



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS
GENÉTICOS VEGETAIS



BÁRBARA LAÍS RAMOS BARBOSA

AVALIAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE GERMOPLASMA
DE MELÃO DO NORDESTE BRASILEIRO

Feira de Santana – BA

2021

BÁRBARA LAÍS RAMOS BARBOSA

**AVALIAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE GERMOPLASMA
DE MELÃO DO NORDESTE BRASILEIRO**

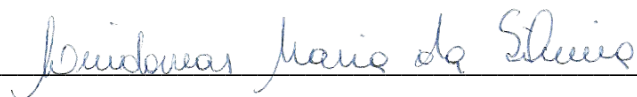
Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Estadual de Feira de Santana, como requisito parcial para obtenção do título de Doutora em Recursos Genéticos Vegetais.

Orientador: Prof. PhD. Manoel Abilio de Queiróz

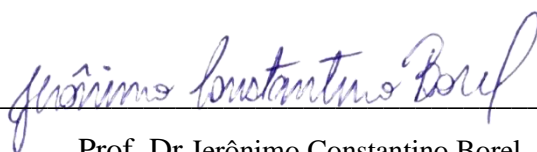
Feira de Santana - BA

2021

BANCA EXAMINADORA



Prof^a. Dra Lindomar Maria da Silveira
Universidade Federal Rural do Semiárido – UFERSA



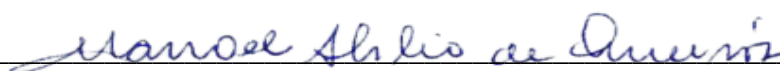
Prof. Dr Jerônimo Constantino Borel
Universidade Federal do Vale do São Francisco – UNIVASF



Prof. Dr Ronaldo Simão de Oliveira
Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia Baiano - IF BAIANO



Prof. Dr Luiz Cláudio Costa Silva
Universidade Estadual de Feira de Santana - UEFS



Prof. Dr Manoel Abílio de Queiróz
Universidade do Estado da Bahia – UNEB
Universidade Estadual de Feira de Santana - UEFS
Orientador e Presidente da Banca

Feira de Santana – BA

2021

Ficha catalográfica - Biblioteca Central Julieta Carteado - UEFS

Barbosa, Bárbara Laís Ramos
B195a Avaliação morfoagronômica de germoplasma de melão do Nordeste
Brasileiro / Bárbara Laís Ramos Barbosa. - 2021.
122f. : il.

Orientador: Manoel Abilio de Queiróz

Tese (doutorado) - Universidade Estadual de Feira de Santana.
Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, 2021.

1. Diversidade genética. 2. Taxonomia. 3. Morfologia. 4.
Germoplasma. 5. Resistência. I. Queiróz, Manoel Abilio, orient.
II. Universidade Estadual de Feira de Santana. III. Título.

CDU: 582.98

Aos meus queridos e amados pais, Ivan e Carmen, que me ensinaram o melhor caminho para a obtenção do amor, da felicidade e da sabedoria; foram vocês que me proporcionaram os melhores momentos vividos e com certeza proporcionarão os que estão por vir. Aos amantes do estudo, que buscam sempre o caminho das novas experiências chegando assim, às descobertas importantes e renovações do saber.

Dedico

AGRADECIMENTOS

Ao meu Único e Eterno Deus, autor da minha vida, que tem me sustentado e vem me concedendo toda a força necessária para enfrentar os desafios existentes; por ter me oferecido a oportunidade de viver, evoluir a cada dia e chegar até aqui, a Ti somente a honra e toda glória!

À minha Família por me conceder uma educação de qualidade, por me fornecer todo o carinho e amor necessário para a construção da vida. Mainha, painho, irmão, cunhada e bebês lindos da titia amo vocês eternamente! Obrigada por deixarem a minha caminhada mais feliz!

Ao meu amor, esposo e personal Van, por todo o carinho e atenção, pelos momentos vividos e por me ajudar a diminuir o estresse diariamente! Obrigada por tudo! Eu te amo!

Ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, oferecido pela Universidade Estadual de Feira de Santana. Obrigada, professores, por cada conselho e palavra de ânimo, e por cada ensinamento transmitido. Obrigada a toda a equipe de coordenação e secretaria (Alberto e Lia) por todo o auxílio durante a minha vida acadêmica.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB), e a Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001, por todo o apoio financeiro para o desenvolvimento do trabalho.

Ao meu orientador Manoel Abilio, pela oportunidade de crescer cientificamente. Obrigada pela confiança e pela oportunidade! Obrigada por cada ensinamento transmitido, por cada conversa e seus preâmbulos maravilhosos! Admiro-te muito, professor! Ficará em meu coração eternamente! Que Deus abençoe sempre o senhor, e minha eterna gratidão.

À Universidade do Estado da Bahia, Campus Juazeiro – BA, por me conceder o espaço de campo e laboratório para a realização de todo o trabalho.

À Embrapa Semiárido e a Dr^a Débora Sansini pelo auxílio e disponibilidade para a realização de parte do trabalho.

Aos meus colegas e amigos de laboratório da UNEB, obrigada pela companhia, pelos auxílios durante os experimentos de campo e laboratório. Saibam que vocês estarão guardados para sempre em meu coração.

À Graziela, amiga e transmissora de conhecimentos! Perdoe-me pelo incômodo que causei tantas vezes. Obrigada por cada ensinamento, pela paciência ao tirar minhas dúvidas, por cada palavra amiga e cada risada maravilhosa. Gratidão e gratidão!

Às lindas Clisneide, Natália e Milena pela amizade e por todo o auxílio que me deram durante todo o desenvolvimento de trabalho. O sol do Vale do São Francisco castigou um pouco, mas foi tudo maravilhoso e nos divertimos muito. Obrigada por cada conselho, cada conversa e risada! Minha gratidão eterna a vocês.

Ao professor Ronaldo Simão, pelo auxílio ao trabalho com a parte de estatística e todas as correções e sugestões realizadas. Perdoe-me pelo incômodo tantas vezes, até mesmo com mensagens via *WhatsApp*. Aprendi muito e serei eternamente grata.

A todos os meus amigos, os “velhos” e os novos, vocês sabem que sou chatinha, mas guardo cada um em meu coração! Obrigada pela força, companheirismo em todos os momentos, pelas brincadeiras e pelas orações realizadas por nós. Que Deus guie-nos sempre! Amém.

“Acredite, é hora de vencer
Essa força vem de dentro de você
Você pode até tocar o céu, se crer
Acredite, que nenhum de nós
Já nasceu com jeito pra super-herói
Nossos sonhos a gente é quem constrói
É vencendo os limites, escalando as fortalezas
Conquistando o impossível pela fé...”

Conquistando o Impossível – Jamile

RESUMO

O melão (*Cucumis melo* L.) tem o Semiárido brasileiro como destaque na produção nacional a partir de cultivares melhoradas que geram uniformidade, mas são suscetíveis a vários estresses abióticos e bióticos, como o *amarelão do meloeiro* causado pelos vírus MYaV e CABYV, e que diminui a produção e qualidade dos frutos. Por outro lado, muitas localidades do Semiárido cultivam o melão na agricultura familiar, a partir das populações tradicionais, onde existe uma grande diversidade de germoplasma que foi selecionada durante várias gerações, e que são portadores de alelos de importância para o melhoramento genético, incluindo genes de resistência às diversas doenças e pragas. Amostras dessas localidades foram coletadas e armazenadas no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste Brasileiro, necessitando de estudos aprofundados para um melhor conhecimento da variabilidade e resistência aos diversos estresses existentes para a cultura. Com isso, este trabalho objetivou estimar a variabilidade existente entre e dentro de acessos e subacessos de melão, nas gerações parental e S₁, pertencentes a este BAG, usando descritores morfoagronômicos, identificar os grupos botânicos presentes nessa amostra, além de examinar a reação das progênies S₁ ao estresse biótico “*amarelão do meloeiro*”. A partir dos descritores morfoagronômicos quantitativos e qualitativos utilizados neste trabalho, as análises univariada e multivariada em gerações sequenciais permitiu realizar um estudo aprofundado da variabilidade entre e dentro dos acessos e subacessos avaliados, sendo possível identificar os grupos botânicos *makuwa* subg. *nashi-uri*, *momordica* e *cantalupensis* subg. *prescott*, porém, alguns subacessos não foram identificados por possuir variações em suas características morfológicas, sendo atribuídas, também, pela provável existência de introgressão de alelos entre os diferentes grupos botânicos. Além disso, o estudo da variabilidade inferiu a existência de genótipos que poderão ser inseridos em programas de melhoramento genético. A partir da análise do “*amarelão do meloeiro*”, os subacessos não se apresentaram resistentes aos vírus, porém, dentro desses subacessos existiram progênies resistentes e que poderão ser utilizadas em programa de melhoramento de melão. Ainda foi possível inferir que provavelmente a doença do *amarelão do meloeiro*, para os subacessos estudados, não interfira na qualidade do fruto, principalmente relacionado às características de massa do fruto e teor de sólidos solúveis.

Palavras-Chave: Diversidade genética, taxonomia, morfologia, germoplasma, resistência.

ABSTRACT

Melon (*Cucumis melo* L.) has the Brazilian Semiarid region as a highlight in national production from improved cultivars that generate uniformity, but are susceptible to various abiotic and biotic stresses, such as *yellowing melon* caused by the MYaV and CABYV viruses, and that it decreases the production and quality of the fruits. On the other hand, many locations in the Semiarid region cultivate melon in family farming, from traditional populations, where there is a great diversity of germplasm that has been selected for several generations, and which carry genes of importance for genetic improvement, including genes for resistance to various diseases and pests. Samples from these locations were collected and stored in the Active Germplasm Bank (BAG) of Cucurbitaceae for the Northeast of Brazil, requiring in-depth studies for a better understanding of the variability and resistance to various stresses that exist for the crop. Thus, this study aimed to estimate the variability between and within accessions and sub-accessions of melon, in the parental and S₁ generations, belonging to this BAG, using morpho-agronomic descriptors, identifying the botanical groups present in this sample, as well as to examining the S₁ progenies to biotic stress "*amarelão do meloeiro*". From the quantitative and qualitative morpho-agronomic descriptors used in this work, the univariate and multivariate analyzes in sequential generations allowed an in-depth study of the variability between and within the evaluated accessions and sub-accessions, making it possible to identify the botanical groups *makuwa* subg. *nashi-uri*, *momordica* and *cantalupensis* subg. *prescott*, however, some sub-accessions have not been identified because they have variations in their morphological characteristics, and are also attributed to the probable existence of allele introgression among different groups. In addition, the study of variability has inferred the existence of genotypes that can be inserted in breeding programs. From the analysis of the "*amarelão do meloeiro*", the sub-accessions were not resistant to viruses, however, within these sub-accessions there were resistant progenies that could be used in an improvement melon program. It was also possible to infer that melon yellow disease probably does not interfere in the quality of the fruit, mainly related to the mass characteristics of the fruit and the soluble solids content.

Keywords: Genetic diversity, taxonomy, morphology, germplasm, resistance.

LISTA DE FIGURAS

REFERENCIAL TEÓRICO

Figura 1. Flores femininas do melão indicando a diferença de pilosidade no ovário. **A.** Tricomas curtos no ovário. **B.** Tricomas longos no ovário. 20

Figura 2. Plantas de meloeiro com sintomas do “*amarelão do meloeiro*”. 38

CAPÍTULO 1

Figura 1. **A.** Semeio dos acessos em bandeja. **B.** Germinação dos acessos trabalhados. **C.** Preparo da área para a realização do transplântio com irrigação por sulco. **D.** Área preparada com irrigação por gotejamento. 54

Figura 2. **A.** Processo de isolamento das flores masculinas e femininas. **B.** Flor isolada com copo descartável e fixado com palito de churrasco e protegida com solo arenoso para vedar e impedir a entrada de visitantes florais, além de conter um peso acima do copo para impedir que fosse removido pelo vento. **C.** Flor feminina recebendo o pólen; **D.** Plantas com flores isoladas para a realização da polinização. **E.** Flor feminina já polinizada, etiquetada e com copo para proteção já retirado após 48h. 54

Figura 3. Dendrograma da geração parental gerado pela análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos, usando o método UPGMA. 59

Figura 4. Dendrograma da geração S_1 gerado pela análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos, usando o método UPGMA. 59

Figura 5. Acessos do grupo I que apresentaram o mesmo fenótipo para as características de flor e fruto nas duas gerações (P e S_1) estudadas. **A.** BGMEL20.0. **B.** BGMEL22.0. **C.** BGMEL104.0. **D.** BGMEL113.0. **E.** BGMEL114.0. **F.** BGMEL116.0. **G.** BGMEL117.0. **H.** BGMEL156.0. **I.** BGMEL30.0. 60

Figura 6. Subacessos do grupo II que apresentaram variação dentro dos acessos avaliados, porém, após comparação com os dados da geração S_1 foi possível observar que expressaram as mesmas características da geração paternal (P). **A.** BGMEL27.2. **B.** BGMEL28.1. **C.** BGMEL42.1. **D.** BGMEL74.1. **E.** T6COD98.1. **F.** BGMEL42.2. 61

Figura 7. Subacessos do grupo III que apresentaram ou introgressão de alelos entre grupos botânicos, ou descritores que não foram possíveis identificar o seu grupo botânico nas gerações parental (P) e S_1 . **A.** BGMEL23.0. **B.** BGMEL27.1. **C.** BGMEL28.2. **D.** BGMEL71.1. **E.** BGMEL71.2. **F.** BGMEL74.2. **G.** T5COD5.1. **H.** T5COD5.2. **I.** T6COD98.2. 64

Figura 8. Porcentagem das identificações botânicas, e não definições dos grupos e subgrupos realizadas no presente trabalho. 66

CAPÍTULO 2

Figura 1. Imagens representativas dos grupos botânicos identificados utilizados no estudo. **A.** BGMEL27.2 – *momordica*; **B.** BGMEL22.0 - *makuwa* subgrupo *nashi-uri*; **C.** BGMEL30.0 – *cantalupensis* subgrupo *prescott*. 82

CAPÍTULO 3

Figura 1. Imagens representativas baseadas nas escalas de notas (0-3) utilizadas no presente estudo. **A.** Nota 0: Ausência de clorose nas folhas; **B.** Nota 1: Início de clorose nas folhas, sendo considerado um amarelecimento leve; **C.** Nota 2: Amarelecimento moderado; **D.** Nota 3: Amarelecimento severo das folhas, tendo uma forma generalizada de infecção na planta. 101

Figura 2. Gráfico para a análise do índice de incidência do amarelão (IA%) no primeiro experimento com apenas uma avaliação aos 65 DAT, para os 24 subacessos de meloeiro da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro. 107

Figura 3. Gráfico para a análise do índice de incidência do amarelão (IA%) no segundo experimento com seis avaliações (29, 36, 43, 50, 57 e 64 DAT), para os 24 subacessos de meloeiro da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro. 107

Figura 4. Representação de subacessos com nota de severidade 3, indicando um amarelecimento severo das folhas. **A.** BGMEL30.0 – *cantalupensis* subg. *prescott*; **B.** Cultivar de melão tipo amarelo (AM – SF594). 110

Figura 5. **A.** Plantas do subacesso BGMEL28.1 (*momordica*) que se apresentou com menor nota de severidade aos 64 DAT. **B.** Planta com nota de severidade 1, observada dentro do subacesso. 111

Figura 6. Comparativo dos sólidos solúveis (SS) entre os dois experimentos (I e II) realizados com 24 subacessos da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro e uma cultivar comercial - AM – SF594. 116

Figura 7. Espécies de vírus detectadas em amostras foliares analisadas molecularmente para genótipos de meloeiro do experimento I. 117

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1

Tabela 1. Dados de passaporte dos acessos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro utilizados no estudo. 52

Tabela 2. Descritores quantitativos e qualitativos e métodos de análise utilizados na caracterização morfológica dos frutos pertencentes aos acessos de *C. melo* do BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste Brasileiro nas duas gerações estudadas (parental e S₁). 55

Tabela 3. Caracterização morfológica nas gerações parental (P) e S₁ com a identificação e classificação dos subacessos no seu respectivo grupo botânico (GB) e subgrupo (SG), exibindo a expressão sexual (ES), pilosidade do ovário (PO), cor da epiderme (CE), grau dos gomos (GG), rachadura da epiderme (RE), cor da polpa (CP) e desprendimento do pedúnculo (DP). 57

CAPÍTULO 2

Tabela 1. Dados de passaporte dos acessos e subacessos de *C. melo* pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro. 75

Tabela 2. Detalhamento dos 13 descritores avaliados nos acessos e subacessos de melão da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, para as gerações parental - GP e GS₁. 79

Tabela 3. Composição dos grupos e distribuição dos acessos e subacessos em cada grupo com base na análise Ward-MLM. 85

Tabela 4. Duas primeiras variáveis canônicas indicando a contribuição de cada um dos descritores para a separação dos grupos a partir da análise de Ward-MLM. 87

Tabela 5. Média de 13 descritores quantitativos para cada um dos dois grupos formados a partir da análise de Ward-MLM, e as duas primeiras variáveis canônicas. 90

CAPÍTULO 3

Tabela 1. Dados de passaporte dos subacessos pertencentes ao BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro utilizados para as avaliações do *amarelão do meloeiro*. 98

Tabela 2. Escala visual de notas para quantificar a severidade do *amarelão do meloeiro* (AMA). 100

Tabela 3. *Primers* utilizados na Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) para os 103

vírus *Melon yellowing-associated virus* (MYaV), *Cucurbit aphid-borne yellows virus* (CABYV), *Melon necrotic spot virus* (MNSV) e *Cowpea mild mottle virus* (CPMMV).

