

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

IGOR MATHEUS ALVES

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE MELOEIRO DO  
BANCO DE GERMOPLASMA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE  
UBERLÂNDIA

Monte Carmelo - MG  
2021

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

IGOR MATHEUS ALVES

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE MELOEIRO DO  
BANCO DE GERMOPLASMA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE  
UBERLÂNDIA

Trabalho de Conclusão apresentado ao curso de Agronomia da Universidade Federal de Uberlândia, Campus Monte Carmelo, como requisito necessário para a obtenção do grau de Engenheiro Agrônomo.

Orientador: Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel

Monte Carmelo-MG  
2021

IGOR MATHEUS ALVES

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE MELOEIRO DO  
BANCO DE GERMOPLASMA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE  
UBERLÂNDIA

Trabalho de Conclusão apresentado ao curso  
de Agronomia da Universidade Federal de  
Uberlândia, Campus Monte Carmelo, como  
requisito necessário para a obtenção do grau  
de Engenheiro Agrônomo.

Monte Carmelo, 07 de Junho de 2021

Banca Examinadora

---

Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel  
Orientador (a)

---

Prof. Dr. Douglas José Marques  
Membro da Banca

---

Ma. Camila Soares de Oliveira  
Membro da Banca

Monte Carmelo-MG  
2021

## **AGRADECIMENTOS**

Primeiramente, quero agradecer a Deus pela minha família e amigos, em especial meus pais, Gildo aparecido de Medeiros e Weine Alves Martins, assim como minha esposa Patrícia dos Santos Pires, pelo apoio dado a mim por todos esses anos durante minha graduação.

Também quero agradecer pela oportunidade de cursar Agronomia pela Universidade Federal de Uberlândia campus Monte Carmelo, onde tive o privilégio de conhecer excelentes profissionais, que me preparam com muito amor e carinho para o mercado de trabalho. Minha gratidão é dirigida aos meus colegas, amigos e professores da Universidade que contribuíram muito para aquisição do meu conhecimento, em especial meu orientador Professor Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel, por ter me concedido a oportunidade de aprendizagem na área de melhoramento genético de hortaliças, assim como o desenvolvimento e aprimoramento das minhas habilidades de trabalho em equipe.

Meu agradecimento, também, ao grupo de pesquisa GENHORT, da unidade campus Monte Carmelo, por ter me ensinado o valor do trabalho em equipe e a ter contribuído muito para o meu conhecimento. A vocês minha eterna gratidão e carinho.

## SUMÁRIO

|  |    |
|--|----|
| RESUMO .....   | 5  |
| 1-INTRODUÇÃO .....   | 6  |
| 2- OBJETIVO.....   | 6  |
| 3- REFERENCIAL TEÓRICO .....   | 7  |
| 3.1 Aspectos gerais da cultura .....   | 7  |
| 3.2 Importância socioeconômica do melão no Brasil.....                           | 8  |
| 3.3 Variedades de melão no mercado .....   | 8  |
| 3.4 Dissimilaridade genética e sua importância em programas de melhoramento..... | 9  |
| 4- MATERIAL E MÉTODOS .....  | 10 |
| 5- RESULTADOS E DISCUSSÃO .....  | 11 |
| 6- CONCLUSÃO .....   | 16 |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....   | 17 |

## RESUMO

O cultivo de melão no Brasil tem crescido significativamente nos últimos anos, especialmente na região do Semiárido nordestino. Tendo em vista do grande valor econômico que esta cultura proporciona para o país, o objetivo deste trabalho foi estimar a dissimilaridade genética em germoplasma de meloeiro do programa de melhoramento genético de meloeiro da Universidade Federal de Uberlândia. O germoplasma utilizado foi constituído 37 acessos de meloeiro. Foram avaliados o diâmetro e comprimento do fruto, diâmetro e comprimento da cavidade interna de fruto, e teor de sólidos solúveis. A análise de dissimilaridade genética foi realizada por meio de análises multivariadas (UPGMA e agrupamento de Tocher) com base na distância generalizada de Mahalanobis. Pelo método UPGMA observou-se a formação de seis grupos. O genótipo UFU-32 apresentou maior dissimilaridade genética entre os demais formando um grupo isolado pelo método UPGMA e variável de maior contribuição na dissimilaridade genética foi o comprimento da cavidade do fruto. Concluiu-se que germoplasma de melão pertencente a Universidade Federal de Uberlândia possui variabilidade genética.

**Key words:** *Cucumis melo L.*; melhoramento genético; análise multivariada.

## 1-INTRODUÇÃO

O melão (*Cucumis melo* L.) é uma das principais hortaliças cultivadas Brasil (CHARLO et al., 2011). As espécies *C. melo* var. *inodorus* e *C. melo* var. *cantaloupensis* são as mais produzidas com destaque para os tipos melão amarelo, Orange Flesh e Pele de Sapo O Brasil se destaca como produtor e exportador do fruto, sendo a região nordeste responsável por 95% da produção nacional (OLIVEIRA et al., 2017). Em 2019 o país exportou cerca de 250 toneladas de melão para diversos países (ANUARIO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 2020).

As condições climáticas e ambientais influenciam diretamente a cultura do meloeiro, podendo ocasionar variações fenotípicas nas plantas principalmente quanto à qualidade dos frutos e a produtividade. Dessa forma é necessário o desenvolvimento de genótipos mais adaptados à região de cultivo, e esses resultados podem ser alcançados através do melhoramento genético da cultura (ARAGÃO et al., 2015; ANDRADE et al., 2019).

