dos grupos pelo critério hierárquico não esteve completamente relacionada com a origem das linhagens (Figura 3). Assim sendo, as linhagens LOF-01, LOF-02 e LOF-05, provenientes de autofecundações sucessivas do híbrido H.D.R.F. não estavam no mesmo grupo. A linhagem LOF-05, por sinal, esteve mais próxima das linhagens LOF-06 e LOF-07, ambas originadas do híbrido 'Saturno'. As linhagens do LOF-12 e LOF-13, oriundas da variedade Orange Flesh, foram mais distantes das demais linhagens, formando grupos isolados. Garcia *et al.* (1998) avaliando o relacionamento genético entre linhagens de melão dos tipos Gália e Pele de Sapo, constataram que linhagens obtidas por autofecundação de um mesmo genitor não foram agrupadas no mesmo grupo, mas em grupos que continham linhagens originadas de outros genitores. Rizzo e Braz (2002) conseguiram separar linhagens de melão rendilhado de mesma origem em grupos diferentes. Esses resultados evidenciam o fato de que ao se autofecundar híbridos ou variedades, ocorre aumento da variação entre os

descendentes, com a tendência de formação de grupos diferentes (FALCONER e MAKAY, 1996; LYNCH e WALSH, 1998).

O conhecimento da dissimilaridade genética possibilita a racionalização dos cruzamentos. As hibridações devem ser realizadas entre indivíduos de grupos diferentes com a intenção de aproveitar a heterose. Dentro do grupo com mais de uma linhagem, é preciso identificar aquelas mais promissoras para o cruzamento. No caso do grupo formado pelas linhagens LOF-05, LOF-06 e LOF-07, a diferença marcante é quanto ao número de frutos por hectare, com destaque para a linhagem LOF-05, a mais prolífica do grupo (Tabela 16).

Quando são consideradas muitas características, é importante saber qual delas mais contribuiu para distinção dos materiais. No presente estudo, a firmeza da polpa e o teor de sólidos solúveis foram aquelas de maior destaque na divergência (Tabela 17). A firmeza da polpa é um atributo de qualidade importante, em razão dos frutos com maior firmeza serem mais resistentes às injúrias mecânicas durante o transporte e a comercialização. Frutos colhidos com maior firmeza da polpa têm, geralmente, maior conservação e vida útil pós-colheita. O teor de sólidos solúveis (SS), definido como a porcentagem de sólidos solúveis no suco extraído da polpa, é um fator tradicionalmente usado para definir a qualidade do melão, embora em alguns casos essa característica seja considerada como um indicador de qualidade falho (ARTES et al., 1993). Estudando a divergência entre as linhagens e a heterose de seus híbridos, Paiva (2002) verificou que o teor de sólidos solúveis foi a característica que mais contribuiu para a divergência com mais de 38%, seguida do formato do fruto. Rizzo e Braz (2002) constataram que o teor de sólidos solúveis foi uma das características de maior contribuição para a divergência genética entre linhagens de melão rendilhado, com 11,60%.

No estudo do dialelo, a significância das capacidades geral (CGC) e específica de combinação (CEC) indica efeitos aditivos e não aditivos (dominância e epistasia)

envolvidos no controle genético da característica. Esse fato foi constatado nas características NF, FP e SS (Tabela 18). Nessas características, houve predominância dos efeitos quadráticos da CEC na composição dos efeitos genéticos quadráticos, uma vez que a relação ($\Phi_{CGC} / \Phi_{CGC} + \Phi_{CEC}$) foi inferior a 0,5, conforme interpretação de Maris (1989). Esse resultado sugere prevalência de efeitos não-aditivos. Com efeito, é viável, para tais características, a exploração da heterose em programas de melhoramento visando à produção de sementes híbridas.

Com relação a NF, Barros (2005) observou significância para CEC e CGC quando cruzou híbridos simples de melão. Contudo, os trabalhos realizados Singh e Randhawa (1990) e Kitroongruang et al. (1992) verificaram que apenas efeitos aditivos estavam presentes, divergindo, portanto, dos resultados do presente trabalho.

Para o teor de sólidos solúveis, existem controvérsias em relação ao controle genético. Enquanto Cuarteiro et al. (1985), Kalb e Davis (1984a), Singh e Randhawa (1990), Melo (1991) e Barros (2005) constataram predominância de efeitos não-aditivos, Lippert e Legg (1972), Kalb e Davis (1984a) e Rizzo (1999) não detectaram efeito significativo da capacidade específica de combinação.