Tabela 4. Dados do primeiro experimento aos 65 dias após o transplântio (DAT) para o índice de severidade dos sintomas de todas as plantas (ISS_{TP}), índice de severidade dos sintomas de plantas doentes (ISS_{PD}), reação dos subacessos ao vírus do amarelão, coeficiente de variação (CV%) para cada característica analisada e nível de significância pelo teste F para 24 subacessos de melão da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro. 104

Tabela 5. Detalhamento dos dados com seis avaliações realizadas no segundo experimento para o índice de severidade dos sintomas de todas as plantas (ISS_{TP}), índice de severidade dos sintomas de plantas doentes (ISS_{PD}), reação dos subacessos ao vírus do amarelão, coeficiente de variação (CV) para cada característica analisada e nível de significância pelo teste F para 24 subacessos de melão da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro. 105

Tabela 6. Médias do experimento I para cinco descritores avaliados em 24 subacessos de melão da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro. 112

Tabela 7. Médias do experimento II para seis descritores avaliados em 23 subacessos de melão da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro e uma cultivar comercial. 113

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL	16
REFERENCIAL TEÓRICO	19
1.0 TAXONOMIA, BIOLOGIA REPRODUTIVA E CLASSIFICAÇÃO BOTÂNICA	19
2.0 ORIGEM E DIVERSIDADE	29
3.0 IMPORTÂNCIA NUTRICIONAL ECONÔMICA	31
4.0 BANCOS DE GERMOPLASMA DE CUCURBITÁCEAS DO NORDESTE BRASILEIRO	32
5.0 CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO DE GERMOPLASMA	35
6.0 DOENÇAS NO MELOEIRO	36
6.1 Vírus do amarelão do meloeiro (MYAV E CABYV)	37
REFERÊNCIAS	41
CAPÍTULO 1 – DIVERGÊNCIA MORFOAGRONÔMICA E IDENTIFICAÇÃO BOTÂNICA DE ACESSOS DE MELÃO DO NORDESTE BRASILEIRO	
Introdução	50
Material e Métodos	52
Resultados e Discussão	57
Conclusões	67
REFERÊNCIAS	68
CAPÍTULO 2 - DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES DE MELÃO DA AGRICULTURA TRADICIONAL DO NORDESTE BRASILEIRO	
Introdução	73
Material e Métodos	75
Resultados e Discussão	78
Conclusões	88
REFERÊNCIAS	89
CAPÍTULO 3 - REAÇÃO DE SUBACESSOS DE MELÃO (<i>Cucumis melo</i> spp.) DA AGRICULTURA FAMILIAR AO AMARELÃO DO MELOEIRO	
Introdução	94
Material e Métodos	97
Resultados e Discussão	104

Conclusões	118
REFERÊNCIAS	119
CONSIDERAÇÕES FINAIS	122

INTRODUÇÃO GERAL

O melão (*Cucumis melo* L.) é uma olerácea pertencente à família Cucurbitaceae Juss. e ao gênero *Cucumis* L. (JEFFREY, 1990). É uma cultura onde acredita-se que o seu centro de origem seja as regiões tropicais e subtropicais da África e que a sua ocorrência em diferentes partes do mundo tenha sido influenciada pelo resultado de dispersão causada por animais e pela humanidade (MALLICK; MASSUI, 1986; BURGER et al., 2010). Nos tempos atuais existe uma grande discussão a respeito dessa questão do centro de origem do melão, pois segundo Burger et al. (2010) o meloeiro tem origem na África Tropical e a partir desse ponto ocorreu sua dispersão para a Ásia, Europa e outros continentes. Porém, segundo uma análise filogenética que foi realizada por Sebastian et al. (2010), a provável origem do melão é asiática.

No Brasil, a cultura é praticada em grande extensão, sendo a região Nordeste a que mais se destaca, com 95,90% da produção nacional, representando grande importância econômica para o país (IBGE, 2019). Apesar desse destaque nacional, que utiliza a tecnologia de cultivo com híbridos e cultivares de polinização aberta, produtos do melhoramento vegetal e, por conseguinte, são muito uniformes e apropriados para alcançar alta produtividade, é nos centros de cultivo da agricultura tradicional, onde a maior diversidade na espécie pode ser encontrada (QUEIRÓZ, 2004; MAIA; LIMA; LIMA, 2013; PRIORI et al., 2010).

Essa variabilidade é que fornece suporte para os programas de melhoramento genético, porém, o que tem sido observado nos últimos anos, é que muitas ações antrópicas e até fenômenos naturais podem levar a uma perda acentuada da diversidade genética por meio da erosão de genes, pelo fato de que em muitas situações, tem-se observado a substituição de variedades tradicionais por várias causas: valorização para a entrada de novas culturas, ocorrência do êxodo rural (CARVALHO; SILVA; MEDEIROS, 2009), além de secas prolongadas que ocorrem na região Nordeste do país, como aconteceu recentemente (2012 – 2018), e que impedem, muitas vezes, o estabelecimento das culturas, inclusive do melão.

Dessa forma, uma das ações que pode evitar o processo de erosão genética é a conservação da variabilidade dessa espécie, realizada em Bancos Ativos de Germoplasma (BAG), onde esses armazenam uma coleção de acessos utilizados para fins de pesquisa, conservação, caracterização, avaliação e uso, conservando, assim, fontes de alelos que poderão ser utilizadas futuramente nos programas de melhoramento genético (BARBIERE et al., 2005; CARVALHO; SILVA; MEDEIROS, 2009). Assim, com esse objetivo, foi estabelecido em 1985, o Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, localizado na Em-

brapa Semiárido, no município de Petrolina – PE, que contém acessos de populações tradicionais de cucurbitáceas, incluindo o melão, que podem gerar informações genéticas valiosas para a espécie de *C. melo*, auxiliando os programas de melhoramento para a cultura na identificação de genitores com potencial para enfrentar os estresses bióticos dessa cultura (QUEIROZ, 2011).

No Brasil, mesmo os estudos sendo escassos, pode-se citar alguns exemplos realizados com germoplasma da agricultura tradicional e que foi encontrado variabilidade entre os acessos estudados, como o trabalho de Neitzke et al. (2009) que utilizaram variedades crioulas de melão do Sul do Brasil; Torres Filho et al. (2009) que caracterizaram morfológicamente acessos da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, notadamente do Maranhão; de Dantas et al. (2012) que caracterizaram molecularmente acessos de melão coletados no Nordeste brasileiro; Aragão et al. (2013) que estudaram a diversidade genética entre acessos de meloeiro da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, complementando os dados apresentados por Torres Filho et al. (2009) com uma caracterização molecular. Porém, nesses estudos as amostras coletadas dos agricultores foram estudadas praticamente sem considerar a variação existente dentro das mesmas e, assim, observou-se apenas a variação entre acessos e, dessa forma, as variações ocorridas dentro das áreas dos agricultores tradicionais foi negligenciada.

Por essa razão, em estudos mais recentes que envolveram acessos de melão do BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, Amorim et al. (2016) e Macêdo et al. (2017), caracterizaram, morfológicamente, acessos coletados no Maranhão e nesses estudos foi feita uma documentação sistemática dos frutos dentro de cada acesso e estabeleceu-se o conceito de sub -acesso para caracterizar a variação dentro do mesmo, pois como relatado por Pitrat (2016), os frutos do melão tem grande importância para a diferenciação dos tipos, uma vez que apresentam grande polimorfismo. Porém, ainda assim, existiam acessos deste BAG que não haviam sido caracterizados dentro desse conceito e era necessária a realização desse trabalho, com o objetivo de conhecer a variabilidade existente entre e dentro, mas principalmente dentro dos acessos que foram coletados em áreas dos pequenos produtores dos estados da Bahia, do Piauí, e notadamente do Maranhão.

Um segundo aspecto a ser considerado é que a quase totalidade dos trabalhos de caracterização de melão que já foram realizados no Brasil se baseou em classificações botânicas como a de Munger e Robinson (1991), Robinson e Decker-Walters (1997), e na de Pitrat, Hanelt e Hammer (2000). Porém, existe uma classificação mais recente, a de Pitrat (2016), que deve ser utilizada nos trabalhos atuais, e que realizou uma nova sistematização botânica para o melão, por considerar a classificação anterior (PITRAT; HANELT; HAMMER, 2000) in-

consistente, uma vez que a pilosidade no ovário (JEFREY, 1980; KIRKBRIDE, 1993) pode apresentar variação dentro de um mesmo grupo, e propôs, a partir disso, uma nova classificação com 19 grupos botânicos, e subgrupos quando necessário, para representar as variações encontradas dentro dos grupos, além de sugerir que, provavelmente, não seja necessário manter a classificação intraespecífica de subespécies para o melão.

Há também uma grande necessidade de avaliar os acessos do BAG, ou melhor, os subacessos que foram identificados, quanto à resistência ou tolerância aos estresses bióticos que ocasionam certas doenças que afetam a espécie *C. melo*, pois como é sabido, os produtores de melão do Semiárido brasileiro enfrentam sérios problemas para o controle de pragas e doenças nessa cultura. Entre essas doenças, existe o “*amarelão do meloeiro*”, uma das principais doenças da espécie, causadas por vírus (*Melon yellowing-associated virus* – MYaV e *Cucurbit aphid-borne yellows virus* - CABYV), que geram uma forte coloração amarelada nas folhas, além de levar a suposição entre os produtores de que esta pode reduzir o teor de sólidos solúveis (°Brix) o que interfere na produção e comercialização dos frutos nos mercados interno e externo (NAGATA et al., 2003; ÁVILA; REIS, 2007; LIMA et al., 2008).

Dessa forma, o objetivo do presente trabalho foi estimar a variabilidade existente entre e dentro de acessos e subacessos de melão, nas gerações parental e S₁, pertencentes ao BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, notadamente, os acessos coletados no Maranhão, por meio de descritores morfoagronômicos, identificar os grupos botânicos existentes nessa amostra, além de examinar a reação das progênes S₁ ao estresse biótico “*amarelão do meloeiro*”.

REFERENCIAL TEÓRICO

1.0 TAXONOMIA, BIOLOGIA REPRODUTIVA E CLASSIFICAÇÃO BOTÂNICA

A família Cucurbitaceae, é amplamente distribuída nas regiões tropicais e temperadas do mundo, possuindo cerca de 1.000 espécies que estão distribuídas em 96 gêneros, onde muitas dessas são de grande importância econômica e servem como fontes de nutrição humana e animal, além de serem utilizadas em diversos estudos científicos (BATES; ROBINSON; JEFFREY, 1990; RENNER; SCHAEFER, 2016). Entre essas espécies, encontra-se *Cucumis melo*, conhecida popularmente como melão, que obedecendo à classificação de Jeffrey (1990) pertence à classe: Dicotyledoneae, subclasse: Dilleniidae, ordem: Cucurbitales, subordem: Violanae, família: Cucurbitaceae, tribo: Melothiriae, subtribo: Cucumerinae, gênero: *Cucumis* e subgênero: *melo*.

Essa espécie é altamente polimórfica, sendo considerada a mais variável dentro do gênero *Cucumis* (KARCHI, 2000; ARAGÃO et al., 2019). É uma planta considerada anual, herbácea, que se apresenta com caule de crescimento rasteiro ou prostrado, e apresenta extrema diversidade para características de planta e, principalmente, frutos que variam em tamanho, forma, cor externa, caracteres de aroma, teor de açúcar, acidez e cor da polpa (BURGER et al., 2010). Além disso, a espécie apresenta quatro tipos de expressão sexual: andromonoicas, ginomonoicas, monoica e hermafrodita, e suas flores surgem entre 25 e 30 dias após o processo de plantio, o que dependerá da variedade e das condições climáticas em que estas estão expostas (KIIL et al., 2015). Alguns autores classificam a planta como alógama, porém, existem evidências a partir do percentual de cruzamento da espécie que indicam que o meloeiro apresenta reprodução mista. Dessa forma, alguns frutos podem ser resultado da polinização cruzada e de autopolinização, e até mesmo de uma mistura desses dois tipos de polinização, o que configura a reprodução mista (CRISÓSTOMO; ARAGÃO, 2013).

A partir dessas variações dentro da espécie, Pitrat, Hanelt e Hammer (2000) afirmam que as tentativas de agrupamento para as cultivares de melão ocorrem desde a primeira metade do século XIX, e essa variação morfológica é o que torna a classificação de grande importância para separar os grupos botânicos, indicando a partir de cada agrupamento, a proximidade dos indivíduos daquele grupo em suas características morfológicas e genéticas existentes, além de poder ter um conhecimento específico de cada grupo (BURGER et al., 2010).

Entre as várias tentativas para a classificação do melão, a primeira foi a de Charles Naudin (NAUDIN, 1859ab) utilizando uma amostragem de 2000 espécimes, e que conseguiu separar a espécie de *C. melo* em 10 variedades, subdividindo a grande variação existente para esta. Todos os outros trabalhos posteriores para a classificação de melão foram baseados no trabalho pioneiro de Naudin (1959ab). Sendo assim, em continuidade ao estudo de classificação, Jeffrey (1980) detectou que a espécie *C. melo* compreendia duas subespécies, pois segundo ele, havia uma diferenciação em relação à pilosidade apresentada no ovário das plantas. Assim, foram formados dois grupos de subespécie, sendo *C. melo* ssp. *agrestis*, com tricomas curtos e adensados no ovário (Figura 1A), e *C. melo* ssp. *melo*, com tricomas longos e dispersos no ovário (Figura 1B), o que mais tarde foi confirmado por Kirkbride (1993).

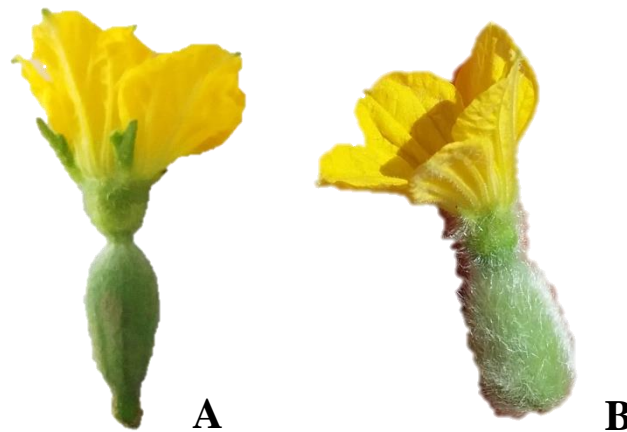


Figura 1. Flores femininas do melão indicando a diferença de pilosidade no ovário. **A.** Tricomas curtos no ovário. **B.** Tricomas longos no ovário. Fotos: BARBOSA, BLR.

Assim, dentre as diversas tentativas de classificação, muitas já foram realizadas, porém, destas, quatro possuem um grande destaque e são as mais atuais, em ordem cronológica: a primeira de Munger e Robinson (1991) que subdividiram *C. melo* em sete grupos botânicos, apresentando um deles como silvestre (var. *agrestis* Naudin) e os outros seis cultivados *cantalupensis* Naudin, *inodorus* H. Jacq., *flexuosus* (L.) Naudin, *conomom* (Roxb.) Duthie & Fuller, *dudaim* (L.) Naudin e *chito* (C. Morren) Naudin; a segunda de Robinson e Decker-Walters (1997) que descreveram seis grupos (*cantalupensis*, *inodorus*, *conomom*, *dudaim*, *flexuosus* e *momordica*); a terceira, de Pitrat, Hanelt e Hammer (2000) onde sistematizaram a espécie em cinco grupos botânicos para a subespécie *agrestis* (*conomon* Thunberg, *makuwa* Makino, *chinensis* Palango, *momordica* Roxburgh, *acidulus* Naudin) e 11 grupos para a subespécie *melo* (*cantalupensis* Naudin, *reticulatus* Seringe, *adana* Palango, *chandalak* Palango, *ameri*

Palango, *inodorus* Jacquin, *flexuosus* Linné, *chate* Hasselquist, *tibish* Mohamed, *dudaim* Linné e *chito* Morren).