O sucesso dos programas de melhoramento genético do melão depende da existência de variabilidade genética, que pode ser maximizada a partir de inter cruzamentos de genótipos contrastantes, associados à seleção de características agrônômicas de interesse (COSTA et al., 2018). Neste contexto a caracterização agrônômica do germoplasma de meloeiro, fornecendo importantes informações quanto a dissimilaridade genética entre os acessos, que auxilia os pesquisadores na de seleção de genótipos para cruzamentos que geram maior efeito heterótico na progênie e maior probabilidade de recuperação de genótipos superiores (ANDRADE et al. 2019).

Várias técnicas multivariadas podem ser empregadas para quantificar a dissimilaridade genética entre os genótipos de um banco de germoplasma. Dentre as quais destacam-se, os métodos hierárquicos de agrupamento, otimização, as análise de componentes principais e variáveis canônicas. A definição do método empregado é realizada em função da precisão desejada, forma de obtenção dos dados e da facilidade de análise (CRUZ et al., 2014).

## 2- OBJETIVO

Este estudo teve como objetivo caracterizar e estimar a dissimilaridade genética do germoplasma de meloeiro da Universidade Federal de Uberlândia.

### **3- REFERENCIAL TEÓRICO**

#### **3.1 Aspectos gerais da cultura**

O meloeiro (*C. melo* L.) é uma hortaliça de origens africana e asiática, pertencente à família *Cucurbitaceae* (LEIDA et al., 2015). A espécie se destaca por apresentar maior polimorfismo e variabilidade genética entre as demais que compõem o gênero *Cucumis* ((ESTERAS et al., 2013).

Essa hortaliça trata-se de uma dicotiledônea herbácea, de caule prostrado que apresenta variações no número de hastes ou ramificações. As folhas são de tamanho variável, alternadas, simples, ásperas, providas de tricomas, limbo orbicular, reniforme, pentalobadas, com as margens denteadas. O sistema radicular é fasciculado com crescimento abundante nos primeiros 30 cm de profundidade no solo (HORA et al., 2018).

Quanto aos aspectos reprodutivos, o meloeiro pode ser considerado uma espécie preferencialmente alógama, entretanto alguns pesquisadores a consideram como de reprodução mista (ISLAS; SALGADO, 2003). Ademais essa hortaliça pode apresentar expressão sexual monóica, andromonóica, ginomonóica ou hermafrodita, sendo expressão andromonóica predominante (CRISÓSTOMO; ARAGÃO 2013). As flores são amarelas constituídas por cinco pétalas e estão presentes em diferentes pontos da planta: as flores masculinas aparecem em ramos primárias enquanto as femininas e hermafroditas aparecem em ramos secundárias e terciárias (HORA et al. 2018).

O melão é explorado como cultura anual, e apresenta exigências quanto aos fatores climáticos e ambientais. Por essa razão, essa hortaliça é amplamente cultivada em regiões de clima quentes e seco. A faixa de temperatura do ambiente, ideal para o bom desenvolvimento da cultura é de 20 a 30 °C, podendo chegar a 35 °C, sendo o fator que mais influência, no desenvolvimento da cultura, uma vez que impacta diretamente na expressão sexual das cucurbitáceas e na qualidade dos frutos (SALVINO, et al., 2017 ; FILGUEIRA, 2013).

Os frutos do meloeiro são bagas carnudas que apresentam tamanhos, formatos e colorações variadas. A colheita dos frutos pode variar entre 60 e 70 dias (SALVINO et al.,

2017). A espessura de polpa é variável e influencia na comercialização e aceitação dos frutos pelo mercado (VENDRUSCOLO et al. 2016). Além disso, o melão é rico em vitaminas e sais minerais, podendo ser consumido *in natura* na forma de ingrediente de saladas com frutas ou outras hortaliças, como também na forma de sucos (MULLER et al., 2013).

### **3.2 Importância socioeconômica do melão no Brasil**

O cultivo do melão tem grande importância econômica no mercado brasileiro, por se tratar de uma cultura que se destaca no mercado de exportações de (DALASTRA et al., 2016). Em 2019 o Brasil exportou 251,641 mil toneladas do fruto, sendo 60% destes, destinados a países da Europa, Ásia e Oriente Médio (ANUÁRIO BRASILEIRO DA FRUTICULTURA, 2020).

Além da relevância no mercado de exportação, o cultivo de melão desempenha um papel socioeconômico muito importante para o país, podendo gerar cerca de 60 mil empregos diretos e indiretos nessa atividade (SANTOS et al., 2021).

A cadeia produtiva dessa hortaliça ocorre de forma concentrada na região nordeste com cultivo em campo aberto, entretanto na região sudeste há predominância do cultivo de melões nobres em ambiente protegido (OLIVEIRA et al., 2017). As condições edafoclimáticas do país favorece o desenvolvimento do meloeiro sendo possível o cultivo de até três safras/ano (CRISÓSTOMO E ARAGÃO, 2013).

### **3.3 Variedades de melão no mercado**

Os melões produzidos comercialmente no Brasil pertencem a três variedades botânicas, *inodorus*, *cantalupensis*, e *reticulatus* (PITRAT, 2008).

O grupo *C.melo* var. *inodorus* se caracteriza pela produção de frutos não climatérios e ausência de aroma. A polpa apresenta coloração branca a verde-clara e possui altos teores de açúcares. Os frutos da variedade *inodorus* são popularmente mais conhecidos pelos consumidores, sendo estes o melão amarelo, pele de sapo e Honeydew. Essa variedade é a mais produzidos na região Nordeste, em campo aberto, de forma rasteira (OLIVEIRA et al., 2017).

O grupo botânico *C. melo* var. *cantaloupensis* se caracteriza pela produção de frutos climatérios, que apresentam características aromáticas e menor vida útil pós-colheita. Dentro desse grupo está o melão Charentais que é um tipo de melão nobre (FONTE;PUAITTI, 2005).