Apenas efeitos não-aditivos significativos foram detectados para PR e DT. Rizzo (1999), trabalhando com linhagens de melão rendilhado, observou que a produção total é controlada por efeitos aditivos e não-aditivos, com predominância do componente quadrático da capacidade específica de combinação. Esse fato também foi observado por Lippert e Legg (1972), Kalb e Davis (1984b), Abadia *et al.* (1985) e Melo (1991). Por outro lado, Rizzo (1999) não constatou efeito significativo da capacidade geral de combinação para o diâmetro transversal médio.

Para MF, apenas efeitos aditivos estavam envolvidos no controle genético (Tabela 18). Nesse caso, métodos de melhoramento intra-populacionais podem ser utilizados para incremento das frequências dos alelos favoráveis relacionados a essa característica. Contrastando com os resultados do presente trabalho, Lippert e Legg

(1972), Kalb e Davis (1984a), Singh e Randhawa (1990), Melo (1991) e Abdala e Aboul-nars (2002) verificaram efeitos aditivos e não-aditivos para a massa média dos frutos.

Considerando que as estimativas da CGC e da CEC dependem da frequência alélica e do nível de dominância, ressalta-se, portanto, que os resultados diferentes entre trabalhos são resultante, principalmente, do grupo de genitores utilizado nos experimentos. Em adição, o efeito do ambiente e o método de análise também influenciam as estimativas obtidas.

Na análise dialélica, são estimadas as capacidades geral e específica de combinação dos genitores e/ou cruzamentos. Essas estimativas fornecem informações importantes para os melhoristas sobre o potencial de genitores para o melhoramento intra-populacional e sua utilidade para programas inter-populacionais, bem como extração de linhagens para produção de híbridos (VIANNA, 2000).

A capacidade geral de combinação pode informar dois aspectos de um genitor que compõe o dialelo. O primeiro está relacionado à frequência de alelos que aumentam a expressão do caráter. Nesse sentido, genitores com maior ou menor CGC contribuem para obtenção de populações segregantes com maior média de linhagens derivadas (OLIVEIRA *et al.*, 1996; FERREIRA *et al.*, 2004). Ressalta-se que um genitor com elevada CGC não pode garantir a obtenção da melhor linhagem (OLIVEIRA *et al.*, 1996), o que seria o ideal do ponto de vista do melhoramento.

Dentro desse primeiro aspecto, os genitores com maiores ou menores estimativas da CGC possuem mais alelos favoráveis para determinada característica (VIANNA, 2000). Com efeito, quando o interessante for a maior média para o caráter, então valores elevados e positivos de CGC indicam maior frequência de alelos favoráveis. Por outro lado, quando a menor média da característica for benéfica para o genótipo, valores elevados e negativos também indicam a maior frequência de alelos favoráveis.

Assim sendo, as linhagens LOF-05, LOF-02 e LOF-13, com as maiores CGC, contribuíram para aumentar NF. As LOF-06, LOF-07 e LOF-12 contribuíram para redução da característica (Tabela 19).

Com relação à MF, verificou-se que a linhagem LOF-01 foi aquela que mais contribuiu para o aumento do tamanho do fruto, enquanto que LOF-13, atuou no sentido de reduzir o valor médio da característica.

As linhagens LOF-12 e LOF-07 foram as que mais contribuíram para o aumento da FP, enquanto que LOF-06 reduziu o seu valor.

A linhagem LOF-12 contribuiu para aumentar SS e as linhagens LOF-01 e LOF-02 para reduzi-lo.

A pressuposição de que elevada ou baixa capacidade geral de combinação, dependendo da característica, está relacionada a um maior número de alelos favoráveis é corroborada pelas estimativas das médias dos genitores (Tabela 16). Todavia, convém ressaltar que não é totalmente seguro, apenas por meio da média, inferir sobre o potencial de um genitor em cruzamento, pois essa correlação nem sempre é elevada (FUZATTO *et al.*, 2002).

O segundo aspecto da capacidade geral de combinação está relacionado à frequência alélica do genitor em relação à frequência alélica média dos genitores do dialelo (FERREIRA *et al.*, 2004). Esse comentário é perfeitamente observado na expressão modificada, descrita por Vencovsky (1987): $g_i = (p_i - \bar{p})[a + (1 - \bar{p})d]$, em que p_i é a frequência do alelo favorável no genitor i , \bar{p} é a frequência média do alelo favorável entre os genitores, a é o desvio dos homozigotos em relação à média (efeito aditivo) e d é o desvio dos heterozigotos em relação à média (efeito de dominância).