A quarta e mais recente classificação é a de Pitrat (2016), onde foi realizada uma nova sistematização das variações existentes para o melão. Apesar disso, a sua classificação do ano 2000, ainda costuma ser a mais utilizada na literatura atual, como exemplo, Amorim et al. (2016) e Macêdo et al. (2017). Pitrat (2016) realizou e sugeriu algumas modificações na classificação intraespecífica de *C. melo*, o que a diferenciou das outras classificações já existentes. Segundo esse autor, as duas subespécies definidas pela pubescência do ovário (JEFFREY, 1980; KIRKBRIDE, 1993) nem sempre são relevantes, pois tipos diferentes são encontrados dentro dos vários grupos existentes. Sendo assim, Pitrat (2016) sugere que, provavelmente, não seja necessário manter a classificação intraespecífica de subespécies para o melão, sendo necessário usar, apenas, o nível de grupo e, em alguns casos, o nível de subgrupo. Assim, são sistematizados 19 grupos botânicos, sendo eles descritos a seguir:

- 1- **Grupo *agrestis*:** não são cultivados e podem ser encontrados na África, Ásia, da Turquia para o Japão e a Austrália. Monoicos, com pelos (tricomos) curtos ou longos dispersos sobre o ovário, frutos muito pequenos (20-50 g), redondos, ovais ou até mesmo possuem formato elíptico, sem sulcos, sem veias, superfície do fruto lisa, cor uniforme verde-claro ou com manchas ou faixas verde-escuras, pedúnculo deiscente ou não deiscente, exocarpo fino, polpa muito fina de cor verde-clara, três placentas brancas fundidas, sem cavidade, sem açúcar, sem aroma, presença de capa gelatinosa, sementes muito pequenas (0,4-0,9 g para massa de 100 sementes), vida longa de prateleira, folhas pequenas, diâmetro do caule pequeno e vários ramos.
- 2- **Grupo *kachri*:** grupo intermediário entre melões silvestres (Grupo *agrestis*) e tipos cultivados localmente pertencentes a diferentes grupos. É muito heterogêneo, e os frutos deste grupo podem ser colhidos ou são cultivados, por exemplo, em área semi desértica do Rajastão, na Índia, podendo ser tolerantes à seca. São monoicos, com pelos (tricomos) curtos ou longos dispersos sobre os ovários, frutos pequenos (100-200 g), podendo ser redondos, ovais ou elípticos, sem sulcos, com ou sem veias, não enrugados, às vezes possui levemente um rendilhamento verde-claro, coloração uniforme amarela ou creme ou com manchas verde-escuras ou listras laranjas, pedúnculo deiscente ou não deiscente, exocarpo fino, polpa verde claro (às vezes ligeiramente laranja), três placentas brancas fundidas, sem cavidade, sem açúcar, sem aroma, presença de capa gelatinosa ao redor das sementes pequenas (0,5 a 2,0 g para 100 sementes), vida longa de prateleira, folhas pequenas, diâmetro do caule pequeno e vários ramos.

- 3- **Grupo *chito*:** esse tipo silvestre está presente na América Central e nas Ilhas do Caribe. Monoicos, com pelos (tricomas) curtos no ovário, frutos de redondos a ovais muito pequenos (50-100 g), superfície lisa, sem sulcos, sem veias, sem rede, não enrugado, exocarpo de cor amarela e fino, pedúnculo deiscente, polpa fina de cor verde-clara, três placentas verde-claras fundidas, sem açúcar, sem aroma, capa gelatinosa em torno das sementes pequenas (0,4 a 0,7 g para 100 sementes), vida longa de prateleira.
- 4- **Grupo *tibish*:** Os frutos são colhidos antes da maturação e são ingeridos crus em salada, como o pepino. É cultivado e endêmico do Sudão. Andromonoicos, pelos (tricomas) curtos no ovário, frutos pequenos com forma elíptica ou piriforme, sem veias, sem sulcos, exocarpo do fruto liso (sem rendilhamento, não enrugado) de cor verde-claro com listras ou machas verdes escuras (ou o contrário: cor principal verde escuro com manchas ou listras verde-claras), pedúnculo não deiscente, exocarpo fino, polpa fina de cor verde clara, cinco placentas verdes claras fundidas, sem açúcar, sem aroma, sementes pequenas (1,7-3,0 g para 100 sementes) com capa gelatinosa e vida longa de prateleira.
- 5- **Grupo *acidulus*:** é cultivado principalmente na Índia e no Sri Lanka. Em alguns acessos pertencentes a esse grupo foram encontradas várias fontes de resistência a doenças e praga (vírus, oídio e *Aphis gossypii*). Monoicos, com pelos (tricomas) curtos no ovário, frutos pequenos com formas ovais ou elípticas, sem sulcos, sem veias, sem rendilhamento, superfície dos frutos não enrugada, lisa, cor do exocarpo amarelo, laranja ou ocre com listras, pedúnculo não-deiscente, exocarpo fino, polpa muito firme e branca, três placentas brancas fundidas, sem cavidade, sem açúcar, sem aroma, sementes pequenas (0,9 a 2,3 g para 100 sementes), presença de capa gelatinosa ao redor das sementes e vida longa de prateleira.
- 6- **Grupo *momordica*:** cultivados, principalmente, na Índia e no sudeste da Ásia. Alguns acessos que já foram estudados apresentaram fontes de resistência a muitas doenças e pragas (viroses, oídio, míldio e *A. gossypii*). Grupo bastante heterogêneo e talvez alguns subgrupos pudessem ser definidos. Monoicos, com pelos (tricomas) curtos e adensados no ovário, frutos com tamanho de pequeno a médio podendo ser ovais ou alongados, cor uniforme ou com manchas ou listras, superfície lisa, ausência de veias, não enrugados, sem rendilhamento, pedúnculo deiscente, exocarpo muito fino que pode ser facilmente descascado, os frutos racham na maturidade fisiológica, polpa verde-clara (às vezes branca ou ligeiramente alaranjada), três placentas de cor laranja ou

- branca, baixo teor de açúcar, polpa farinhenta, sem aroma, sementes de pequena a média com capa gelatinosa, maturação precoce com vida de prateleira muito curta.
- 7- **Grupo conomon:** cultivado no Extremo Oriente (China e Japão), os seus frutos são colhidos antes da maturação e consumidos crus ou em conserva, como pepinos. Andromonoicos, com pelos (tricomas) curtos no ovário, frutos ovais ou alongados, exocarpo de cor verde-claro ou branco (às vezes verde-escuro), superfície lisa, sem sulcos, com ou sem veias, sem rendilhamento, não enrugado, exocarpo fino, polpa verde-clara ou branca, sem açúcar, sem aroma, três placentas brancas ou laranjas, sementes pequenas (1,2-2,2 g para 100 sementes), longa vida de prateleira, folhas pequenas de cor verde-escuras, pelos (tricomas) duros nas hastes e pecíolos.
- 8- **Grupo makuwa:** cultivado no Extremo Oriente. Fontes de resistência a vírus, murcha de *Fusarium* sp. raças 1 e 2, e *A. gossypii*. Alguns acessos em diferentes subgrupos têm sementes marrons e caule vermelho. Andromonoicos (poucos acessos apresentam flores hermafroditas), pelos (tricomas) curtos no ovário, massa do fruto média com forma oval, não enrugado, sem rendilhamento, pedúnculo deiscente, polpa geralmente verde (às vezes branca ou laranja), às vezes cinco placentas, teor médio de açúcar, sementes pequenas (0,5-2,3 g para 100 sementes), maturação precoce, vida de prateleira curta, folhas pequenas cor verde-escuras, pelos (tricomas) rígidos nas hastes e pecíolos. De acordo com a cor do exocarpo, a presença ou ausência de veias e a forma de semente, o grupo *makuwa* pode ser dividido em seis subgrupos:
- a. **Subgrupo ogon:** caracterizado pela coloração amarela uniforme do exocarpo, ausência de veias e sulcos.
 - b. **Subgrupo nashi-uri:** os frutos possuem formas ovais, redondos ou piriformes. Possuem exocarpo uniforme com coloração branco-creme, sem veias e sulcos.
 - c. **Subgrupo yuki:** os frutos são ligeiramente sulcados com o exocarpo de cor amarela e veias de coloração branco-creme.
 - d. **Subgrupo kanro:** os frutos têm uma cor uniforme ou com manchas, veias verde-acinzentadas mais claras do que o exocarpo e são ligeiramente nervurados.
 - e. **Subgrupo ginmakuwa:** os frutos têm uma pele cinza/verde, com veias verdes mais escuras que o exocarpo, e são ligeiramente nervurados.
 - f. **Subgrupo seikan:** é caracterizado por possuir sementes pequenas amarelas, sendo mais ou menos redondas.
- 9- **Grupo chinensis:** é cultivado no Extremo Oriente. Várias resistências a doenças e pragas já foram descritas (víroses e *A. gossypii*). Andromonoicos, com pelos (trico-

mas) curtos no ovário, fruto com massa média, veias proeminentes de cor verde-clara (facetas), forma piriforme, sem rendilhamento, não enrugado, cor do exocarpo verde-claro com manchas verde-escuras, pedúnculo não deiscente, exocarpo fino, polpa verde-alaranjada, baixo teor de açúcar, baixo aroma, cinco placentas fundidas de cor laranja, sementes pequenas (0,8-1,7 g para 100 sementes) amarelas com forma arredondada, maturação tardia, vida longa de prateleira, folhas pequenas verde-escuras, pelos (tricomos) rígidos nas hastes e pecíolos.

- 10- **Grupo *flexuosus***: os frutos são colhidos antes da maturidade (cerca de 8 a 10 dias após a floração) e comidos crus em saladas ou em conservas. É cultivado em uma grande área do Marrocos até a Índia e também na costa norte do Mediterrâneo (Espanha, Itália e Grécia). Monoicos, com pelos (tricomos) longos (geralmente) ou curtos no ovário, ovário e fruto muito longos (até 2 m), com coloração uniforme do exocarpo, geralmente creme (às vezes laranja), às vezes com manchas ou listras, polpa verde-clara ou levemente alaranjada, sem açúcar, sem aroma, três placentas independentes de cor laranja ou verde-clara, sementes longas de cor marfim com uma capa gelatinosa, vida útil muito curta. Três tipos principais podem ser distinguidos dentro do grupo *flexuosus* de acordo com a superfície do fruto, que pode ser lisa, enrugada ou com sulcos.
- a. **Subgrupo *adjour***: frutos com sulcos; podem ter o exocarpo verde-claro ou verde-escuro com veias verde-claras, ou um exocarpo verde escuro.
 - b. **Subgrupo *tara***: exocarpo do fruto enrugado. Os frutos geralmente são mais longos e mais finos do que o subgrupo *adjour*.
 - c. **Subgrupo *arya***: o ovário tem pelos (tricomos) curtos adensados, e a superfície do fruto é lisa, sem nervuras e não é enrugado.
- 11- **Grupo *chate***: os frutos são colhidos cerca de 10 dias após a floração e consumidos crus como pepino. Alguns acessos produzem flores femininas muito cedo, e apresentam os primeiros internódios muito curtos resultando no fenótipo “ninho de pássaro”. Monoicos, com pelos (tricomos) longos no ovário, superfície do fruto cheia de pelos, fruto com massa média e formato de arredondado a oval, geralmente com veias e sulcos, não rendilhados, nem enrugados, sem verrugas, cor do exocarpo creme, pedúnculo deiscente, exocarpo fino, polpa com cor laranja clara (às vezes branca ou verde-clara) três placentas independentes de cor laranja (às vezes brancas), polpa macia e mole na maturidade, baixo teor de açúcar, sem aroma, sementes amarelas de tamanho médio, sem capa gelatinosa, maturação precoce e vida de prateleira curta.

- 12- **Grupo *dudaim***: são cultivados da Turquia ao Afeganistão, e do Norte para o Turcomenistão. Não são comestíveis, mas usados como fragrância em ambientes. Andromonoicos, com pelos (tricomos) longos no ovário, os frutos são redondos a ovais do tamanho de uma laranja, superfície lisa, sem sulcos, sem veias, sem rede, não enrugados, cor do exocarpo amarelo com manchas ou listras de cor laranja/ocre, pedúnculo deiscente, exocarpo fino, polpa fina de cor branca, cinco placentas fundidas brancas, sem açúcar, aroma muito forte no exocarpo, mas não na polpa, sementes com coloração marfim de tamanho médio envolvidas em uma bainha gelatinosa, e com vida de prateleira curta.
- 13- **Grupo *chandalak***: é cultivado principalmente da Ásia Central à Índia. Andromonoicos, com pelos (tricomos) compridos no ovário, fruto com formato redondo, com massa média, sem sulcos ou levemente nervurados, geralmente com veias presentes, rendilhamento presente ou ausente, não enrugado, sem verrugas, cor uniforme de creme para laranja/marrom ou com manchas, veias verdes (quando presentes), pedúnculo deiscente, exocarpo fino, geralmente a cor da polpa é verde (mas às vezes laranja ou branca), mesocarpo fino, textura de polpa fibrosa, três placentas laranjas ou brancas, teor médio de açúcar, baixo aroma, sementes grandes com capa gelatinosa, maturação precoce, vida de prateleira curta. De acordo com a presença/ausência de rendilhamento e das veias, quatro subgrupos podem ser definidos:
- a. **Subgrupo *zami***: os frutos têm um exocarpo liso e são levemente estriados, com veias. A cor do exocarpo pode ser creme e uniforme, ou com manchas laranjas/marrons.
 - b. **Subgrupo *tachmi***: o exocarpo do fruto é fortemente rendilhado, ligeiramente estriado, com veias verde-claras ou creme. Em alguns acessos, os primeiros internódios do tronco principal são curtos levando ao fenótipo "ninho de passarinho".
 - c. **Subgrupo *garma***: os frutos são lisos ou ligeiramente rendilhados e sem veias. A cor do exocarpo pode ser uniforme ou com manchas.
 - d. **Subgrupo *bucharici***: os frutos são maiores que os demais subgrupos, rendilhados, cor creme uniforme com veias verde-claras, ligeiramente nervurados. A polpa é laranja e de melhor qualidade (textura e teor de açúcar) do que os outros subgrupos.
- 14- **Grupo *indicus***: frutos de boa qualidade, cultivado na Índia central (Maharashtra, Telangana, Andhra Pradesh). Andromonoicos, fruto com massa média, possuindo

forma elíptica, veias verde-escuras, sem sulcos, tricomas longos e dispersos, de suave para ligeiramente rendilhado, não enrugado, exocarpo cinza/laranja/marrom/creme, pedúnculo deiscente, polpa laranja (raramente verde), três placentas separadas alaranjadas (raramente verdes), polpa espessa doce (elevado teor de açúcar - °Brix), succulenta e firme, sementes grandes com capa gelatinosa, vida de prateleira média.

15- **Grupo *ameri***: os melões desse grupo são cultivados principalmente na Ásia, da Turquia ao Oeste da China. Podem ser de excelente qualidade (muito doce, textura de polpa crocante, vida de prateleira longa). Andromonoicos, com pelos (tricomas) compridos no ovário, frutos de massa média a grande, fruto com formato oval ou cilíndrico, presença ou ausência de rendilhamento, não enrugado, sem verrugas, sem sulcos, pedúnculo deiscente, branco, cor da polpa verde-claro ou laranja-claro, três placentas separadas brancas ou laranjas, textura da polpa succulenta e às vezes crocante, alto teor de açúcar, sementes grandes de cor amarela sem capa gelatinosa, vida de prateleira média, folhas grandes, caules grossos. De acordo com a cor do exocarpo e a presença/ausência de veias, quatro subgrupos podem ser definidos:

- a. **Subgrupo *ananas***: o exocarpo do fruto é uniforme de cor laranja-claro ou com manchas de coloração creme, possui rendilhamento e sem veias.
- b. **Subgrupo *maculati***: os frutos têm uma cor do exocarpo verde claro/amarelo com manchas verde-escuras. São de ligeiramente a fortemente rendilhados e sem veias.
- c. **Subgrupo *bargi***: o exocarpo do fruto é uniforme de cor creme/amarelo ou com manchas verde-claras, de levemente a fortemente rendilhado e sem veias.
- d. **Subgrupo *mashhadi***: é caracterizado pela presença de veias verdes ou de coloração creme e o exocarpo é rendilhado.