O grupo botânico *C. melo* var. *reticulatus*, também se caracteriza pela produção de melões nobres como o Cantaloupe e o Gália. As características dos frutos quanto a qualidade pós colheita são similares ao *C. melo* var. *cantaloupensis*. Entretanto os frutos desse grupo apresentam maior diversidade de coloração e maior concentração de açúcares (VERÁS et al., 2019).

### **3.4 Dissimilaridade genética e sua importância em programas de melhoramento**

O melhoramento genético é das formas viáveis para aumentar a competitividade do melão brasileiro nos mercados interno e externo (LOPES et al., 2012). Os programas de melhoramento genético da cultura têm como objetivo a obtenção de genótipos mais adaptados, produtivos, de melhor qualidade e resistentes aos estresses bióticos e abióticos, (SALES JÚNIOR et al., 2015; DALASTRA et al., 2016 CELIN, 2017). Dessa forma é importante o conhecimento da variabilidade genética do meloeiro.

A variabilidade genética é a base para o melhoramento genético de plantas (WAMSER et al., 2011). Os bancos de germoplasma que têm como principal função a manutenção, a preservação e a conservação da variabilidade, possibilitando a seleção de acessos superiores que podem ser utilizados por melhoristas em programas de melhoramento de plantas (BORÉM;MIRANDA, 2013).

O conhecimento da variabilidade genética por meio de estudos de dissimilaridade é fundamental no processo de identificação de novas fontes de genes de interesse, que podem promover ganhos genéticos satisfatórios, e reduzir a vulnerabilidade da cultura a fatores bióticos e abióticos (COSTA et al., 2011). Esse tipo de estudo permite a visualização de possíveis combinações híbridas de maior efeito heterótico, possibilitando desta maneira a recuperação de genótipos superiores nas gerações segregantes (CRUZ et al., 2014). Além disso, as informações geradas por esse tipo de estudo podem auxiliar na manutenção e organização de bancos de germoplasmas, uma vez que é possível detectar genótipos muito semelhantes e duplicatas (NEIVA et al., 2011).

As informações necessárias para o estudo da dissimilaridade genética são obtidas por meio de caracterizações morfológicas, geográficas e moleculares dos acessos que compõem o

germoplasma (OLIVEIRA et al., 2019). Posteriormente essas informações são processadas por análises estatísticas multivariadas, ou seja, os caracteres avaliados são analisados de forma simultânea, dessa maneira, cada genótipo será representado por um único valor referente às características analisadas permitindo distinguir semelhanças ou diferenças entre os acessos do germoplasma (HAIR et al., 2009).

A dissimilaridade genética entre genótipos pode ser calculada por meio de medidas de dissimilaridade, como a Distância Euclidiana e a Distância generalizada de Mahalanobis. Essas medidas evidenciam quão distante ou similar um genótipo é de outro (CRUZ et al., 2014). A representação da dissimilaridade genética é feita através dos e métodos de agrupamento. Dentre os quais se destacam os métodos hierárquicos, o método de otimização de Tocher, as variáveis canônicas e os componentes principais. Essas análises têm por finalidade reunir os genótipos de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (KLOSTER et al., 2011).

#### **4- MATERIAL E MÉTODOS**

O experimento foi realizado na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia, campus Monte Carmelo (UFU-MC) (18° 42' 43,19" S, 47° 29' 55,8" O, 873 m de altitude) em casa de vegetação sob o solo de textura argilosa, classificado como latossolo vermelho. As amostras de solo foram coletadas na profundidade de 0 a 20 cm e analisadas no Laboratório de Fertilidade do Solo da UFU-MC. A análise físico-química apresentou textura argilosa (> 50%), pH em CaCl<sub>2</sub> = 4,9, SOM = 3,9 dag kg<sup>-1</sup>, P (rem) = 79,1 mg dm<sup>-3</sup>, K = 0,29 cmolc dm<sup>-3</sup>, Ca = 3,3 cmolc dm<sup>-3</sup>, Mg = 1,3 cmolc dm<sup>-3</sup>, H + Al = 4,9 cmolc dm<sup>-3</sup>, SB = 4,90 cmolc dm<sup>-3</sup>, CEC = 9,80 cmolc dm<sup>-3</sup>, BS% = 50.

O germoplasma avaliado constituiu-se de 37 acessos de melão do tipo amarelo pertencentes à geração F4. Esses genótipos pertencem ao banco de germoplasma do programa de melhoramento de meloeiro da Universidade Federal de Uberlândia e foram obtidos a partir de quatro sucessivas autofecundações de cultivares obtidas em feiras livres.

O experimento foi conduzido em delineamento experimental blocos casualizados (DBC), com 37 tratamentos e duas repetições, sendo cada parcela representada por 20 plantas. Durante toda a condução do experimento os tratamentos culturais, adubação, manejo de pragas e doenças, e o manejo de plantas infestantes foram realizados conforme preconizado para a

cultura do meloeiro (FILGUEIRA, 2013).

A semeadura foi realizada em 18 de agosto de 2019 em bandejas de poliestireno (128 células) utilizando substrato comercial a base de fibra de coco. Decorridos 20 dias após a semeadura (DAS) as mudas foram transplantadas em covas de 5 cm de profundidade, adotando-se o espaçamento de 1,0 m entre linhas e 0,6 m entre plantas.

A colheita dos frutos foi realizada entre 60 e 80 DAS. Os frutos foram colhidos no ponto comercial, e cortados, e posteriormente submetidos a avaliações agrônômicas a fim de determinar os seguintes atributos: Diâmetro de fruto (DF): comprimento de fruto (CF), diâmetro da cavidade interna (DC) e comprimento da cavidade interna (CC), mensurados com régua graduada de 30 considerando dois pontos do fruto, na maior e menor dimensão dos frutos previamente partidos. O teor de sólidos solúveis totais (SS) foi quantificado a partir de leituras obtidas através da adição de uma gota de suco de melão no o equipamento refratômetro digital portátil (Atago PAL-1 3810).