No contexto, a capacidade geral de combinação relaciona-se diretamente com a divergência genética do genitor em relação aos demais envolvidos na análise do dialelo (VIANNA, 2000). Além disso, conforme evidenciam FERREIRA *et al.* (2004) por

meio de simulações, a capacidade geral de combinação está estritamente correlacionada com a capacidade específica de combinação do genitor com ele mesmo (s_{ii}). Essa relação é notória ao se observar o conteúdo genético de s_{ii} , pela expressão $s_{ii} = 2[(\bar{p} - p_i)(p_i - \bar{p})]d$.

Conforme afirmam Cruz e Vencovsky (1989), a capacidade específica de combinação de um genitor com ele mesmo tem importante significado genético, tanto em seu sinal como em sua magnitude. No modelo aditivo-dominante, o estimador \hat{s}_{ii} é uma medida de divergência do genitor i , com relação à média dos outros genitores do dialelo. Quanto maior o valor absoluto de \hat{s}_{ii} maior será a divergência genética do genitor i em relação aos demais, ou seja, mais distante estará a frequência alélica do genitor i em relação à frequência média dos outros genitores.

Assim sendo, para NF, as linhagens mais divergentes seriam LOF-01, LOF-02 e LOF-13 (Tabela 20). As linhagens LOF-13, LOF-01 e LOF-05 foram as mais divergentes para PR. Para DT, as linhagens LOF-06, LOF-07 e LOF-12 foram as mais divergentes, enquanto as linhagens LOF-01, LOF-07 e LOF-13 foram as mais divergentes para FP. Para SS, destacaram-se como mais divergentes as linhagens LOF-12 e LOF-02.

Existe uma estreita relação positiva e elevada entre g_i e s_{ii} , conforme mostra o trabalho de simulação realizado por Ferreira et al. (2004). Segundo esses autores, as estimativas desses dois parâmetros são complementares, pois informam a frequência de alelos favoráveis e o nível de heterozigose nos locos do genitor. Todavia, não se verificou essa tendência no presente trabalho. Uma possível explicação para esse fato é o pequeno número de genitores utilizados no dialelo, uma vez que a estimativa do coeficiente de correlação é afetada pelo número de dados (RAMALHO *et al.*, 2000).

No presente trabalho, estimativas positivas e significativas foram observadas para CEC entre dois genitores distintos. Para NF, PR, DT, FP e SS, destacaram-se,

respectivamente, os cruzamentos LOF-01 x LOF-13, LOF-02 x LOF-05, LOF-12 x LOF-13, LOF-01 x LOF-13 e LOF-05 x LOF-06 (Tabela 20). A magnitude da capacidade específica de combinação (CEC) indica o grau de complementação dos genitores de um cruzamento. Magnitudes elevadas e significativas evidenciam desempenho heterogêneo entre os genitores, não sendo possível, portanto, prever o seu comportamento com base apenas na CGC, pois ocorrem interações entre os genitores em função da divergência nos locos com dominância (MELO, 1996). As estimativas elevadas de CEC indicam complementação alélica entre os genitores envolvidos. Além disso, segundo Oliveira (1995), a CEC não depende somente da complementação entre os genitores, mas também da proporção de locos fixados com alelos favoráveis e locos fixados com alelos desfavoráveis. A CEC, assim como a heterose, depende da divergência genética entre os genitores, bem como dos efeitos não-aditivos, como dominância e epistasia (NUNES, 2006).

Com relação à heterose, as estimativas, foram na sua maioria, positivas para todas as características, com exceção do teor de sólidos solúveis (Tabela 21). Melo (1991) e Paiva (2002) observaram que a maioria das estimativas de heterose para o teor de sólidos solúveis foram positivas. Todavia, Barros (2005) verificou resultado oposto ao presente trabalho, ou seja, a maioria das estimativas de heterose foi positiva para o teor de sólidos solúveis, enquanto que para as demais características foram negativas. Com relação à produtividade, Rizzo (1999) observou que 50% dos valores de heterose foram positivos. Paiva (2002) observou em 40% das estimativas, valores positivos de heterose, enquanto Melo (1991) constatou que 80% das heteroses foram positivas. Segundo Monforte *et al.* (2005), a manifestação da heterose depende dos genitores envolvidos no cruzamento. Esses mesmos autores, cruzando uma linhagem do tipo Pele de Sapo com treze acessos de vários grupos botânicos, constataram heteroses positivas e negativas para as características formato do ovário, massa média do fruto,

comprimento do fruto, diâmetro do fruto, formato do fruto e teor de sólidos solúveis, em função dos cruzamentos avaliados.