16- **Grupo *cassaba***: é cultivado, principalmente, na Ásia Ocidental e na Central. Andromonoicos, com tricomas longos no ovário, frutos com peso de médio a grande e forma piriforme, ligeiramente enrugados, sem sulcos, sem veias, sem rendilhamento, pedúnculo não deiscente, epiderme grossa, polpa espessa verde-claro, muitas vezes com cinco placentas brancas, alto teor de açúcar, amadurecimento tardio, vida longa de prateleira, folhas grandes e hastes grossas. De acordo com a cor do exocarpo do fruto, três tipos podem ser definidos:

- a. **Subgrupo *kirkagac***: a cor do exocarpo é amarela com manchas verde-escuras e verrugas.

- b. **Subgrupo *hassanbey***: os frutos têm um exocarpo com cor uniforme verde-escura.
 - c. **Subgrupo *kuscular***: os frutos possuem um exocarpo com cor uniforme amarela, às vezes com manchas verdes no final do pedúnculo. Este subgrupo é menos enrugado do que os outros dois subgrupos.
- 17- **Grupo *ibericus***: é cultivado principalmente na Espanha, mas também é popular em áreas do Mediterrâneo, e da América do Norte e do Sul. Andromonoicos, com pelos (tricomatos) longos no ovário, frutos com massa média a grande com formato elíptico ou bolota (por vezes redondo), mais ou menos enrugado, sem sulcos, sem veias, sem rendilhamento ou com o pedúnculo um pouco marcado, não deiscente, exocarpo espesso, polpa succulenta verde-clara (às vezes laranja-claro), três placentas brancas ou laranjas, cavidade muitas vezes triangular, alto teor de açúcar, baixo aroma, sementes grandes amarelas sem capa gelatinosa, de maturação tardia, vida longa de prateleira, folhas grandes e caules grossos. De acordo com a cor do exocarpo cinco subgrupos podem ser definidos:
- a. **Subgrupo *pele de sapo***: a casca do fruto é verde com manchas amarelas e verde-escuras (verrugas). Os frutos são enrugados, às vezes ligeiramente rendilhados. Alguns acessos têm sementes com uma forma redonda.
 - b. **Subgrupo *amarillo***: os frutos têm um exocarpo amarelo de cor uniforme e são mais ou menos enrugados. Alguns acessos têm frutos redondos, por exemplo, "Bola de Oro".
 - c. **Subgrupo *tendral***: o exocarpo é uniforme de cor verde-escuro e profundamente enrugado. O subgrupo é caracterizado por uma vida de prateleira muito longa.
 - d. **Subgrupo *rochet***: o exocarpo é verde com manchas amarelas, ligeiramente enrugadas, e muitas vezes com rendilhamento.
 - e. **Subgrupo *branco***: o exocarpo do fruto é de cor uniforme branco-creme, enrugado. A cor da polpa é branca, verde-clara ou laranja clara.
- 18- **Grupo *inodorus***: esse grupo incluiu acessos com baixo aroma e longa vida de prateleira que não pertencem aos grupos *cassaba* ou *ibericus* como descrito acima. Andromonoicos, com pelos (tricomatos) longos no ovário, frutos com massa média e de forma arredondada, não enrugados, sem sulcos, sem veias, com ou sem rendilhamento, pedúnculo não deiscente, exocarpo espesso, polpa espessa de cor verde-clara, três pla-

centas brancas, alto teor de açúcar, sementes amarelas de tamanho médio sem capa gelatinosa, maturação tardia e vida longa de prateleira.

- a. **Subgrupo *honeydew***: a superfície do fruto é lisa, sem rendilhamento (às vezes ligeiramente rendilhado) e de cor uniforme branca. Muitas vezes há uma grande cavidade. A polpa é geralmente verde, mas alguns acessos possuem polpa laranja. Este tipo antigo do Mediterrâneo agora é cultivado, principalmente, na América do Norte e do Sul.
 - b. **Subgrupo *earl's***: o fruto imaturo é verde claro. Na maturidade, o exocarpo é fortemente rendilhado. A polpa é verde-amarelada e muito doce.
- 19- **Grupo *cantalupensis***: Geralmente são andromonoicos, com pelos (tricomas) longos no ovário, frutos com massa média, apresentando forma de redondo a ovalado, com veias, levemente rendilhados, não enrugados, podem ter verrugas, exocarpo com cor branca a verde-clara ou verde-escura, pedúnculo deiscente, polpa de cor laranja (às vezes verde), três placentas independentes de cor laranja (às vezes branca), textura de polpa lisa e succulenta, alto teor de açúcar, aroma forte, sementes amarelas de tamanho médio sem capa gelatinosa e vida de prateleira de curta a média.
- a. **Subgrupo *prescott***: este subgrupo é caracterizado, principalmente, por possuir sulcos muito profundos. Alguns acessos são monoicos. Os frutos são redondos ou achatados, com exocarpo de cor creme ou verde-escuro, às vezes rendilhado, com ou sem verrugas e a polpa é laranja.
 - b. **Subgrupo *saccharunus***: os frutos são de redondos a ovais, com um exocarpo verde ou amarelo/creme com manchas. São ligeiramente sulcados, com ou sem veias, com ou sem rendilhamento. A polpa, geralmente, é laranja ou às vezes verde.
 - c. **Subgrupo *charentais***: os frutos são redondos, lisos ou levemente rendilhados, sem verrugas, levemente sulcados, com veias de cor verde. A cor do exocarpo é uniforme, sendo de verde-clara a creme-amarelado. Tradicionalmente, este tipo tem uma vida útil curta. Os híbridos F₁ modernos são, geralmente, monoicos, mais rendilhados, com vida de prateleira mais longa e alguns deles têm uma polpa espessa de cor laranja. É cultivado, principalmente, na França.
 - d. **Subgrupo *ogen***: os frutos são redondos, ligeiramente rendilhados, com um exocarpo amarelo e manchas verdes, com veias cinzas/verdes e são levemente sulcados. A polpa é verde-clara e possui vida de prateleira curta. Foi desenvolvido inicialmente na Europa central e mais tarde em Israel.

- e. **Subgrupo *american western***: a característica mais típica é o rendilhamento muito forte que cobre as veias. Os frutos são redondos, ligeiramente sulcados, com uma cor de polpa laranja. Este tipo foi desenvolvido na parte ocidental dos Estados Unidos da América.
- f. **Subgrupo *american eastern***: os frutos têm uma forma de arredondada a oval, são mais ou menos sulcados, possuem rendilhamento muito forte, mas que não cobre as veias, a polpa é laranja. Foi desenvolvido na parte oriental dos EUA.

2.0 ORIGEM E DIVERSIDADE

Entre as várias questões fundamentais que estão relacionadas sobre a evolução das plantas cultivadas, encontra-se a determinação e o conhecimento da origem geográfica e da região de domesticação destas (SEBASTIAN et al. 2010), sendo considerado um ponto importante para o melhoramento genético, pois auxiliarão a detectar onde existe a maior diversidade, sendo nesses lugares que encontra-se grandes fontes de alelos que poderão ser extremamente importantes para o aperfeiçoamento das cultivares comerciais (CRISÓSTOMO; ARAGÃO, 2013).

Para *C. melo*, esse assunto ainda é motivo de muitas discussões entre os pesquisadores (ARAGÃO et al., 2019). Alguns autores acreditam que o centro de origem do melão sejam as regiões tropicais e subtropicais da África, tendo como justificativa o fato de que nessa localização muitas espécies do gênero *Cucumis* que não são cultivadas, são encontradas (MALLICK; MASSUI, 1986; AKASHI et al., 2002), e há quem afirme que este tem o seu centro de origem na região Leste da África Tropical, localizada ao sul do Saara (WHITAKER; BEMIS, 1976). Porém, estudo filogenético realizado por Sebastian et al. (2010), utilizando informações de sequências de ácido desoxirribonucleico (DNA) mitocondrial e nuclear de vários acessos da África, Austrália e Ásia, conseguiram apontar que a Ásia, especificamente a Índia é, provavelmente o centro de origem do meloeiro.

Pitrat (2013) afirmou que o melão é uma planta pertencente ao Velho Mundo, provavelmente cultivada há mais de 2.000 anos a.C., e dessa forma melões silvestres (não cultivados) podem ser encontrados na África e Ásia. A partir do centro de origem, o melão foi distribuído para outros lugares, como o oriente médio e Ásia Central, tendo o seu registro mais antigo de domesticação no Egito e Irã, durante o segundo e terceiro milênio a.C. (AKASHI et al., 2002). Mallick e Massui (1986) acreditam que a partir de vários eventos causados pelo

homem e animais ocorreu o processo de dispersão dessas plantas em diferentes partes do mundo, o que levou a ocorrência do melão em vários locais como, por exemplo, Índia, Arábia Saudita, Turquia, Irã, Austrália, China, Japão, entre outros, o que é complementado por Whittaker e Bemis (1976), que uma vez domesticado, o melão originou numerosas cultivares, especialmente na Índia, onde segundo esses autores pode ser considerado um centro secundário. Para alguns autores, ainda não existe uma conclusão definitiva sobre esse assunto (CRISÓSTOMO; ARAGÃO, 2013).

Em meio a todo esse processo de dispersão do melão, esta espécie chegou à Europa no declínio do Império Romano, e segundo McCreight et al. (2004), esta olerácea foi introduzida nas Américas por Colombo, onde foi utilizada pelos indígenas e logo se dispersou de forma rápida pelo continente. No Brasil, a introdução do melão pode ter sido de várias formas. Queiróz (2011) levantou a hipótese de que a introdução no Brasil pode ter ocorrido por diversos tipos de rotas, onde inclui a chegada dos escravos africanos, em toda costa brasileira e os imigrantes europeus, principalmente no Sul e Sudeste do país.

Levando em consideração o termo domesticação, pode-se considerar como um processo de exploração das plantas silvestres, onde representa uma codependência entre plantas e pessoas, sendo que as plantas domesticadas não podem se reproduzir ou sobreviver sem investimentos do trabalho humano (PICKERSGILL, 2007; GROSS; OLSEN, 2010), e além disso, o homem depende de plantas domesticadas para a sua alimentação (PITRAT, 2013). O melão foi domesticado, primeiro, por conta da composição nutricional da semente, e posteriormente houve seleção dos frutos, e durante este momento de domesticação, a espécie passou por um intenso processo de diversificação, onde produziu vários centros de diversidade, sendo os principais localizados na bacia do mar Mediterrâneo, envolvendo desde o sudeste europeu até a Turquia, na Ásia Central, com o Irã, Iraque e Uzbequistão, na Índia e na Ásia Oriental envolvendo a China, Japão e Coreia (ARAGÃO et al., 2019).

Após o processo de domesticação, atividades de melhoramento genético da cultura puderam ser realizadas com o intuito de aprimorar a qualidade da planta e do fruto, a exemplo da textura do sabor, da forma, entre outras características, o que resultou no desenvolvimento de cultivares que são mais atrativas comercialmente e adaptadas aos diferentes ambientes. Nesse contexto, as populações silvestres não podem ser consideradas ancestrais dos tipos cultivados, pois correspondem à evolução por seleção natural, enquanto as cultivadas são resultado da evolução sob a ação do homem ou seleção artificial, a partir de uma ancestralidade comum (PITRAT, 2013).

Pitrat (2013), ainda, fez um comparativo entre os melões silvestres e cultivados e informou que melões do tipo silvestres são caracterizados por possuírem folhas, flores e frutos pequenos (20 a 50 g), caules com um diâmetro pequeno, planta com numerosas ramificações, monoicos, forma oval, com sementes pequenas, enquanto que todos os melões cultivados possuem frutos maiores com diversos formatos, não amargos, com polpa mais espessa, sementes e folhas maiores que os melões silvestres, que, segundo ele, esses caracteres podem ser considerados como traços de domesticação.

3.0 IMPORTÂNCIA NUTRICIONAL E ECONÔMICA

O melão é uma fruta rica em vitaminas A, B, B₂, B₅, B₆ (conhecida como piridoxina, que induz a produção de serotonina, substância que causa a sensação de bem estar) e C, sais minerais, por exemplo, o potássio, sódio e fósforo e contém cerca de 83% de água em sua composição, apresentando valor energético consideravelmente baixo. O fruto maduro tem propriedades medicinais, sendo utilizado como calmante, laxante, refrescante, diurético e pode ser usado para tratar algumas doenças como prisão de ventre, reumatismo e obesidade, sendo consumido na forma *in natura* ou de suco (SENAR, 2007; COSTA, 2008; SALVIANO et al., 2017; ARAUJO; LIMA, 2019).

É um fruto grandemente apreciado tanto no mercado interno, nos supermercados e feiras livres, quanto no externo (PETRY; PETRY; GUIMARÃES, 2019). Dessa forma, a sua produção vem aumentando significativamente nos últimos anos. Os maiores produtores mundiais de melão são a China, o Irã, a Turquia, o Egito e a Índia, sendo o Brasil ocupante do 10º lugar (GUIMARÃES; ARAGÃO, 2019). No Brasil, a cultura é praticada em mais de 22 mil ha, possuindo uma produção de mais de 587 mil toneladas, sendo o Nordeste brasileiro ocupante de, um pouco mais de 20 mil ha, com representação de 95,90% da produção nacional (IBGE, 2019).

Segundo Maia et al. (2013) e Guimarães e Aragão (2019) as condições climáticas da região Nordeste do Brasil, como temperaturas elevadas, altos níveis de insolação e a precipitação reduzida na maior parte do ano, são os principais fatores que fazem da região um destaque nacional, pois o meloeiro possui excelente adaptação às condições edafoclimáticas da região, gerando um diferencial na qualidade dos frutos, além de se ter ciclos reduzidos o que favorece a existência de várias safras por ano. Os estados do Nordeste brasileiro que mais se destacam na produção de melão são o Rio Grande do Norte com cerca de 356 mil t (63,31%)

e Ceará com mais de 68 mil t (12,22%), seguidos pela Bahia com aproximadamente 56 mil t, (10,09%), Pernambuco com mais de 54 mil t (9,67%) e Piauí com cerca 23 mil t (4,19%) (IBGE, 2019), sendo o tipo Amarelo o mais produzido, onde inclui diversas cultivares e híbridos (Tropical, AF-682, Gold Mine, AF-646, Vereda, Goldex e Jangada). Há outros tipos de melão como o Pele de Sapo, Gália, Charentais, Orange e Cantaloupe com certa tendência de aumento da demanda produtiva, e todos com oportunidade de expansão do mercado externo, principalmente o europeu (SALVIANO et al., 2017; ARAUJO; LIMA, 2019).

No âmbito econômico, Maia, Lima e Lima (2013) ressaltaram a extrema importância de analisar as formas de atividade comercial voltada para a produção do melão na região Nordeste, onde segundo os autores, apresentam diferentes perfis. É possível identificar um primeiro perfil que é voltado para a existência de grandes e médias empresas que são as responsáveis por grande parte da produção e da exportação nacional e que utilizam a tecnologia de cultivo, por exemplo, cultivares de polinização livre e híbridos F₁, que passaram pelo melhoramento vegetal e que são uniformes e apropriados para alcançar alta produtividade; um segundo perfil, não menos importante, que envolve os pequenos produtores, autônomos ou associações e cooperativas, que utilizam gerações segregantes de safras anteriores, gerando, assim, a produção baixa e com frutos que não têm qualidade comercial exigida para exportação, mas que ainda é recebido pelo mercado nacional; e um terceiro perfil é formado por agricultores familiares que cultivam quase que exclusivamente para consumo próprio, ou no máximo, visam a venda em casa ou em feiras livres locais, e são definidos por apresentarem materiais com alta variabilidade entre os tipos que são manipulados por esse grupo de produtores (MAIA; LIMA; LIMA, 2013). Porém, é nessa agricultura tradicional, que de fato existe uma grande variabilidade genética, apresentando vários alelos úteis, e que devem ser conservados a longo prazo para, posteriormente, serem utilizados em programas de melhoramento no Brasil, visando uma melhor qualidade para os produtos comercializados inter e externamente (QUEIRÓZ, 2004).