Os dados foram submetidos à análise de variância pelo teste F ( $p < 0,05$ ). As análises multivariadas foram utilizadas para determinar a dissimilaridade genética entre os genótipos através da distância generalizada de Mahalanobis  $D_{ii}^2$ . A dissimilaridade genética foi representada por dendrograma obtido pelo método hierárquico *unweightedp Pair-Group Method Using Arithmetic Averages* (UPGMA) e pelo método de otimização gráfica de Tocher. A contribuição relativa dos caracteres quantitativos foi calculada segundo critério de Singh (1981). Para o processamento das análises foi utilizado o *software* Genes integrado ao R (CRUZ, 2016).

## 5- RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os maiores valores de variância foram observados para comprimento de fruto (7.60), teor de sólidos solúveis (4.98), diâmetro de fruto (4.55) e comprimento da cavidade interna do fruto (4.55). Esse resultado indica alta variabilidade genética entre os genótipos para as características em estudo (Tabela 1).

**Tabela 1.** Análise estatística descritiva para caracteres agrônômicos de genótipos de meloeiro.

| Variável | Variância | Média | Máx. | Genótipo | Mín. | Genótipo |
|----------|-----------|-------|------|----------|------|----------|
|----------|-----------|-------|------|----------|------|----------|

|   |      |       |      |       |     |       |
|---|------|-------|------|-------|-----|-------|
| Diâmetro de fruto (cm)                        | 4,55 | 12,95 | 17,7 | UFU32 | 8   | UFU09 |
| Comprimento de fruto (cm)                     | 7,60 | 16,05 | 21,3 | UFU18 | 9   | UFU06 |
| Diâmetro da cavidade interna do fruto (cm)    | 1,62 | 5,61  | 9,1  | UFU14 | 2   | UFU32 |
| Comprimento da cavidade interna do fruto (cm) | 4,55 | 10,52 | 14,9 | UFU09 | 6   | UFU18 |
| Teor de Sólidos Solúveis (°BRIX)              | 4,98 | 7,16  | 12,3 | UFU03 | 2,5 | UFU30 |

Os diâmetros de fruto variaram de 8,00 a 17,70 cm com média geral de 12,95 cm. Avaliando a produção e qualidade de frutos de híbridos comerciais de melão, cultivados em diferentes substratos. Aroucha et al. (2018) avaliaram a influência da aplicação de bioestimulante em plantas na qualidade e vida útil de cultivares de melão amarelo 'Iracema' e 'Goldex' e obtiveram diâmetros de frutos de 14,08 e 14,46 cm, respectivamente, corroborando com os resultados obtidos neste trabalho.

O acesso UFU18 apresentou maior comprimento de fruto (21,3 cm), com comprimento médio de 16,05 cm. Resultados semelhantes foram observados por Chikh-Rouhou et al. (2019) que caracterizaram genótipos de melão e observaram valores médios semelhantes aos do presente estudo, com comprimento de fruto variando entre 12,46 e 21,01 cm para diferentes genótipos de melão pertencentes a espécie *C. melo* var. *cantaloupensis*.

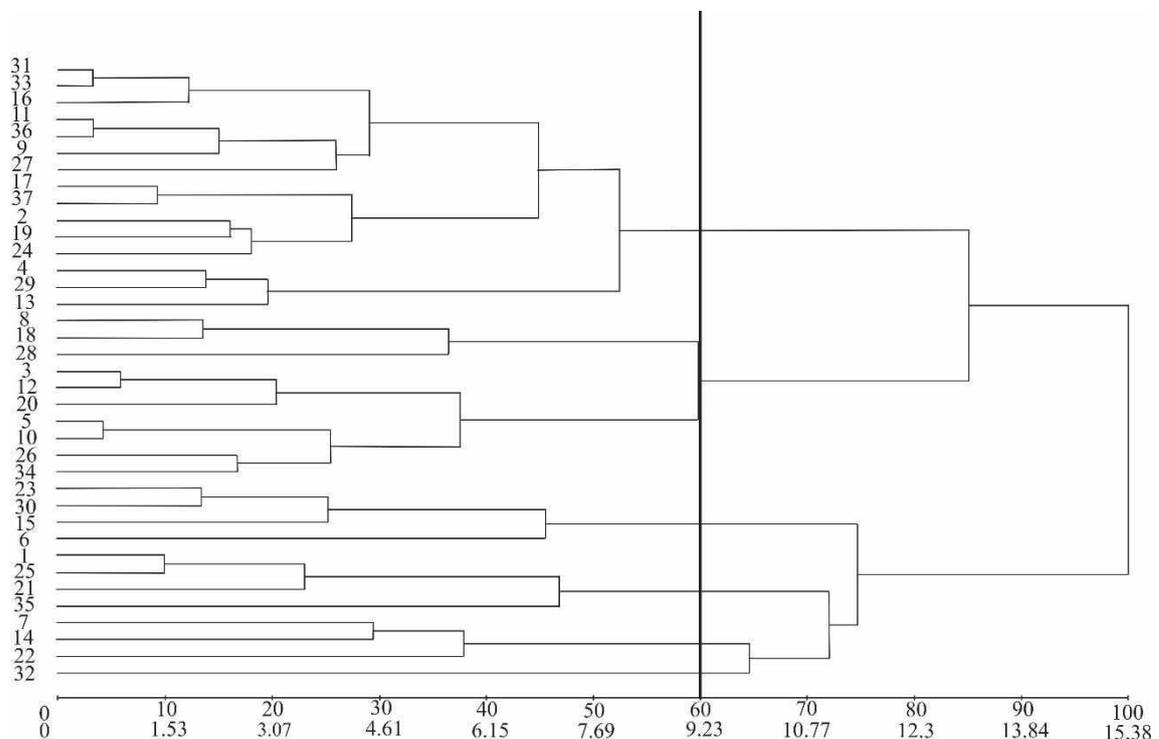
Para comprimento e diâmetro da cavidade, UFU09 e UFU14 obtiveram as maiores médias com 14,9 e 9,1 cm, respectivamente. Em contrapartida, menores médios foram observadas nos genótipos UFU18 (6,0 cm) e UFU32 (2,0 cm). Segundo Dalastra et al. (2016) quanto menor o diâmetro da cavidade interna maior a resistência do fruto durante o manuseio e transporte. Além disso, frutos com menor cavidade interna são mais apresentáveis visualmente e conseqüentemente mais bem aceitos pelos consumidores (DALASTRA et al., 2016)