Outros autores observaram heterose em meloeiro tanto para características de produção (ABDALLA e ABOUL-NASR, 2002; PAIVA, 2002), como para qualidade dos frutos (ABADIA *et al.*, 1985; RIZZO, 1999; PÉRIN *et al.*, 2002). Considerando as magnitudes das heteroses, Paiva (2002) observou, em média, valores próximos àqueles observados no presente trabalho para o número de frutos por planta, massa média do fruto, formato do fruto e teor de sólidos solúveis. Monforte *et al.* (2005) também obtiveram estimativas semelhantes para massa média do fruto, diâmetros transversal e longitudinal, formato do fruto e teor de sólidos solúveis. Por outro lado, os valores observados por Barros (2005) foram inferiores àquelas desse estudo.

Heterose positiva indica superioridade da combinação híbrida em relação à média dos genitores. A presença de heterose depende da dominância e da divergência genética (FALCONER e MAKAY, 1996). Considerando que a dominância e a divergência são dependentes da frequência alélica dos genitores, é razoável entender que as magnitudes e sinais da heterose variam em função dos genitores envolvidos. Fato, aliás, comum em estudo sobre herança ou controle genético das características.

O sinal da estimativa de \hat{s}_{ii} é fundamental para indicar a direção dos desvios de dominância. Quando o sinal é negativo, indica desvios de dominância positivos, quando é positivo, indica desvios de dominância negativos (CRUZ e VENCOSKY, 1989). Assim sendo, quando os genitores do dialelo diferem quanto ao sinal, indicam que a heterose em relação à média dos genitores em alguns casos é positiva e em outros negativa. Os genitores com sinais positivos contribuem para heteroses negativas em relação aos pais, enquanto que genitores com sinais negativos indicam predominância de heterose positiva em relação aos pais nos cruzamentos em que participam. Essa tendência foi observada para o número total de frutos, produtividade e

firmeza da polpa (Tabelas 20 e 21), confirmando o comentário de Cruz e Vencovsky (1989).

Observou-se alta correlação entre a heterose e a capacidade específica de combinação para todas as características com presença de CEC significativa (Tabela 22). A heterose clássica, definida por Falconer (1981), depende da divergência na frequência alélica e da dominância. A capacidade específica de combinação também depende desses dois fatores. Assim sendo, era de se esperar uma forte e positiva associação entre esses parâmetros genéticos, fato confirmado neste trabalho (Tabela 22). Barros (2005) observou essa associação no meloeiro e Nunes (2006), por meio de simulação, observou alta correlação em várias situações de herdabilidade, relação alélica e presença e ausência de epistasia.

A heterose e a capacidade específica de combinação apresentaram associação positiva com a média dos cruzamentos para as características NF, DL, IF, EP, FP e SS (Tabela 22). Cruz *et al.* (1994) comentam que a média dos híbridos está relacionada com as estimativas de heterose.

Não se observou coeficiente de correlação significativo entre a distância de Mahalanobis e os demais parâmetros estimados (Tabela 22). Como a distância de Mahalanobis mede a divergência entre os genitores, pode-se constatar, no presente estudo, que a divergência não tem associação com a heterose no meloeiro, fato também observado por Rizzo (1999) e Barros (2005). Paiva (2002), avaliando a relação da divergência genética entre linhagens de melão e a heterose de seus híbridos, verificou correlações significativas entre a distância de Mahalanobis e a heterose para produção por planta e diâmetro da cavidade interna. Contudo, segundo a autora, a heterose favorável nos híbridos nem sempre ocorreu quando se utilizaram linhagens divergentes, enquanto que cruzamentos entre linhagens com pequenas distâncias de Mahalanobis manifestaram essa característica. Todavia, Garcia *et al.* (1998)

recomendam a utilização das distâncias genéticas, principalmente com base em marcadores RAPD, para orientar cruzamentos em meloeiro.

A divergência genética, com base em caracteres morfo-agronômicos, tem sido muito utilizada, com sucesso, pelos pesquisadores, para identificar cruzamentos com potencial de se obter populações segregantes com alta variabilidade e assim ser possível explorar a heterose em híbridos. A associação entre divergência e heterose foi observada em várias culturas (MALUF *et al.*, 1983; MIRANDA *et al.*, 1988; FERREIRA *et al.*, 1994; MACHADO *et al.* 2000; FUZATTO *et al.*, 2002). Todavia, o uso da divergência genética evitaria a realização de muitos cruzamentos, tendo por consequência redução no trabalho e custos.