4.0 BANCO DE GERMOPLASMA DE CUCURBITÁCEAS DO NORDESTE BRASILEIRO

Nos pequenos estabelecimentos rurais, os agricultores utilizam as próprias sementes para os novos plantios, e esse germoplasma é composto por populações de plantas locais, conhecidas também como variedades crioulas, com grande adaptação ao ambiente da região em que estão inseridas, e que se constituem como repositório da diversidade genética (QUEI-

RÓZ, 1993; ALTIERI, 2004; NEITZKE et al., 2009). As variedades crioulas de cucurbitáceas cultivadas no Brasil representam um patrimônio genético e cultural bem amplo, mas infelizmente ainda não é muito explorado (BARBIERE et al., 2006). Essas variedades que são cultivadas pelos agricultores do Nordeste brasileiro, possuem um grande destaque por expressar imensa variação de tipos de frutos, de ciclo, e resistência/tolerância aos principais estresses bióticos (SILVA, 2010), e além disso, esse tipo de variedade serviu e serve como base para o estabelecimento dos Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) do país (QUEIRÓZ, 2004).

Com isso, sabendo da rica variedade genética que esses agricultores possuem, a iniciativa de coleta e armazenamento deste germoplasma, em BAGs, evita um grande problema denominado como erosão genética, que é definida por Wouw et al. (2009) e Brown (2008), como o fator que ocasiona uma redução na diversidade genética devido, principalmente, à substituição de variedades crioulas por cultivares modernas. Neste ponto, trazendo a questão da erosão genética para a Região do Nordeste brasileiro, além do fator já citado pelos autores, pode-se incluir as grandes estiagens prolongadas no Semiárido e o êxodo rural (QUEIROZ, 1993). Dessa forma, é necessário ficar em alerta para as consequências que o desaparecimento dessas variedades tradicionais pode trazer para o futuro do melhoramento de plantas, e o quanto é crucial o estabelecimento de bancos que conservem esses recursos genéticos vegetais (WOUW et al., 2009).

O BAG é definido como uma coleção de amostras de germoplasma, que representa a variação genética de uma população, um reservatório de alelos, que é composto por amostras de parentes silvestres de uma espécie, cultivares locais (*landraces*), linhagens melhoradas e até as cultivares atuais, com o objetivo de conservar e preservar a diversidade genética dos vários acessos que o compõem, além de fornecer materiais que poderão ser utilizados em atividades de pesquisas nacionais e internacionais (QUEROL, 1993; CARVALHO; ARAÚJO; SILVA, 2008). O termo germoplasma é formado por duas raízes, onde, do ponto de vista etimológico *germo* (origem latina) significa “princípio rudimentar de um novo ser orgânico”; e *plasma* (origem grega), “formação”, o que é definido como a matéria onde se encontra um princípio que pode crescer e se desenvolver, além de compreender todo o material hereditário de uma espécie, constituindo a base física da herança, que é transmitida de uma geração para outra (TORRES FILHO, 2008).

Muitas das variedades locais encontradas dentro da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro foram coletadas e estão armazenados no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, localizado na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa Semiárido, no município de Petrolina – PE, estabelecido em 1985

(QUEIROZ, 2011), e que conta com 2.700 acessos de cucurbitáceas coletados em diversas áreas, principalmente as de cultivo tradicional em vários municípios dos estados da Bahia, Rio Grande do Norte, Pernambuco, Piauí, Paraíba, Sergipe, Minas Gerais, Maranhão, Ceará, Rio Grande do Sul, Rondônia, além de possuir acessos oriundos de outros países, como Estados Unidos, Portugal, Espanha, entre outros (SILVA et al., 2010, DIAS et al., 2013).

A espécie *C. melo*, conta com mais de 150 acessos (SILVA et al., 2010; DIAS et al., 2013), onde o Maranhão e a Bahia são os estados de maior representatividade, possuindo cerca de 96 e 39 acessos, respectivamente (SANTOS, 2011). Entretanto, mesmo com um número reduzido de acessos, têm representantes dos estados de Pernambuco, Piauí, Rio Grande do Norte e Sergipe, e outros países, como Espanha e México.

A partir dos acessos de cucurbitáceas pertencentes a este BAG, alguns estudos de caracterização e avaliação já foram realizados e foi comprovada a grande variabilidade para os acessos pertencentes à agricultura tradicional, além de indicar uma grande quantidade de caracteres de grande importância para o melhoramento genético de cucurbitáceas. Entre os trabalhos já realizados podem ser citados como exemplos os estudos de identificação de fontes de resistência em melancia a *Didymella bryoniae* (cancro das hastes) (DIAS et al., 1996); de oídio em melancia e cuja fonte de resistência é monogênica e dominante (BORGES, 1996); do alto teor de carotenóides em abóbora (MOURA, 2003), do estudo de fontes de resistência a três vírus do gênero *Potyvirus* (PRSV-W, WMV e ZYMV) (SILVEIRA, 2008; BARBOSA et al., 2017); de fonte de resistência em melancia a *Alternaria cucumerina* (LIMA NETO, 2009); fonte de resistência ao oídio em melão (SANTOS, 2011); de estudos utilizando marcadores morfológicos e moleculares em melancia e abóbora (ROMÃO, 1995; FERREIRA, 1996; RAMOS, 2003; SILVA, 2010); além dos trabalhos recentes (SANTOS, 2015; AMORIM, 2016) onde estudaram a variação entre e dentro dos acessos de melão, por meio de caracterização morfológica, para a identificação botânica de acessos pertencente a esta espécie, e que inferiram grande variação nas características de fruto.

Todos esses estudos realizados com germoplasma pertencentes à agricultura tradicional da região Nordeste do Brasil são uma busca de reconhecer e valorizar todo o trabalho que vem sendo realizado durante anos pelos agricultores tradicionais. Toda a diversidade genética encontrada dentro desses locais de coleta expressa uma imensa riqueza que foi mantida através de conhecimentos acumulados durante gerações, e mostram a criatividade para a manutenção dos recursos genéticos. Além disso, a partir desses trabalhos muitos caracteres foram revelados com os estudos de caracterização e avaliação, o que amplia o conhecimento científico da espécie de *C. melo*, e amplia a base de dados para os programas de melhoramento ge-

nético, facilitando o desenvolvimento de novas cultivares que atendam às necessidades de produtores e consumidores (QUEIRÓZ, 1993; ALTIERI, 2004; PRIORI, et al., 2010; MARCHETTI, 2012).

5.0 CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO DE GERMOPLASMA

Há muito tempo a humanidade busca entender e explicar a questão da variabilidade existente entre os seres vivos e de que forma a sua diversidade pode ser mensurada. Neste sentido, os pesquisadores utilizam marcadores (morfológicos ou moleculares) para compreender a diversidade e estrutura existente entre os materiais analisados (ZUCCHI; CAVALLARI; SIQUEIRA, 2011). Segundo Judd et al. (2009), diferentes tipos de estudos podem confirmar padrões de variação em plantas (especialmente morfológicos, ecológicos, fenológicos e genéticos), porém os estudos baseados em caracteres morfológicos são os mais utilizados para definir se indivíduos de uma determinada espécie/subespécie de planta são morfológicamente mais semelhantes entre si do que os indivíduos de outra espécie/subespécie. Com isso, as atividades de caracterização e avaliação do germoplasma que envolvem dados morfológicos são de grande importância, pois é a partir dessas informações geradas que os materiais pertencentes aos bancos de germoplasma irão se tornar úteis para os programas de melhoramento vegetal.

Assim, após todo o processo de coleta dos recursos genéticos vegetais (germoplasma), esses devem ser inseridos em um BAG, tendo como ponto de partida todo o processo de atividades de documentação (dados de passaporte), e logo em seguida, devem ser realizadas as etapas de caracterização, avaliação, conservação e uso (ARAGÃO et al., 2019). Para Valls (1988), o germoplasma do BAG deve ser devidamente caracterizado e avaliado, pelo curador, e dessa forma, deve-se passar por cinco etapas: correta identificação botânica; elaboração e cadastro de acessos por espécie; caracterização propriamente dita; avaliação preliminar e avaliação complementar, as quais irão contribuir profundamente para o conhecimento dos acessos disponíveis, além de evitar duplicações destes.

O processo de caracterização dos acessos envolve a mensuração de caracteres qualitativos, que são controlados por um ou poucos alelos, e que possuem pouca ou nenhuma interferência do ambiente, onde se pode constituir de atividade morfológica, reprodutiva, fenológica, bioquímica, citogenética e molecular. Já o processo de avaliação dos acessos envolve características de níveis quantitativos, em que a herança genética é representada por poucos ou muitos genes, e possui influência ambiental. Dessa forma, a caracterização agrônômica é constituída pela caracterização e avaliação do germoplasma, pois visa analisar caracteres qua-

litativos da planta e fruto, e caracteres quantitativos como tamanho e formato de fruto, produtividade, doenças e reações a pragas (RAMOS et al. 2007; ARAGÃO et al. 2019).

É interessante ressaltar que a caracterização e a avaliação sempre terão o objetivo de mensurar as características (quantitativas e qualitativas) que possuem interesse para os melhoristas, sendo uma das principais razões para estabelecimento e manutenção dos bancos de germoplasma. Dessa forma, quando se faz uma descrição e avaliação correta dos acessos do BAG, onde indicam as características de importância para os programas de melhoramento da espécie, se expressa o potencial desses acessos, além de auxiliar na correta utilização destes recursos genéticos (RAMOS et al., 2007).

Com isso, para que sejam realizados esses estudos de caracterização de germoplasma a partir dos caracteres morfológicos, é necessária a existência de uma sistematização de descritores que compreendam os caracteres botânicos da espécie de interesse. O desenvolvimento de listas de descritores ajuda na caracterização e avaliação, facilitando o melhor uso do germoplasma. Sendo assim, o Instituto Internacional de Recursos Genéticos Vegetais (IPGRI, 2003), hoje Bioversity International (2007), possui uma lista com descritores específicos para a análise e caracterização do meloeiro, na qual facilita o estudo específico de caracterização, como foi utilizado em trabalhos com acessos de melão pertencentes à agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, como o de Torres Filho et al. (2009), de Aragão et al. (2013), de Amorim et al. (2016), de Macêdo et al. (2017) e de Andrade et al. (2019).

6.0 DOENÇAS NO MELOEIRO

Além da caracterização morfológica e molecular que podem ser realizadas com os acessos provenientes da agricultura tradicional, há a necessidade de avaliar esse germoplasma quanto à resistência ou tolerância aos estresses bióticos e abióticos. Dentro do melhoramento genético muitas características de interesse agrônomo, como frutos com um maior teor de sólidos solúveis, plantas com maior produtividade, são visadas para que se obtenha sucesso em determinada espécie com a qual se trabalha; além das características citadas, os melhoristas visam o desenvolvimento de cultivares que sejam tolerantes aos estresses abióticos (seca, baixa fertilidade dos solos, encharcamento) e, também, aos estresses bióticos como resistência a pragas e doenças (MACHADO, 2014).

A cultura do melão é acometida por vários tipos de doenças que são causadas por bactérias, fungos, nematoides e que, na maioria das vezes diminui a produtividade desta. Porém, entre as inúmeras doenças que o meloeiro e as cucurbitáceas no geral, podem apresentar, as

viroses estão entre as principais e mais importantes, pois são consideradas altamente destrutivas (LIMA et al., 2009). No Brasil, esse tipo de doença está entre os principais problemas fitossanitários que acometem espécies da família Cucurbitaceae, onde esses patógenos podem infectar as plantas em qualquer estágio de desenvolvimento, ocasionando uma redução na qualidade dos frutos, além de uma perda drástica na produção. Infelizmente, o controle de muitas dessas doenças ainda não é tão satisfatório para inibir a ação do patógeno, e dessa forma, faz-se necessário ter conhecimento dessas patologias que afetam as cucurbitáceas para que possa entender a biologia do patógeno, e até as perdas econômicas que são causadas por estes (SILVA; SCHURT; ALVES, 2019).

Para o Brasil, já foi relatada uma lista destacando os vírus que ocorrem nas cucurbitáceas, e estes apresentam diversos tipos de sintomas que variam desde mosaicos foliares, nanismo, deformações das folhas e frutos, amarelecimento das folhas, o que podem ocasionar a morte da planta. Entre os principais vírus ocorrentes para o meloeiro, podem ser citados o *Watermelon mosaic virus* (WMV), *Papaya ringspot virus – type watermelon* (PRSV-w), *Cucumber mosaic virus* (CMV), *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV), *Zucchini lethal chlorosis virus* (ZLCV) e o *Squash mosaic virus* (SqMV) (ÁVILA; REIS, 2007; LIMA et al., 2009; LIMA et al., 2012).

6.1 Vírus do Amarelão do Meloeiro (MYaV E CABYV)

Novas doenças vêm sendo descobertas constantemente, e além das citadas acima, existe uma que é causada especificamente no meloeiro, e é classificada atualmente como a principal doença desta cultura. Denominada como “*amarelão do meloeiro*”, essa moléstia surgiu no final da década de 1990, especificamente no ano de 1999, concomitantemente à introdução da mosca branca *Bemisia tabaci* (Genn.) *Middle East Asia Minor 1* (MEAM1 ou antigo biótipo B) no país, e foi descoberta em plantações da Região do Nordeste brasileiro. A doença recebeu esse nome após os produtores perceberem grande incidência do principal sintoma nas plantações de melão, o amarelecimento das folhas (Figura 2). De uma forma mais detalhada, os sintomas da doença se manifestam tardiamente, em geral, entre 25-30 dias após o plantio, onde as folhas mais velhas, as basais, começam a apresentar uma forte coloração amarela e as intermediárias frequentemente apresentam um mosaico com pontuações cloróticas e clareamento das nervuras, e as folhas dos ponteiros das ramas podem permanecer sem sintomas, o que levou, inicialmente, muitos produtores e pesquisadores, na época, a acreditarem que poderia ser algo relacionado a um distúrbio nutricional (NAGATA et al., 2003; NAGATA et al., 2005; LIMA et al. 2008; LIMA et al., 2009).



Figura 2. Plantas de meloeiro com sintomas do “Amarelão do meloeiro”. Fotos: BARBOSA, BLR.

Porém, a partir de estudo mais detalhado, utilizando microscopia eletrônica em folhas de meloeiro com sintomas da doença (coloração amarela intensa nas folhas) e caracterização parcial do genoma do vírus, foi possível detectar que o “*amarelão do meloeiro*” era causado por um vírus, que a partir dos isolados analisados foi detectado como o principal agente causal da doença, sendo ele o *Melon yellowing-associated virus* – MYaV, que é formado por partículas alongadas flexuosas, o que o torna bem similar às outras espécies do gênero *Carlavirus*. Assim, o vírus foi classificado no gênero *Carlavirus*, da família *Betaflexiviridae* (NAGATA et al., 2003; NAGATA et al., 2005; 2010).

Em relação à etiologia do vírus, sempre foi afirmado que necessitaria de mais estudos para elucidar várias questões, principalmente a confirmação de que essa doença é causada apenas por um agente (o MYaV), ou se existia/existem outros. Dessa forma, Costa et al. (2019) apresentaram em seu trabalho dados relacionados a um estudo de caracterização dos vírus potenciais candidatos a agente causador do “*amarelão do meloeiro*”. Esses autores, conseguiram realizar com a tecnologia de Sequenciamento de Nova Geração (NGS) o sequenciamento completo do genoma do MYaV, além de caracterizar molecularmente e filogeneticamente isolados de *Cucurbit aphid-borne yellows virus* (CABYV), constatando que além do agente causal já declarado para a doença do amarelão do meloeiro, o MYaV, existe mais um pertencente ao complexo, o CABYV, membro da família *Luteoviridae*, gênero *Polerovirus*. Com isso, esse trabalho conseguiu relatar a primeira ocorrência do CABYV em meloeiros no Brasil, especificamente na Região Nordeste, além de indicá-lo como um dos agentes causais

da doença mais ocorrida nesta cultura (COSTA et al., 2017; COSTA, 2018; COSTA et al., 2019; COSTA et al., 2020).

Desde os primeiros estudos experimentais realizados, ficou evidente que o vírus do MYaV é transmitido para as plantas do meloeiro através da mosca-branca, o que também foi comprovado por Costa (2018) e Costa et al. (2020) para o CABYV, onde a pesquisa relatou o primeiro polerovírus que é transmitido por mosca-branca, comprovado através de ensaio-piloto de transmissão, e em seguida, definitivamente confirmado pelo ensaio de transmissão em condições controladas. Dessa forma, os dois agentes causais da doença para o “*amarelão do meloeiro*”, MYaV e CABYV, são exemplos de vírus que são transmitidos por mosca-branca, enquanto a maioria das outras espécies pertencentes aos gêneros *Carlavirus* e *Polerovirus* é transmitida por afídeo. A transmissão por inoculação mecânica ainda não foi comprovada, porém, pode-se afirmar que a sua identificação em plantas infectadas pode ser feita por meio de enxertia, teste sorológico e estudos moleculares (NAGATA et al., 2003; NAGATA et al. 2005; ÁVILA; REIS, 2007; LIMA et al. 2008; LIMA et al., 2012; COSTA 2018; SILVA; SCHURT; ALVES, 2019).