Quanto ao teor de sólidos solúveis, característica fundamental para comercialização do meloeiro, os valores variaram entre 2,5 ° Brix (UFU30) e 12,3 °Brix (UFU03). O teor de sólidos solúveis é utilizado como critério de aceitação entre os países que comercializam a fruta. Frutos com SST entre 12 e 15 °Brix são considerados de excelente qualidade, enquanto próximos a 9 °Brix são aceitáveis e, abaixo desse valor, não são comercializáveis para o

mercado externo (VARGAS et al., 2008; MONGE-PÉREZ,2016).

Além de comparações de desempenho individual, a separação dos genótipos em grupos pelo uso de medidas de dissimilaridade auxilia os melhoristas na seleção de genitores em programas de melhoramento (ARAUJO et al., 2016). Medidas de dissimilaridade genética estimadas pela distância generalizada de Mahalanobis ( $D_{ii}^2$ ) entre os 37 acessos variaram de 0,49 (UFU31 e UFU33) a 41,08 (UFU21 e UFU28), evidenciando a diversidade genética entre os acessos em estudo (Dados não apresentados).

O método de agrupamento por ligação média entre grupos (UPGMA) baseado na distância generalizada de Mahalanobis (Figura 1), considerando delimitação de linha de corte de 60% estabelecida no local de ocorrência da mudança abrupta nas ramificações presentes no dendrograma (CRUZ et al., 2014) resultou na formação de seis grupos.

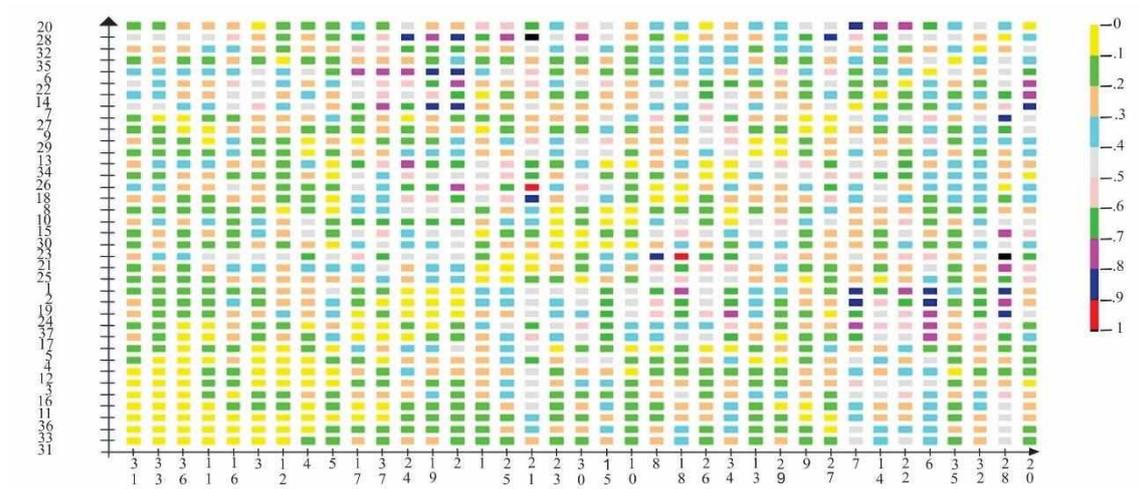


**Figura 1.** Dendrograma da dissimilaridade genética entre 37 genótipos de meloeiro obtido pelo Método Hierárquico de ligação média “UPGMA” como medida de dissimilaridade. Os numerais indicam os genótipos UFU.

O grupo I foi formado por quinze acessos representando 40,54% do total avaliado, seguido pelo grupo II, com dez acessos (27,03%), grupos III e IV com quatro acessos cada (21,62%), grupo V com três acessos (8,11%) e grupo VI constituído apenas pelo genótipo UFU32 (2,70%) (Figura 1). Dessa maneira, a utilização do acesso UFU32 como um dos genitores torna-se viável, devido a sua dissimilaridade em relação aos demais.

O estudo da dissimilaridade genética a partir de técnicas multivariadas pode ser aplicado para diferentes culturas. Em estudo realizado por Maciel et al., 2018 foram avaliados 42 genótipos de minitomate que resultaram na formação de 4 grupos porém quando analisado a distribuição dos genótipos verificou-se que 93% concentraram-se em apenas um grupo, evidenciando uma má distribuição da dissimilaridade genética. No presente estudo menos de 50% genótipos foram reunidos no mesmo grupo, demonstrando equilíbrio na distribuição da variabilidade genética.