Para objetivos práticos, como a utilização comercial de híbridos, o parâmetro de maior interesse é o desempenho médio e não a heterose ou a capacidade específica neles manifestadas, uma vez que esses parâmetros são apenas medidas relativas a seus progenitores. Contudo, a divergência também não se correlacionou com o mesmo (Tabela 22).

Por fim, ressalta-se que os fatores genéticos que determinam a superioridade de um cruzamento em relação a outros possíveis entre os genitores disponíveis são abrangentes, pois envolvem, além de efeitos não-aditivos (dominância e epistasia) e das diferenças entre frequências alélicas, efeitos de natureza aditiva e as interações (CRUZ *et al.*, 1994). Por isso esses autores recomendam selecionar cruzamentos com CEC elevada e que pelo menos um dos progenitores possua alta CGC.

5 CONCLUSÕES

- A divergência genética não se correlacionou com nenhum parâmetro avaliado para todas as características avaliadas;

- A heterose se correlacionou com a capacidade específica de combinação e com a média dos híbridos.

6 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.

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

CARDOSO, A. I. I. Depression by inbreeding after four successive self-pollination squash generations. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 61, n. 2, p. 224-227, mar-apr., 2004.

CARMO FILHO, F.; OLIVEIRA, O.F. **Mossoró: um município do semi-árido nordestino – características e aspectos florísticos**. Mossoró: GFD, 1989. (Coleção Mossoroense, Série B, n. 672)

CALVET, A. S. F.; SILVA, F. P.; PAIVA, W. O.; LIMA, R. N.; PITOMBEIRA, J. B.; MELO, F. I. O. Avaliação de características do melão Cantaloupe em gerações segregantes. **Revista Ciência Agronômica**, v. 36, n. 3, p. 306-309, 2005.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Aplicativo computacional em Genética e Estatística**. Viçosa: UFV, 2001. 442p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV. Imprensa Universitária, 1994. 390p.

CRUZ, C.D.; VENCOSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, v. 12, n. 2, p. 425-438, 1989.

CRUZ, C.D.; CARVALHO, S.P. de.; VENCOSKY, R. Estudos sobre divergência genética II. Eficiência de perda do comportamento de híbridos com base na divergência de progenitores. **Revista Ceres**, Viçosa, v.41, n.234, p.183-190, 1994.

CUARTEIRO, M.L.G.J. et al. Herencia de caracteres cualitativos em melon. **INIA Ser. Agriculture**, v. 28, n.2, p.72-82, 1985.

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

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.nd. Longman Edit. Malasya, 1996. 464p.

FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C.; SANTOS, M. X.; RAMALHO, M. A. P. Métodos de avaliação da divergência genética em milho e suas relações com os cruzamentos dialélicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 9, p. 1189-1194, set., 1994.

FERREIRA, F. M.; RIBEIRO JÚNIOR, J. I.; PACHECO, C.A P.; SILVA, C.H.O; MATINS FILHO, S. Genetic components of combining ability in a complete diallel. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, n.3, p.338-343, 2004.

FILGUEIRAS, H.A.C. **Colheita e manuseio pós-colheita**. In: FILGUEIRAS, H.A.C., MENEZES J.B., ALVES, R.E. Melão pós-colheita: Brasília: EMBRAPA-SPI/FRUTAS DO BRASIL, p.23-41. (Frutas do Brasil, 10). 2002.

FUZATTO, S.R.; FERREIRA, D.F.; RAMALHO, M.A.P.; RIBEIRO, P.H.E. Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho. **Ciência E Agrotecnologia**, v. 26, n. 1, p. 22-32, 2002.

GARCIA, E.; JAMILENA, 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.

GRIFFING, B. A concept of general and specif combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal Biology Science**, East Malbourne, v.9, p. 463-493, 1956a.

GRIFFING, B. A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. **Heredity**, Oxford, v. 10, n.1, p. 31-50, 1956b.

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. 411-4115, 19984a.

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, 19984b.

KITROONGRUANG, N. et al.. Evaluation of combining ability, heterosis and genetic variance for plant growth and fruit quality characteristics in Thain-melon (*Cucumis melo* L.). **Science Horticulture**, v. 50, p. 79-87, 1992.