É necessário que haja uma correta identificação das espécies de vírus que ocorrem nas plantas, além de verificar quais os seus sintomas para que sejam definidas as estratégias de controle. A análise de sintomatologia em campo é utilizada para a detecção das doenças ocorrentes em cucurbitáceas, porém pode ser considerada insuficiente para diagnosticar as espécies e estirpes, pelo fato de que a maioria dos vírus possuem sintomas semelhantes, além de poder encontrar no campo infecções mistas de vírus. Sendo assim, para que seja realizada uma diagnose mais correta e precisa de cada espécie de vírus, além de análise sintomatológica, é indicada a utilização de análises laboratoriais. Com isso, vários métodos laboratoriais têm sido desenvolvidos e adaptados para a identificação de vírus em plantas, mas a sorologia, com o teste de ELISA (*enzyme-linked immunosorbent assay*) é um dos métodos mais específicos e fáceis para se obter um diagnóstico rápido e preciso. Além disso, o uso de técnica molecular está aumentando, e através da RT-PCR (*reverse-transcriptase polymerase chain reaction*) tem sido facilitada a identificação dos vírus presentes nas plantas infectadas (ÁVILA; REIS, 2007; LIMA et al., 2012).

O “*amarelão do meloeiro*” causa uma grande preocupação por parte dos produtores da cultura do melão na Região do Nordeste, pois suas plantações são altamente atingidas por essa doença, por conta das condições climáticas apresentadas, quente e seco, que favorecem o surgimento de altas populações do vetor mosca-branca (INOUE-NAGATA; LIMA; GILBERTSON, 2016). Ainda, fazem-se necessários mais estudos para responder vários questionamen-

tos, principalmente no que diz respeito à qualidade dos frutos produzidos a partir de plantas infectadas com a doença. Segundo informações de produtores da cultura, as plantas atingidas pela virose continuam apresentando o mesmo número de frutos, além de permanecerem com o mesmo tamanho, porém, o teor de açúcar, característica que expressa qualidade, pode ser reduzido drasticamente, o que interfere na comercialização nos mercados interno e externo, gerando grande impacto na produção do melão (NAGATA et al., 2003; ÁVILA; REIS, 2007; LIMA et al., 2008).

As medidas que devem ser tomadas para o controle da doença em campo ainda são consideradas difíceis, e bastante complexas para produções em larga escala. Muitos autores sugerem que deve ser realizada a eliminação dos restos culturais, o que permite a redução da população do vetor transmissor dos vírus e, dessa forma, a redução da ocorrência da virose, em novos plantios de meloeiro. Além disso, é sugerido que ocorra uma proteção das mudas nos estádios iniciais com a técnica do TNT (Tecido não tecido) o que retarda a infecção das mudas, a utilização de plantas armadilhas, a realização da cobertura do solo e barreiras vegetais, além do uso racional de defensivos agrícolas para combater o transmissor, que ainda não é considerada tão eficiente, pois existe a necessidade de aplicar o defensivo específico para cada estágio correto em que o vetor se encontra (ovos, ninfas e adultos), além da necessidade de ter o conhecimento da dosagem correta a ser aplicada, para evitar o favorecimento de seleção e multiplicação de indivíduos resistentes, além de gerar danos ao meio ambiente. Em resumo, o mais eficiente seria a utilização de genótipos que apresentem resistência aos vírus (LIMA et al., 2008; INOUE-NAGATA; LIMA; GILBERTSON, 2016; SILVA et al., 2019).

REFERÊNCIAS

- AKASHI, Y. et al. Genetic variation and phylogenetic relationships in East and South Asian melons, *Cucumis melo* L., based on the analysis of five isozymes. **Euphytica**, v. 125, p. 385–396, 2002.
- ALTIERI, M. **Agroecologia: a dinâmica produtiva da agricultura sustentável**. 4.ed., Porto Alegre: UFRGS, 2004. 117p.
- AMORIM, C. C de. **Caracterização em acessos de melão do Banco Ativo de Germoplasma de cucurbitáceas para o nordeste brasileiro**. 2016. 64p. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais). Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana - BA, 2016.
- AMORIM, C. C. de et al. Morphological diversity and identification of accessions of melon. **African Journal of Agricultural Research**, v.11, n.38, p. 3622-3632, 2016.
- ANDRADE, I. S. et al. Morphoagronomic genetic diversity of Brazilian melon accessions based on fruit traits. **Scientia Horticulturae**, v. 243, p. 514-523, 2019.
- ARAGÃO, F. A. S. et al. Genetic divergence among accessions of melon from traditional agriculture of the Brazilian Northeast. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, n.4, p. 6356-6371, 2013.
- ARAGÃO, F. A. S. et al. Descrição e Classificação Botânica do Meloeiro. In: GUIMARÃES, M. de A.; ARAGÃO, F. A. S. de. (Eds.). **Produção de Melão**. Viçosa: UFV, 2019. p. 51-62.
- ARAÚJO, J. L. P.; LIMA, J. R. F.de. A Cultura. In: NICK, C.; BORÉM, A. (Eds.). **Melão do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2019. p. 9-19.
- ÁVILA, A. C. de; REIS, A. **Doenças do meloeiro (*Cucumis melo*) causadas por vírus**. Circular Técnica 54. Embrapa Hortaliças. Brasília, DF, 2007.
- BARBIERI, R. L. et al. **Conservação ex situ de recursos genéticos vegetais na Embrapa Clima Temperado**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado (Documentos, 143), 27p., 2005.
- BARBIERI, R. L. et al. **Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas da Embrapa Clima Temperado: período de 2002 a 2006**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado (Documentos, 176), 30p. 2006.
- BARBOSA et al. Fontes de acessos de *Cucurbita* spp. a espécies de vírus do gênero *Potyvirus*. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 4, p. 725-731, 2017.
- BATES, D. M.; ROBINSON, R. W.; JEFFREY, C. **Biology and Utilization of the Cucurbitaceae**. Cornell University Press. New York. 1990. Disponível em: <<https://books.google.com.br/books?hl=pt-BR&lr=&id=Ku2YDwAAQBAJ&oi=fnd&pg=PP1&dq=cucurbitaceae&ots=PeSkZ7ttYo&sig=hGyxABYGp1W0ugJ7Sig2h-cISWg#v=onepage&q=cucurbitaceae&f=false>> Acesso em: 15 de maio de 2019.
- BIOVERSITY INTERNATIONAL. Guidelines for the development of crop descriptor lists. Bioversity Technical Bulletin Series. **Bioversity International**, Rome, Italy, 2007. 72p.

- BORGES, R. M. E. **Estudo da herança da resistência ao oídio *Sphaerotheca fuliginea* (Schelecht. ex Fr.) Poll em melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf.** 1996. 46f. Dissertação (Mestrado em Genética) – Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Pernambuco, 1996.
- BROWN, A. H. D. **Indicators of Genetic Diversity, Genetic Erosion and Genetic Vulnerability for Plant Genetic Resources for Food and Agriculture.** Honorary Research Fellow, CSIRO Plant Industry, Canberra, ACT 2601, Australia and Honorary Research Fellow, Bioversity International, Rome, Italy, 2008. 26p.
- BURGER, Y. et al. Genetic Diversity of Cucumis melo. **Horticultural Reviews**, v. 36 p.165-198, 2010.
- CARVALHO, J. M. F. C; ARAÚJO, S. de S.; SILVA, M. A. da. **Preservação e Intercâmbio de Germoplasma.** Campina Grande: Embrapa Algodão (Documentos, 196), 24p., 2008.
- CARVALHO, J. M. F. C.; SILVA, M. M. de A.; MEDEIROS, M. J. L. e. **Perda e Conservação dos Recursos Genéticos Vegetais.** Campina Grande: Embrapa Algodão (Documentos, 221), 19p., 2009.
- COSTA, N. D. **A cultura do melão.** Embrapa Semi-Árido; 2. Ed. Versão Ampliada- Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. p 18-20.
- COSTA, T. M. **Caracterização do carlavírus *Melon yellowing-associated virus* e do polerovírus *Cucurbit aphid-borne yellows virus* em meloeiro.** 2018. 120p. (Dissertação em Ftopatologia). Universidade de Brasília, Brasília - DF, 2018.
- COSTA, T. M. et al. Complete genome sequence of melon yellowing-associated vírus from melon plants with the severe yellowing disease in Brazil. **Archives of Virology**, v. 162, p. 3899–3901, 2017.
- COSTA, T. M. et al. Cucurbit aphid-borne yellows virus from melon plants in Brazil is an interspecific recombinant. **Archives of Virology**, v. 164, p. 249–254, 2019.
- COSTA, T. M. et al. The recombinant isolate of cucurbit aphid-borne yellows virus from Brazil is a polerovirus transmitted by whiteflies. **Plant Pathology**, v. 69, p. 1042-1050, 2020.
- CRISÓSTOMO, J. R.; ARAGÃO, F. A. S. Melhoramento genético do meloeiro. In: VIDAL NETO, F. das C.; CAVALCANTI, J. J. V. (Ed.). Melhoramento genético de plantas no Nordeste. Brasília, DF: Embrapa, p. 209-245, 2013.
- DANTAS, A. C. de A. et al. Caracterização molecular de acessos de melão coletados no Nordeste Brasileiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 34, n. 1, p. 183-189, 2012.
- DIAS, R. C. S.; QUEIRÓZ, M. A.; MENEZES, M. Identificação de fontes de resistência em melancia a *Didymella bryoniae*. **Horticultura Brasileira**, v. 14, n. 1, p. 15-18, 1996.
- DIAS, R. C. S. et al. Banco ativo de germoplasma de cucurbitáceas para o nordeste brasileiro. **Magistra**, Cruz das Almas – BA, v. 25, I RGVNE, p. 68-69, 2013.

- FERREIRA, M. A. J. F. **Análise dialélica em melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf.** 1996. 83p. (Dissertação de Mestrado) UNESP-FCAVJ, Jaboticabal – SP, 1996.
- GROSS, B. L.; OLSEN, K. M. Genetic perspectives on crop domestication. **Trends Plant Science**, v. 15, p. 529–537, 2010.
- GUIMARÃES, M. de A.; ARAGÃO, F. A. S. de. **Produção de Melão.** Guimarães, M. de A.; ARAGÃO, F. A. S. de. (Eds.) Viçosa: UFV, 424 p., 2019.
- INOUE-NAGATA, A. K. ; LIMA, M. F. ; GILBERTOSN, R. L. A review of geminivirus (begomovirus) diseases in vegetables and other crops in Brazil: current status and approaches for management. **Horticultura Brasileira**, v. 34, p. 8-18, 2016.
- IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção agrícola municipal.** 2019. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457#resultado>>. Acesso em: 27 out. 2020.
- IPGRI - INTERNATIONAL PLANT GENETIC RESOURCES INSTITUTE. **Descriptors for melon (*Cucumis melo*L.).** Rome: International Plant Genetic Resources Institute, 2003. 65 p.
- JEFFREY, C. Further notes on Cucurbitaceae: V. The Cucurbitaceae of the Indian subcontinent. **Kew Bull**, v. 34, p. 789–809, 1980.
- JEFFREY, C. Systematics of the Cucurbitaceae: an overview. In: BATES, D.M.; ROBINSON, R. W.; JEFFREY C. (Eds.), **Biology and Utilization of the Cucurbitaceae**, Cornell University Press, Ithaca, NY., 1990. p. 449–463.
- JUDD, W. S. et al. **Sistemática Vegetal: um enfoque filogenético.** 3 ed. Porto Alegre: Artmed, 2009. 632 p.
- KARCHI, Z. Development of melon culture and breeding in Israel. In: Meeting on cucurbit genetics and breeding – Eucarpia, **Acta Horticulture**, v. 510, p. 13-17, 2000.
- KIRKBRIDE, J. H. Jr. **Biosystematic monograph of the genus *Cucumis* (Cucurbitaceae).** Parkway Publishers, Boone, North Carolina, 1993.
- LIMA, M. F. et al. **O ‘Amarelão’ do Melão: incidência e epidemiologia em áreas produtivas da região Nordeste.** Circular Técnica 58. Embrapa Hortaliças. Brasília, DF, 2008.
- LIMA M. F. et al. Detecção por sorologia do Melon yellowing associated virus (MYaV) em áreas produtoras de melão no Nordeste brasileiro. **Horticultura Brasileira**, v. 27, n. 4, p. 478-483, 2009.
- LIMA, J. A. A. et al. **Viruses infecting melon and watermelon in Northeastern Brazil.** Virus Reviews and Research – Sociedade Brasileira de Virologia, 2012.
- LIMA NETO, I. S. **Interação genótipo x ambiente na reação de progênies de melancia à alternariose no Submédio São Francisco.** 2009. 73p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia). Universidade Federal do Semiárido, Mossoró - RN, 2009.
- MACÊDO, S. de S. et al. Botanical identification and genetic diversity in melos from Family farming in the state of Maranhão. **Revista Caatinga**, v.30, n.3, p. 602-613, 2017.

MACHADO, A. T. Construção histórica do melhoramento genético de plantas: de convencional ao participativo. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 9, n. 1, p. 35-50, 2014.

MAIA, L. K. R.; LIMA, R. E. M.; LIMA, J. S. Importância do meloeiro e aspectos relacionados à resistência a *Rhizoctonia solani*. **Enciclopédia Biosfera**, Centro Científico Conhecer, Goiânia, v.9, n. 17, p. 1609, 2013.

MALLICK, M.F.R.; MASUI, M. Origin, distribution and taxonomy of melons. **Scientia Horticulture**, v. 28, p. 251–261, 1986.

MARCHETTI, F. F. Agricultura tradicional e a manutenção da agrobiodiversidade em comunidades rurais do município de Santo Antonio do Leverger – MT. 2012. 99f. (Dissertação em Ciências Biológicas - Biologia Vegetal). Universidade Estadual Paulista “Julio de Mesquita Filho”, São Paulo - SP, 2012.

McCREIGHT, J. D. et al. Isozyme variation in Indian and Chinese melon (*Cucumis melo* L.) germplasm collections. **Journal of the American Society for Horticulture Science**, v. 129, p. 811-818, 2004.

MOURA, M. C. C. L. **Identificação de fontes de resistência ao potyvirus ZYMV e diversidade genética e ecogeográfica em acessos de abóbora**. 2003. 86p. (Doutorado em Fitotecnia), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2003.

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

NAGATA, T. et al. Isolation of a novel carlavirus from melon in Brazil. **Plant Pathology**. v. 52, p. 797, 2003.

NAGATA, T. et al. A novel melon flexivirus transmitted by whitefly. **Archives of Virology**, v. 150, p. 379–387, 2005.

NAGATA, T. et al. Analysis of the triple gene block sequence in an important melon pathogen, Melon yellowing-associated virus. **Journal of General Plant Pathology**, v. 76, p. 268–272, 2010.

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

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

NEITZKE, R. S. et al. Caracterização morfológica e dissimilaridade genética entre variedades crioulas de melão. **Horticultura Brasileira**, v. 27, p. 534-538, 2009.

PETRY, J. F.; PETRY, R.; GUIMARÃES, M.de A. Panorama econômico do melão no mundo e no Brasil. In: Guimarães, M. de A.; ARAGÃO, F. A. S. de. (Eds.). **Produção de Melão**. Viçosa: UFV, 2019, p. 13-21.

PICKERSGILL, B. Domestication of Plants in the Americas: Insights from Mendelian and Molecular Genetics. **Annals of Botany**, v. 100, p. 925–940, 2007.

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

PITRAT, M. Phenotypic diversity in wild and cultivated melons (*Cucumis melo*). **Plant Biotechnology**, v. 30, p. 273–278, 2013.

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

PRIORI, D. et al. **Acervo do Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas da Embrapa Clima Temperado – 2002 a 2010**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2010.

QUEIROZ, M. A. Potencial do Germoplasma de Cucurbitáceas no Nordeste Brasileiro. **Horticultura Brasileira**, v.11, n.1. p.7-9, 1993.

QUEIRÓZ, M. A. Germplasm of Cucurbitaceae in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, p. 377-383, 2004.

QUEIRÓZ, M. A. Germoplasma de Cucurbitáceas no Brasil. In: 51 Congresso Brasileiro de Olericultura, 2011, Viçosa. **Anais.Viçosa: UFV, Horticultura Brasileira**, 2011, v. 29, n. 2, p. 5946-5954.