O uso de diferentes metodologias de agrupamento proporciona maior eficiência na determinação da diversidade genética (Valadares et al., 2018). Assim, foi utilizada uma terceira metodologia visando garantir a existência de variabilidade genética entre os acessos de meloeiro (Figura 2).



**Figura 2.** Representação gráfica de dissimilaridade com base na distância de Mahalanobis ( $D_{ii}^2$ ), analisadas em 37 acessos de meloeiro. Os numerais indicam os 37 acessos. As cores presentes no gráfico simbolizam a variabilidade de 0 a 1, sendo 1 a nota representativa da maior divergência genética.

O método gráfico de otimização de Tocher é utilizado para evidenciar pequenas diferenças genéticas entre dois genótipos. Nesta metodologia valores próximos a zero indicam maior semelhança (amarelo) em contrapartida valores próximos a um indicam maior dissimilaridade genética (preto). Os resultados evidenciados pela otimização de Tocher mostram a existência de variabilidade genética substancial entre os genótipos.

A análise de contribuição relativa de caracteres a partir da utilização do método de Singh (1981) considera que os caracteres de maior variabilidade são fundamentais,

possibilitando a eliminação de análises que pouco contribuem para a dissimilaridade, reduzindo trabalho, tempo e custos adicionais nas avaliações (ALVES et al., 2003; VALADARES et al., 2018).

Todos os caracteres avaliados contribuíram para determinar a dissimilaridade genética entre os acessos de meloeiro,. O descritor que mais contribuiu no estudo da divergência genética dos genótipos foi o comprimento de cavidade (26,69%), seguido por diâmetro de fruto (19,61%), comprimento de fruto (19,36%), teor de sólidos solúveis (17,83%) e diâmetro de cavidade (16,50%) (Tabela 2).

**Tabela 2.** Contribuição relativa de cinco caracteres agrônômicos na divergência genética de 37 genótipos de meloeiro, segundo critério de Singh (1981). Monte Carmelo, UFU, 2020

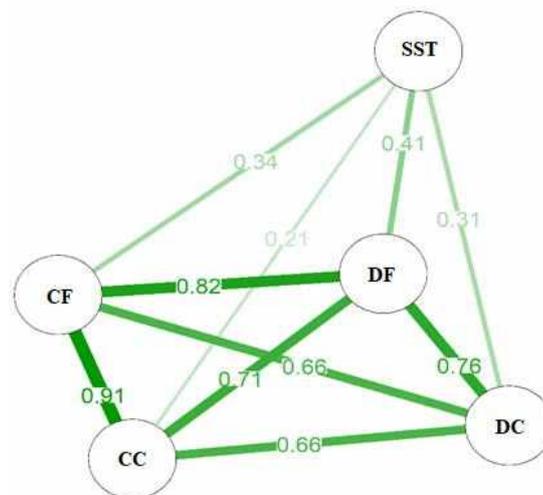
| <b>Característica</b> | <b>Sj</b> | <b>Sj(%)</b> |
|-----------------------|-----------|--------------|
| <b>CC</b>             | 106,57    | 26,69        |
| <b>DF</b>             | 78,32     | 19,61        |
| <b>CF</b>             | 77,32     | 19,36        |
| <b>SST</b>            | 71,22     | 17,83        |
| <b>DC</b>             | 65,88     | 16,50        |

CC: Comprimento de cavidade; DF: diâmetro de fruto; CF: comprimento de fruto; TSSO: teor de sólidos solúveis totais e DC: diâmetro de cavidade.

A característica que apresentou menor contribuição para a para a dissimilaridade genética entre os genótipos de melão foi o diâmetro de cavidade de fruto. Entretanto, essa característica é considerada um atributo relevante e a sua exclusão altera a distribuição de grupos, não podendo ser eliminado.

O teor de sólidos solúveis foi uma das características que se destacaram quanto a maior contribuição para o estudo da dissimilaridade genética do germoplasma de meloeiro. Resultado similar foi relatado por Valadares et al. (2018) que estudando a dissimilaridade genética em acessos de melão pertencentes ao grupo *momordica* constataram que o teor de sólidos solúveis foi uma das características de maior contribuição para a divergência (17,60%).

Todas as características avaliadas apresentaram correlações genéticas positivas (Figura 3).



**Figura 3.** Rede de correlações genéticas de características de meloeiro. As linhas verdes representam correções positivas. A espessura da linha é proporcional à magnitude da correlação. CC: Comprimento de cavidade; DF: diâmetro de fruto; CF: comprimento de fruto; SS: teor de sólidos solúveis totais e DC: diâmetro de cavidade.

Os resultados obtidos por meio das correlações genéticas permitem afirmar que qualquer que seja a alteração através de seleção em uma característica, resultará em alterações de mesmo sentido na característica correlacionada. Maior magnitude de correlação genética ocorreu entre os caracteres CF x CC (0.91), CF x DF (0.82), DF x DC (0.76), CC x DF (0.71), CF x DC (0.66) e CC x DC (0.66). Em contrapartida, os caracteres CC x SS, DC x SS, CF x SS e DF x SS apresentaram as menores estimativas de correlações genéticas com 0.21, 0.31, 0.34 e 0.41 respectivamente.

Os resultados obtidos corroboram com os observados por Valadares et al. (2017), que estimando parâmetros genéticos e correlações entre os caracteres: diâmetro do pedúnculo, tamanho da cicatriz do pistilo, largura de fruto, comprimento do fruto, espessura da polpa, massa fresca dos frutos, teor de sólidos solúveis, número de dias para florescimento masculino e feminino e número de dias do florescimento a maturação de melões do grupo *momordica* observaram correlações positivas para todos os caracteres em estudo.

## 6- CONCLUSÃO

O germoplasma de melão pertencente a Universidade Federal de Uberlândia possui variabilidade genética.