NUNES, G.H.S. Correlação entre capacidade específica e variância genética avaliada via simulação. **Horticultura Brasileira** (prelo). 2006.

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.

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.

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

MACHADO, C.F.; NUNES, G.H.de.S.; FERREIRA, D.F.; SANTOS, J.B.dos. 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.dos.; NUNES, G.H. de S.; DUARTE, J.M. Efficiency of genetic distance based on RAPD markers for choosing parents of common bean. **Journal Genetics & Breeding**, Rome, v. 34, n.1, p.251-258, 2000b.

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

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

MALUF, W.R. **Melhoramento de hortaliças**. Lavras:UFLA, 1995. 152p.

MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E.; MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F₁ hybrids. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão preto, v.3, n.2, p. 453-460. 1983.

McCREIGHT, J.D. Melons *Cucumis melo* L. In: G. KALLOO; BERG, B.O. Ed. **Genetic Improvement of vegetable Crops**, 1993, 530p.

MELO, L.C. **Escolha de genitores visando a obtenção de cultivares de feijoeiro tolerantes à baixa temperatura na fase adulta**. 1997. 80f. Dissertação (Mestrado). UFLA, Lavras.

MIRANDA, J.E.C.; CRUZ, C.D.; COSTA, C.P. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annum* L.) pela divergência genética dos progenitores. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão preto, v.11, n.3, p. 929-937.

MONFORTE, A.J.; IBAN, E.; ABAD, S. PERE, A. Inheritance mode of fruit traits in melon: Heterosis for fruit shape and its correlation with genetic distance. **Euphytica**, v. 144, n. 1., 31-38, 2005.

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 agropolo Mossoró-Assu . **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.22, n.4, p.744-747, dez, 2004.

NUNES, G.H.de S.; SANTOS JÚNIOR, J.J.; ANDRADE, F.V.; BEZERRA NETO, F.; MENEZES, J.B.; PEREIRA, E.W.L. Desempenho de híbridos do grupo *inodorus* em Mossoró. **Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 1., p. 90-94, 2005.

NUNES, G.H.de S.; MADEIROS, A.E.S.; GRANGEIRO, L.C.; SANTOS, G.M.; SALES JUNIOR, R. Estabilidade fenotípica de híbridos de melão amarelo avaliados no Pólo Agroindustrial Mossoró-Assu. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 9, p. 57-67, 2006.

OLIVEIRA, L.B. **Alternativas na escolha dos parentais em um programa de melhoramento do feijoeiro**. 1995. 67f. Dissertação (Mestrado). UFLA, Lavras.

OLIVEIRA, L.B.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A. de 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. Divergência genética entre linhagens de melão e a heterose de seus híbridos. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.20, n.1, p. 34-37, 2002.

PAIVA, W.O.; FILGUEIRAS, H.A.C.; LIMA, J.A.A., BUSO, G.S.C.; QUEIROZ, M.A.; BUSO, J.A. **Melão Tupã: Origem e Melhoramento Genético**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2004. (Embrapa Agroindústria Tropical. Documentos, 55).

PÉRIN, C.L.S.; HAGEN, N.; GIOVANINAZZO, D.; BESOMES, DOGIMONT, D.; PITRAT, M. Genetic control of fruit shape acts prior to anthesis in (*Cucumis melo* L.). **Molecular Genetics Genomic**, v.266, p. 933-941, 2002.

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

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

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.

RIZZO, A.A.N; BRAZ, L.T. Divergência genética entre cinco genótipos de melão rendilhado. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.20, n.2, p. 171-173, 2002.

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

SALES JÚNIOR, R.; DANTAS, F.; SALVIANO, A.M.; NUNES, G.H.de S. Qualidade do melão exportado pelo porto de Natal-RN. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n.1, p.286-289, 2006.

SILVA, P. S. L.; MENEZES, J. B.; OLIVEIRA, O. F.; SILVA, P. I. B. Distribuição do teor de sólidos solúveis totais no melão. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 1, p. 31- 33, 2003.

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

SINGH, M.J.; RANDHAWA, K.S. Assentment of heterosis and ability for traits in muskmelon. **Indian Journal Horticulture**, v.47, n. 2, p. 228-232, 1990.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In : PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Eds.) **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1978. p. 277-340. 1978.

VIANNA, J.M.S. The parametric retrictions of the Griffing diallel analysis model: combining ability analysis. **Genetic and Molecular Biology**, v. 23, n. 2, p. 877-881, 2000.