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

RAMOS S. R. R. **Divergência genética baseada em marcadores moleculares AFLP e indicação de coleção nuclear de *Cucurbita moschata* para o Nordeste do Brasil**. 2003. 102p. (Tese de Doutorado). Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2003.

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

RENNER, S. S.; SCHAEFER, H. Phylogeny and Evolution of the Cucurbitaceae. R. Grumet et al. (Eds.) **Genetics and Genomics of Cucurbitaceae**, Plant Genetics and Genomics: Crops and Models. 2016.

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

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

SALVIANO, A. M. et al. **A cultura do melão**. Costa, N. D. (Ed.). Ed. 3, Brasília, DF : Embrapa, 2017.

SANTOS, S. S. **Diversidade genética entre e dentro de acessos de melão da agricultura tradicional do Estado do Maranhão**. 2015. 55p. Dissertação (Mestrado em Horticultura Irrigada). Universidade do Estado da Bahia, Juazeiro – BA, 2015.

SANTOS, A.S. **Reação de acessos de melão do BAG de cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro ao oídio**. 2011. 45p. Dissertação (Mestrado em Horticultura Irrigada) - Universidade do Estado da Bahia – DTCS, Juazeiro – BA. 2011.

SEBASTIAN, P. et al. Cucumber (*Cucumis sativus*) and melon (*C. melo*) have numerous wild relatives in Asia and Australia, and the sister species of melon is from Australia. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 107, p. 14269–14273, 2010.

SENAR – SERVIÇO NACIONAL DE APRENDIZAGEM RURAL. **Cultivo de melão: manejo, colheita, pós-colheita e comercialização**. Coleção Senar - 131. Brasília, DF, 2007.

SILVA, M. L. **Avaliação molecular da variabilidade genética do banco ativo de germoplasma de melancia do Nordeste brasileiro**. 2010. 161p. Tese (Doutorado em Genética). Universidade Federal de Pernambuco, Recife – PE, 2010.

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

SILVA, C. de F. B. da; SCHURT, D. A.; ALVES, H. N. da S. Principais doenças da cultura do meloeiro. In: Guimarães, M. de A.; ARAGÃO, F. A. S. de. (eds.) **Produção de Melão**. Ed. UFV, Viçosa – MG. 424 p., 2019.

SILVEIRA, L. M. **Levantamento sorológico de vírus em cucurbitáceas na região do Submédio São Francisco e determinação de fontes e herança de resistência em melancia a espécies de potyvírus**. 2008. 129p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido. Mossoró – RN, 2008.

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

TORRES FILHO, J. et al. Caracterização morfológica de acessos de meloeiro coletados no nordeste brasileiro. **Revista Caatinga**, v. 22, n. 3, p.174-181, 2009.

VALLS, J. F. M. **Caracterização morfológica, reprodutiva e bioquímica de germoplasma vegetal**. In: Encontro sobre recursos genéticos, 1988, Jaboticabal. **Anais...Jaboticabal**: FCAV/UNESP, 1988. p.106-128.

WHITAKER, T. W.; BEMIS, W. P. Cucurbits. In: SIMMONDS, N, W (Ed.). **Evolution of crops plants**. Logman, London, p. 64-69, 1976.

WOUW, M. van de et al. Genetic erosion in crops: concept, research results and challenges. **Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization**, v. 8, n. 1, p. 1–15, 2009.

ZUCCHI, M. I.; CAVALLARI, M. M; SIQUEIRA, M. V. B. M. A importância do conhecimento sobre a diversidade e estrutura genética de populações e sua utilidade para a conservação e manejo de espécies vegetais. **Pesquisa & Tecnologia**, vol. 8, n.2, 2011.

Capítulo 1

**DIVERGÊNCIA MORFOAGRONÔMICA E IDENTIFICAÇÃO BOTÂNICA DE
ACESSOS DE MELÃO DO NORDESTE BRASILEIRO**

DIVERGÊNCIA MORFOAGRONÔMICA E IDENTIFICAÇÃO BOTÂNICA DE ACESSOS DE MELÃO DO NORDESTE BRASILEIRO

RESUMO

O cultivo do melão (*Cucumis melo* L.) no Semiárido brasileiro é realizado por pequenos, médios e grandes empreendimentos agrícolas que visam os mercados externo e interno. Contudo, existe também cultivo na agricultura tradicional, onde os agricultores usam as próprias sementes e constituem germoplasma de grande importância para o melhoramento genético do melão. Amostras foram coletadas e estão armazenadas no Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas para o Nordeste Brasileiro. Porém, na maioria dos estudos anteriores os acessos foram estudados na forma que foram coletados dos agricultores. Assim, este trabalho objetivou estudar subacessos e suas respectivas progênies endogâmicas para aprofundar o conhecimento da variabilidade genética entre e dentro dos acessos, e, dessa forma, identificar os grupos botânicos existentes nessa amostra. Foram conduzidos dois experimentos em blocos casualizados completos, com três repetições, usando 11 descritores quantitativos e oito qualitativos. O primeiro utilizou sementes de 17 acessos provenientes de polinização livre e, no segundo, sementes de progênies S_1 . A partir dos dados morfológicos comparou-se as gerações e observou-se que dos 17 acessos estudados deram origem a 24 subacessos, constatando variabilidade entre e dentro dos acessos e subacessos. O dendrograma feito a partir do método UPGMA constatou a variabilidade existente, e usando a mais nova classificação dos tipos de melões foram identificados os grupos *makuwa* subgrupo *nashi-uri*, *momordica* e *cantalupensis* subgrupo *prescott*. Existe introgressão de alelos entre diferentes grupos botânicos, e alguns subacessos não foram identificados quanto ao seu grupo por apresentar variações em suas características morfológicas, podendo até indicar a presença de novos grupos botânicos.

Palavras-Chave: *Cucumis melo* L., taxonomia, fenotipagem, genética.

MORPHOAGRONOMIC DIVERGENCE AND BOTANICAL IDENTIFICATION OF MELON ACCESSIONS FROM THE BRAZILIAN NORTHEASTERN

ABSTRACT

The melon crop (*Cucumis melo* L.) in the Brazilian Semiarid is practiced by great, medium and small farmers producing for external and internal markets. However, there are also family farming in which the farmers use their own seeds and select germplasm of great importance for melon genetic improvement. Seed samples were collected and are stored in the Active Cucurbit Germplasm Bank (BAG) for Northeastern Brazil. However, in almost all research done previously the accessions were used as they were collected from the farmers. Thus, this work aimed to study melon sub-accessions and their endogamic progenies in order to study the genetic variability among and within the accessions, and, thus, to identify the existing botanical groups in this sample. Two experiments were carried out in a complete randomized block, with three replications, using 11 quantitative and eight qualitative descriptors. In the first trial it was used 17 accessions (open pollinated plants), and in the second, it was used seeds from S₁ progenies. The two generations were compared using the morphological data. It was observed that the 17 accessions studied initially, gave rise to 24 sub-accessions, inferring variability among and within the accessions. The dendrogram using UPGMA cluster indicating the existence of variability. Using the more recent melon classification the group *makuwa* subgroup *nashi-uri*, *momordica* and *cantalupensis* subgroup *prescott* were identified. It was verified the existence of introgression of alleles among different botanical groups, and some sub-accessions were not identified as to their group because of their variations in their morphological characteristics, which, in fact, can indicate the presence of new botanical groups.

Keywords: *Cucumis melo* L., taxonomy, phenotyping, genetics.

INTRODUÇÃO

O melão (*Cucumis melo* L.) é uma olerácea pertencente à família Cucurbitaceae e ao gênero *Cucumis* (BURGER et al., 2010), e é uma cultura muito antiga que possui grande importância econômica para o mundo (GUIMARÃES; ARAGÃO, 2019). No Brasil, a região Nordeste representa 95,9% da produção (IBGE, 2019), sendo o melão do tipo amarelo o mais produzido na agricultura empresarial, com cultivares e híbridos que já passaram pelo processo de melhoramento genético (SALVIANO et al., 2017) e apresentam homogeneidade e elevadas produtividades.

Entretanto, existem as cucurbitáceas que têm sido cultivadas durante várias gerações por agricultores familiares da região Nordeste do Brasil, onde essas apresentam grande variabilidade, pois passaram por vários processos de seleção natural e artificial ao longo do tempo (QUEIRÓZ; BARBIERI; SILVA, 2015), podendo ser encontradas em alguns estados, notadamente na agricultura tradicional do estado do Maranhão, onde amostras de melão foram coletadas e armazenadas no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, que contém cerca de 150 acessos e são portadores de alelos de grande importância para o melhoramento genético (SILVA et al., 2010).

Mesmo a região Nordeste possuindo grande riqueza de variabilidade genética para o melão, os estudos com acessos pertencentes à agricultura tradicional, de forma aprofundada, ainda são escassos, e necessitam, prioritariamente, de ações de identificação taxonômica, caracterização/avaliação e conservação. Entre os poucos trabalhos realizados com amostras desse germoplasma, existem os de Torres Filho et al. (2009) e Aragão et al. (2013), que realizaram caracterizações morfológica e molecular, e foi possível detectar que, de fato, existe variabilidade entre os acessos estudados. Contudo, esses trabalhos, deixaram de estimar a variação dentro dos acessos e, usaram uma classificação do melão que estabeleceram apenas sete e seis grupos botânicos, respectivamente, para o melão e a classificação foi baseada em apenas uma geração.

Posteriormente, Amorim et al. (2016) e Macêdo et al. (2017) estudaram duas gerações sequenciais de uma amostra de acessos do BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro e estabeleceram o conceito de subacessos para designar a variação dentro dos acessos e, utilizaram a classificação de Pitrat, Hanelt e Hammer (2000) que consideram a espécie *C. melo* composta por duas subespécies (*ssp. agrestis* e *ssp. melo*) e variedades botânicas. Amorim et al. (2016) estudaram 15 acessos os quais se desdobraram em 26 subacessos, e Macêdo et al. (2017) também estudaram 15 acessos e esses foram subdivididos em 25 subacessos, onde nos

dois trabalhos foi possível detectar as duas subespécies, de acordo com a classificação utilizada, com as respectivas variedades botânicas *momordica*, *conomon* e *makuwa* (*agrestis*) e *chandalak*, *cantalupensis* (*melo*).

Recentemente, Pitrat (2016) realizou uma nova sistematização botânica para o melão, por considerar a classificação anterior inconsistente (PITRAT; HANELT; HAMMER, 2000), uma vez que a pilosidade no ovário pode apresentar variação dentro de um mesmo grupo, e propôs, assim, uma nova classificação com 19 grupos botânicos, e subgrupos quando necessário, para representar as variações encontradas dentro dos grupos.

Dessa forma, seguindo a nova classificação do melão, o objetivo deste trabalho foi definir os grupos e subgrupos botânicos, identificar os possíveis subacessos e quantificar a variabilidade morfoagronômica entre e dentro dos subacessos, a partir do estudo de duas gerações sequenciais de uma amostra representativa de germoplasma conservada no BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro.

MATERIAL E MÉTODOS

Para a realização do trabalho foram utilizados 17 acessos de meloeiro da agricultura tradicional dos estados do Piauí (um acesso), Bahia (três acessos) e Maranhão (13 acessos), coletados entre os anos de 1991 a 1998 (Tabela 1), que se encontravam armazenados no BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, localizado na Embrapa Semiárido, em Petrolina-PE, em câmara fria a 10 °C e 40% de umidade relativa.

Foram realizados dois experimentos, durante os anos de 2018 e 2019, conduzidos em área do Campo Experimental e Laboratório de Biologia Molecular, ambos pertencentes ao Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais da Universidade do Estado da Bahia (DTCS/UNEB), localizada no município de Juazeiro-BA, Brasil, situada a 09° 25' 04,92271" S 40° 29' 04,73710" W, com uma altitude de 351,89 metros.

Tabela 1. Dados de passaporte dos acessos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro utilizados no estudo.

Acesso	Município/Estado	Coordenadas da sede do município	Ano de coleta
BGMEL 20	Nova Iorque/ MA	06°37'49"S 43°57'38"O	1991
BGMEL 22	Pastos Bons/ MA	06°35'59"S 44°04'21"O	1991
BGMEL 23	Ibipeba/ BA	11°38'29"S 42°00'45"O	1991
BGMEL 27	Jacobina/ BA	11°11'08"S 40°32'10"O	1992
BGMEL 28	Jacobina/ BA	11°11'08"S 40°32'10"O	1992
BGMEL 30	Altos/ PI	05°02'24"S 42°27'41"O	1992
BGMEL 42	São Luiz Gonzaga do Maranhão/ MA	04°22'51"S 44°22'51"O	1995
BGMEL 71	Brejo/ MA	03°41'07"S 42°45'04"O	1996
BGMEL 74	Barra do Corda/ MA	05°30'21"S 45°14'06"O	1997
BGMEL 104	Coroatá/ MA	04°07'31"S 44°07'49"O	1997
BGMEL 113	Arari/ MA	03°27'38"S 44°46'56"O	1996
BGMEL 114	Arari/ MA	03°27'38"S 44°46'56"O	1996
BGMEL 116	São Vicente Ferrer – Distrito Santa Rosa/ MA	02°53'44"S 44°52'53"O	1998
BGMEL 117	São Vicente Ferrer – Distrito Santa Rosa/ MA	02°53'44"S 44°52'53"O	1998
BGMEL 156	MA	*	*
T5COD5	MA	*	*
T6COD98	MA	*	*

*Sem informação do município e da data de coleta.

O primeiro experimento foi iniciado em abril de 2018 utilizando sementes dos acessos provenientes de polinização livre, e o segundo em janeiro de 2019, onde utilizou-se sementes provenientes da geração S_1 (progênies endogâmicas). Foram semeadas 20 sementes de cada acesso em bandejas de polietileno preenchidas com substrato comercial *Plantmax*® em casa de vegetação coberta com sombrite de 50% de luminosidade, sendo irrigadas duas vezes ao dia (Figura 1A).

Após 20 dias da semeadura, as mudas foram transplantadas para a área de Campo Experimental cujo solo foi previamente preparado com aração, gradagem, sulcamento e a adubação foi realizada baseando-se na análise de solo e nas recomendações da cultura do meloeiro para o Nordeste brasileiro. Para os dois experimentos, o delineamento utilizado foi em blocos casualizados completos com três repetições e cinco plantas por parcela, num espaçamento de 2,5 m entre fileiras e 0,8 m entre plantas, mantidas sob irrigação por superfície do tipo sulcos de infiltração no primeiro experimento e o método de irrigação do tipo localizada utilizando a irrigação por gotejamento no segundo (Figuras 1B, 1C e 1D). A condução dos experimentos foi realizada adotando os tratos culturais e fitossanitários recomendados para a cultura do meloeiro na região.

Para obtenção das gerações parental e S_1 , em média, nove plantas de cada acesso passaram pelo processo de autofecundação (Figura 2), que teve início após o surgimento das flores masculinas e femininas, onde um botão floral feminino e três botões florais masculinos de cada planta foram protegidos, utilizando copos descartáveis de 200 mL e suporte de palito de churrasco, sendo realizadas as polinizações após 24 horas (Figura 2).

Os frutos autofecundados foram colhidos entre 30 e 45 dias após a autofecundação e foram caracterizados baseando-se em 11 descritores quantitativos e oito qualitativos (Tabela 2), sendo quatro binários e quatro multicategóricos, adotando-se a lista de descritores do IPGRI (2003).



Figura 1. **A.** Semeio dos acessos em bandeja. **B.** Germinação dos acessos trabalhados. **C.** Preparo da área para a realização do transplântio com irrigação por sulco. **D.** Área preparada com irrigação por gotejamento. Fotos: BARBOSA, BLR.