O genótipo UFU-32 é o mais divergente entre os demais genótipos avaliados.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

ANDRADE, I.S.; MELO, C.A.F.; NUNES, G.H.S.; HOLANDA, I.S.A.; GRANGEIRO, L.C.; CORRÊA, R.X. Morphoagronomic genetic diversity of Brazilian melon accessions based on fruit traits. **Scientia. Horticulturae**, v.243, p. 514–523, 2019.

ANUÁRIO BRASILEIRO DA FRUTICULTURA. Santa Cruz do Sul: Gazeta, 2020. 51p. Disponível em: < <http://www.editoragazeta.com.br/anuario-brasileiro-de-horti-fruti-2020/> > Acesso: 10 jun. 2021

ARAGÃO, F.A.S.; NUNES, G.H.S.; QUEIROZ, M.A. Genotype x environment interaction of melon families based on fruit quality traits. **Crop Breeding Applied Biotechnology**, v.15, n.2, p.79-86, 2015.

ARAÚJO, J.C.; TELHADO, S.F.P.; SAKAI, R.H.; LEDO, C.A.S.; MELO, P.C.T. Univariate and multivariate procedures for agronomic evaluation of organically grown tomato cultivars. **Horticultura Brasileira**, v.34, p.374-380, 2016.

AROCHA, E.M.; SOUSA, C.M.; MEDEIROS, J.F.; GLÊIDSON, B.; NASCIMENTO, I.B.; ARAÚJO, N.O. 2. Pre-harvest application of plant biostimulant on the quality and shelf-life of yellow melon (*Cucumis melo* L.) **Journal of Agricultural Science** v.10, p. 252-259. 2018.

BOREM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV. 2013. 523p.

CELIN, E. F.; SILVA, F. D.; OLIVEIRA, N. R. X.; DIAS, R. de C. S.; ARAGÃO, F. A. S de. Simple genetic inheritance conditions resistance to *Liriomyza sativae* in melon. **Euphytica**, v. 213, p. 1-11, 2017.

CHARLO, H.C.O.; GALATTI, F.S.; BRAZ, L.T.; BARBOSA, J.C. 2011. Híbridos experimentais de melão rendilhado cultivados em solo e substrato. **Revista Brasileira de Fruticultura** v.33, p.144-156, 2011.

CHIKH-ROUHO, H.; TLILI, I.; IIAHY, R.; R'HIM ,T.; STA-BABA, R. Fruit quality assessment and characterization of melon genotypes. **International Journal of Vegetable Science** p.1-17, 2019

COSTA, A.M; MOTOIKE, S.Y.; CORRÊA, T.R.; SILVA, T.C.; COSER, S.M.; RESENDE MDV AND TEÓFILO RF. Genetic parameters and selection of macaw palm (*Acrocomia aculeata*) accessions: na alternative crop for biofuels. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** v.18, p.259-256, 2018.

COSTA, T. S.; SILVA, A. V. C.; LÉDO, A. S. Diversidade genética de acessos do banco de germoplasma de mangaba em Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 5,p.499-508, 2011.

CRISÓSTOMO, J. R.; ARAGÃO, F. A. S. Melhoramento genético do meloeiro. In: VIDAL NETO F.C., CAVALCANTI J.J.V. **Melhoramento genético de plantas no Nordeste**. Brasília, DF: Embrapa, p. 209-246. 2013.

CRUZ, C.D.; REGAZZI AJ.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4ed. Editora UFV, Viçosa, 2014. 514p.

CRUZ, D. C. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.38, n.4, p. 547-552, 2016.

DALASTRA, G.M.; ECHER, M.M.; KLOSOWSKI, E.S.; HACHMANN, T.L. Produção e qualidade de três tipos de melão, variando o número de frutos por planta. **Revista Ceres** v.63, p. 523-531, 2016.

ESTERAS, C.; FORMISANO, G.; ROIG, C.; DÍAZ, A.; BLANCA, J.; GARCIA-MAS, J.; GÓMEZ-GUILLAMÓN, M.L.; LÓPEZ-SESÉ, A.I.; LÁZARO, A.; MONFORTE, A.J.; PICÓ, B. SNP genotyping in melons: genetic variation, population structure, and linkage disequilibrium. **Theoretical and Applied Genetics** v.126, p. 1285-1303, 2013

FILGUEIRA, L. **Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. 3ª ed. Editora UFV, Viçosa, 2013, 421p.

FONTES, P. C. R.; PUIATTI, M. Cultura do melão. In: FONTES, P. C. R. (ed.) **Olericultura: Teoria e prática**. 2ª ed., Editora UFV, Viçosa, 2005. p.407-428

HAIR, J. F.; BLACK, W.; BABIN, B.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. **Análise Multivariada de dados**. 6ª ed., Editora Bookman, Porto Alegre, 2009. 688 p

HORA, R.C., CAMARGO, J. and BUZANINI, A.C. Cucurbitáceas e outras. In: BRANDÃO FILHO, J.U.T., FREITAS, P.S.L., BERIAN, L.O.S., GOTO, R., comps. **Hortaliças-fruto** [online]. Maringá: EDUEM, 2018, p. 71-111.

ISLAS Y.L.; SALGADO, J.C.H. Situación actual del mejoramiento genético del melón para la resistencia al Mildiu pulverulento de las cucurbitáceas. **Temas de Ciencia y Tecnología** , v.7, n.9, p.25-36, 2003.

KLOSTER, G.S.; BARELLI, M.A.A.; SILVA, C.R.; NEVES, L.G.; SOBRINHO, S.P.; LUZ, P.B. Análise da divergência genética através de caracteres morfológicos em cultivares de feijoeiro. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.6, p. 452-459, 2011.

LEIDA, C.; MOSER, C.; ESTERAS, C.; SULPICE, R.; LUNN, J.E.; LANGEN, F., MONFORTE, A.J.; PICO, B. Variability of candidate genes, genetic structure and association with sugar accumulation and climacteric behavior in a broad germplasm collection of melon (*Cucumis melo* L.). **BMC Genetics**, v.16, n. 28, p. 1-17, 2015

LOPES, M.A.; FALEIRO, F.G.; FERREIRA, M.E.; LOPES, D.B.; VIVIAN, R.; BOITEUX, L.S. Embrapa's contribution to the development of new plant varieties and their impact on Brazilian agriculture. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.12, p.31-46, 2012.

MACIEL, G.M.; FINZI, R.R.; CARVALHO, F.J.; MARQUEZ, G.R.; CLEMENTE, A.A. Agronomic performance and genetic dissimilarity among cherry tomato genotypes. **Horticultura Brasileira** 36: 167-172. 2018.

MONGE-PÉREZ, J.E. Evaluación de 70 genotipos de melón (*Cucumis melo* L.) cultivados bajo invernadero en Costa Rica. **InterSedes** v.17, p. 73-112, 2016.

MULLER, N.G.; FASOLO, D.; PINTO, F.P.; BERTÊ, R.; MULLER, F.C. Potencialidades fitoquímicas do melão (*Cucumis melo* L.) na região Noroeste do Rio Grande do Sul – Brasil. **Revista Brasileira de Plantas Mediciniais**. v. 15, p. 194-198, 2013.

NEIVA, I.P.; ANDRADE JÚNIOR, V.C.; VIANA, D.J.S.; FIGUEIREDO, J.A.; MENDONÇA FILHO, C.V.; PARRELLA, R.A.C.; SANTOS, J.B. Caracterização morfológica de acessos de batata-doce do banco de germoplasma da UFVJM, Diamantina. **Horticultura Brasileira** v.29, p. 537-541. 2011.

OLIVEIRA, C. S.; PEIXOTO, J. V. M.; MOMESSO, M. P.; PEREIRA, L. M.; PERES, H. G.; MACIEL, G. M. Características de plântulas: dissimilaridade genética entre acessos de pimenta. **Revista Ciência, Tecnologia & Ambiente**, v. 9, p. 1-20, 2019.

OLIVEIRA, F. I. C. da; NUNES, A.C.; SILVA, F.D.; SILVA, G.T.T.M.A.; L. C.; ARAGÃO, F. A. S. A cultura do melão. In: FIGUEIRÊDO, M. C. B. de; GONDIM, R. S.; ARAGÃO, F. A. S. de (Ed.). **Produção de melão e mudanças climáticas: sistemas conservacionistas de cultivo para redução das pegadas de carbono e hídrica**. Brasília, DF: Embrapa, 2017. p. 1-33  
2017

PITRAT, M. (2008) Melon. In: PROHENS, J.; NUEZ, F., Eds., **Vegetables I: Asteraceae, Brassicaceae, Chenopodiaceae, and Cucurbitaceae**. Springer Science+Business Media, LLC, New York, 283-315.

SALES JÚNIOR, R.; NUNES, G.H.S.; SILVA, K.J.P.; COSTA, G.G.; GUIMARÃES, I.M.; MICHEREFF, S.J. Caracterização morfológica de fontes de resistência de meloeiro a *Rhizoctonia solani*. **Horticultura Brasileira** v.33, p.196-202. 2015

SALVIANO, A. M.; et al. **A cultura do melão**. 3. ed. rev. e atual. Brasília-DF: Embrapa. 2017. Coleção plantar, 76.

SANTOS, G.R.; TSCHOEKE, P.H.; SARMENTO, R.A.; OLIVEIRA, E.E.; RODRIGUES-SILVA N.; DALCIN, M.S.; HADDI, K.; SILVA, R.S. Impact of growing seasons and pesticides used on the occurrence and severity of the gummy stem blight in melon cultivation in Brazil. **Eur. J. Plant Pathol.**, p. 1-14 2021.

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

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

VALADARES, R.N.; MELO, R.A.; SILVA, J.A.S.; ARAÚJO, A.L.R.; SILVA, F.S.; CARVALHO FILHO, J.L.S.; MENEZES D. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações em acessos de melão do grupo momordica. **Horticultura Brasileira**, v.35, p.557-563, 2017.

VARGAS, P.F.; CASTOLDI, R.; CHARLO, H.C.O.; BRAZ, L.T. Qualidade do melão rendilhado (*Cucumis melo* L.) em função do sistema de cultivo. **Ciência e Agrotecnologia** v. 32, p. 137-142. 2008.

VENDRUSCOLO, E. P.; MONTELO, L. S.; MARTINS, A. P. B.; CAMPOS, L. F. C.; SEMENSATO, L. R.; SELEGUINI, A. Número de folhas por planta e ponto de colheita para produção de mini melão Cantaloupe. **Caderno de Ciências Agrárias**, v.8, n.3, p.22-27, 2016.

VERÁS, M.L.M.; ARAÚJO, F.F.; GOMES JUNIOR, J.; FINGER, F.L. Enzymatic activity and post-harvest quality of 'Galia' melon under storage temperatures and modified atmosphere.

**Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.14, n.1, p.1-6. 2019.

WAMSER, G.H.; ARRUDA, B.; STINGHEN, J.C.; ROZZETTO, D.S.; BERTOLDO, J.G.; LANNES, S.D.; GUIDOLIN, A.F.; COIMBRA, J.L.M. Caracterização e estimativa da variabilidade genética de genótipos de cebola. **Horticultura Brasileira** v.30, p. 327-332.

2012.