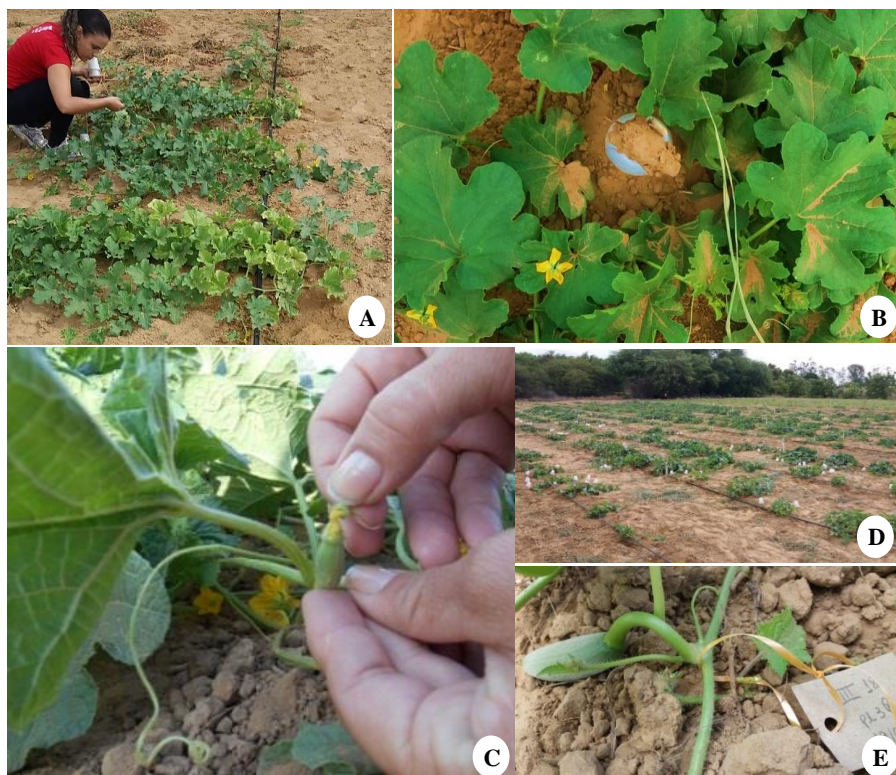


Figura 2. **A.** Processo de isolamento das flores masculinas e femininas. **B.** Flor protegida com copo descartável para impedir a entrada de visitantes florais. **C.** Flor feminina recebendo o pólen; **D.** Plantas com flores isoladas para a realização da polinização. **E.** Flor feminina já polinizada, etiquetada e com copo para proteção já retirado após 48h. Fotos: **A, B, D e E:** BARBOSA, BLRB; **C:** AMORIM, CC.

Tabela 2. Descritores quantitativos e qualitativos e métodos de análise utilizados na caracterização morfológica dos frutos pertencentes aos acessos de *C. melo* do BAG de cucurbitáceas para o Nordeste Brasileiro nas duas gerações estudadas (parental e S₁).

Descritores quantitativos	Método de análise
Massa do Fruto (MF)	Balança digital (kg)
Espessura da polpa do lado direito (EPD)	Régua (cm)
Espessura da polpa do lado esquerdo (EPE)	Régua (cm)
Espessura da polpa da parte superior (EPS)	Régua (cm)
Espessura da polpa da parte inferior (EPI)	Régua (cm)
Comprimento da cavidade do fruto (CCF)	Régua (cm)
Diâmetro da cavidade do fruto (DCF)	Régua (cm)
Comprimento do fruto (CF)	Régua (cm)
Diâmetro do fruto (DF)	Régua (cm)
Sólidos solúveis na lateral do fruto (SSL)	Refratômetro (°Brix)
Sólidos Solúveis homogeneizados (SSH)	Refratômetro (°Brix)
Descritores qualitativos	Método de análise
Formato	Globular, achatado, elíptico, piriforme, oval, alongado, bolota e má formação
Cor da epiderme	Amarelo, amarelo-intenso, alaranjada, verde-claro, verde-escuro, amarelo-esverdeado, creme
Grau dos gomos	Ausente, superficial, médio e profundo
Rachadura na epiderme	Ausente ou presente
Cor da polpa do fruto	Branca, creme, alaranjada, esverdeada
Desprendimento do pedúnculo	Ausente ou presente
Pilosidade no ovário e em frutos jovens	Tricomas curtos ou longos
Expressão sexual	Monoica ou andromonoica

Seguindo a mesma metodologia utilizada por Amorim et al. (2016) e Macêdo et al. (2017), foi feita uma análise dos frutos de cada acesso entre as duas gerações para verificar se ocorreu segregação entre as gerações parental e S₁, e quando ocorreu, em cada acesso foi criado um novo código adicional ao já estabelecido no BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro para representar essa variação, e dessa forma, esses variantes foram designados de sub-acessos.

Quanto às análises estatísticas, inicialmente os dados quantitativos foram submetidos à estatística descritiva, e posteriormente foi aplicada a análise multivariada baseada nos descritores quantitativos e qualitativos. Para isso, foi gerada uma matriz de dissimilaridade entre os

acessos e subacessos para cada tipo de dado, onde os quantitativos foram obtidos através da distância de Mahalanobis, e os qualitativos utilizando o índice de acordo com Cruz (2013):

$$\sqrt{\frac{1}{v} \sum (b + c) / (a + b + c + d)}$$

Posteriormente essas matrizes foram somadas, formando uma matriz soma. Para a união das matrizes de distância e dissimilaridade inicialmente realizou-se a padronização dos valores d e D^2 obtendo-se $(D^2)'$ e d' seguida da simples soma. A partir da matriz soma de dissimilaridade foi obtida a análise de agrupamento, utilizando o método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), e o ponto de corte foi baseado no método de Mojena (1977). Com o objetivo de validar os agrupamentos gerados pelo método UPGMA, foi estimado o coeficiente de correlação cofenético (CCC) (SOKAL; ROLF, 1962) a partir do coeficiente de correlação de Pearson entre a matriz de distância e a matriz cofenética (matriz de distância entre os genótipos) (CRUZ; CARNEIRO, 2003). Todos esses procedimentos foram realizados utilizando os *softwares* Genes (CRUZ, 2013) e R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2019).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir dos dados fenotípicos de flor e de fruto obtidos nas duas gerações do presente estudo (parental e S_1), e utilizando a classificação de Pitrat (2016) foi possível reclassificar os 17 acessos inicialmente caracterizados em 24 subacessos (Tabela 3). Essa classificação é inovadora, pois difere das classificações anteriores idealizadas por Pitrat, Hanelt e Hammer (2000), que têm como base as subespécies e variedades e utilizam como fator de diferenciação o descritor pilosidade do ovário das flores e frutos novos. Porém, essa diferenciação não é consistente, pois é comum encontrar dentro de um mesmo grupo botânico, ovários das flores com tricomas curtos e longos, ou até intermediários (PITRAT, 2016) como visto nos grupos *momordica* e *makuwa* subgrupo *nashi-uri*, que de acordo com a classificação apresentam tricomas curtos no ovário, mas foi observada aqui a presença de tricomas longos (BGMEL22.0, 28.1, 42.1, 74.1, 114.0, 156.0) (Tabela 3). Com isso, constata-se que esse caráter não deve ser utilizado como um fator classificatório no estudo de identificação dos grupos botânicos.

Tabela 3. Caracterização morfológica nas gerações parental (P) e S_1 com a identificação e classificação dos subacessos no seu respectivo grupo botânico (GB) e subgrupo (SG), exibindo a expressão sexual (ES), pilosidade do ovário (PO), cor da epiderme (CE), grau dos gomos (GG), rachadura da epiderme (RE), cor da polpa (CP) e desprendimento do pedúnculo (DP).

Acesso	GB/SG	G	ES	PO	CE	GG	RE	CP	DP
BGMEL20.0	<i>momordica</i>	P	M	C	1	0	1	1	0 1
		S_1	M	C	1 2	0	1	1 2 3	0 1
BGMEL22.0	<i>makuwa/nashi-uri</i>	P	A M	C L	4	0	0	2	1
		S_1	A M	C L	4	0	0	1 2	1
BGMEL23.0	ND	P	M	C L	1	0	0	2	0
		S_1	M	C L	1 3	0	0	2 3	0
BGMEL27.1	ND	P	M	L	1	0	1	1	0
		S_1	M	L	1	0	0 1	1 2 3	0 1
BGMEL27.2	<i>momordica</i>	P	M	C	1	0	1	1	0 1
		S_1	M	C	1	0	1	1 2 3	0 1
BGMEL28.1	<i>momordica</i>	P	M	C	1	0	1	2	0 1
		S_1	M	C L	1	0	1	2 3	0 1
BGMEL28.2	ND	P	M	L	1	1	0	2	1
		S_1	M	L C	1	1	0	2 3	0 1
BGMEL30.0	<i>cantalupensis/ prescott</i>	P	M	L	3	2 3	0	3	1
		S_1	M	L	3	2	0	3	1
BGMEL42.1	<i>momordica</i>	P	M	L	1	0	1	2	1
		S_1	M	C	1	0	1	2	1
BGMEL42.2	<i>cantalupensis/ prescott</i>	P	M	L	3	3	0	3	1
		S_1	M	L	3	3	0	3	1
BGMEL71.1	ND	P	A	L	1	0	1	4	0
		S_1	A M	L C	1	0	0	3 4	0 1

BGMEL71.2	ND	P	A	L	5	1	0	4	0
		S ₁	A M	L	5	1	0	4	0
BGMEL74.1	<i>momordica</i>	P	M	L	1	0	1	2	0 1
		S ₁	M	L	1	0	1	3	0 1
BGMEL74.2	ND	P	M	L	7	0	0	4	1
		S ₁	A M	C L	5	0	0	4	0
BGMEL104.0	<i>makuwa/nashi-uri</i>	P	A M	C	4	0	0	2	1
		S ₁	A M	C	4	0	0	2	1
BGMEL113.0	<i>makuwa/nashi-uri</i>	P	A M	C	4	0	0	2	1
		S ₁	A M	C	4	0	0	2	1
BGMEL114.0	<i>makuwa/nashi-uri</i>	P	A M	C	4	0	0	2	1
		S ₁	A M	C L	4	0	0	2	1
BGMEL116.0	<i>makuwa/nashi-uri</i>	P	A M	C	4	0	0	2	1
		S ₁	A	C	4	0	0	2	1
BGMEL117.0	<i>makuwa/nashi-uri</i>	P	A M	C	4	0	0	2	1
		S ₁	A	C	4	0	0	2	1
BGMEL156.0	<i>makuwa/nashi-uri</i>	P	A M	C L	4	0	0	2	1
		S ₁	A	C L	4	0	0	2	1
T5 COD5.1	ND	P	M	L	6	1	0	4	0
		S ₁	M	L	5	0 1	0	4	0
T5 COD5.2	ND	P	M	L	1	0	1	2	0
		S ₁	A M	C L	1	0	0	2	0 1
T6 COD98.1	<i>momordica</i>	P	M	C	1	0	1	1	0 1
		S ₁	M	C	1	0	1	2	0 1
T6 COD98.2	ND	P	M	C	1	0	0	2	0
		S ₁	A M	C L	1	0 1	0	2 3	0 1

⁰Não apresentou variação dentro do acesso; ^{1,2} indica a segregação ocorrida dentro de cada um dos acessos. **ES** – Expressão sexual: M – Monoica, A – Andromonoica; **PO** – Pilosidade do ovário: C – Curto, L – Longo. **CE** – Cor da Epiderme: Amarelo – 1, Amarelo-intenso – 2, Alaranjada – 3, Creme – 4, Verde-claro – 5, Verde-escuro – 6, Amarelo-esverdeado – 7. **GG** – Grau dos gomos: Ausente - 0, Superficial - 1, Médio - 2, Profundo - 3. **RE** – Rachadura na epiderme: Ausente - 0, Presente - 1. **CP** – Cor da Polpa: Branca – 1, Creme – 2, Alaranjada – 3, Esverdeada – 4. **DP** – Desprendimento do Pedúnculo: Ausente – 0, Presente – 1.

Os dados dos descritores morfoagronômicos obtidos nas duas gerações possibilitaram identificar a variabilidade dentro dos acessos avaliados, e a partir da análise multivariada foi possível separar os grupos com semelhanças morfológicas. O dendrograma para a geração parental (Figura 3) teve um coeficiente de correlação cofenético (CCC) de 0,86 e o da geração S₁ (Figura 4) de 0,88, demonstrando assim, uma boa representatividade (CRUZ; CARNEIRO, 2003). A geração parental (Figura 3) mostrou a formação de três agrupamentos principais, onde o primeiro grupo do dendrograma envolveu os acessos BGMEL 22, 16, 156, 104, 117, 113 e 114; o segundo grupo os acessos BGMEL 23, 71, T5COD5, 74, 30, 42, e o terceiro os acessos BGMEL28, T6COD98, 20 e 27. Na geração S₁ (Figura 4), foi possível constatar a formação de três agrupamentos principais, onde o primeiro grupo envolveu apenas um subacesso, o BGMEL 42.2; o segundo agrupamento englobou BGMEL 22.0, 113.0, 114.0, 117.0, 156.0, 104.0 e 116.0; e o terceiro grupo aproximou os subacessos BGMEL 30.0, 71.2, 74.2,

28.1, T6COD98.1, 20.0, 27.2, T5COD5.1, 71.1, 42.1, T5COD5.2, 27.1, 74.1, T6COD98.2, 23.0 e 28.2.

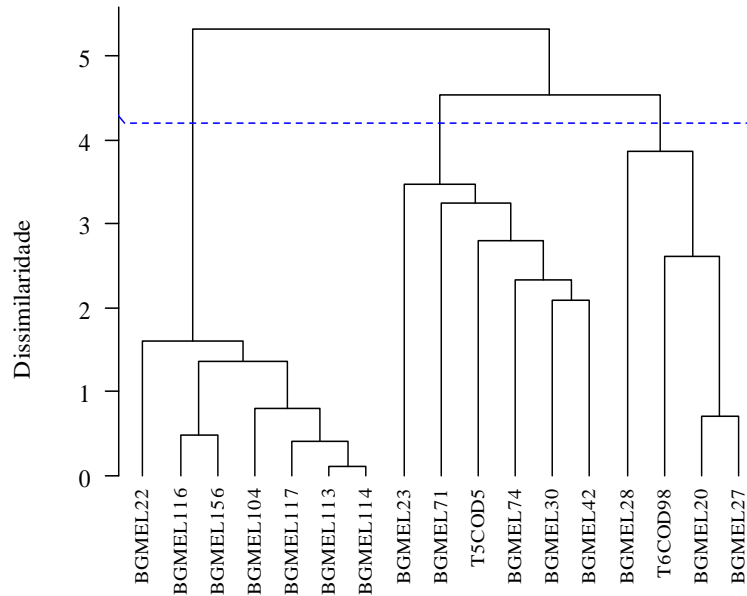


Figura 3. Dendrograma da geração parental gerado pela análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos, usando o método UPGMA.

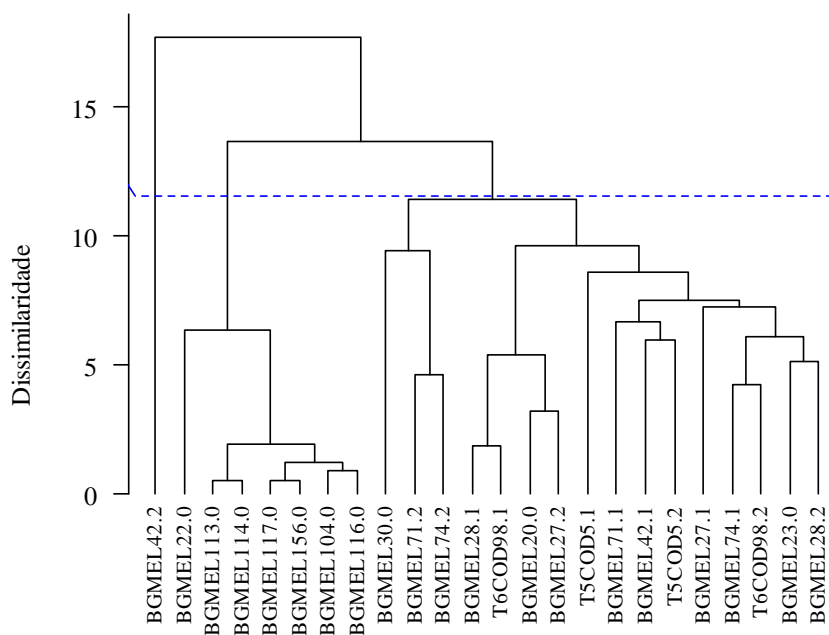


Figura 4. Dendrograma da geração S_1 gerado pela análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos, usando o método UPGMA.

Com os dados morfoagronômicos das duas gerações, e a comparação destes, constatou-se a formação de três conjuntos de dados, onde o grupo I foi formado por nove acessos (Figu-

ra 5, Tabela 3), e os frutos apresentaram o mesmo fenótipo, nas duas gerações, para os caracteres de flor e fruto, além de manifestarem caracteres que possibilitaram a identificação dos grupos e subgrupos botânicos, sendo eles: *mormordica* (BGMEL20.0) (Figura 5A), *makuwa* subgrupo *nashi-uri* (BGMEL22.0, 104.0, 113.0, 114.0, 116.0, 117.0 e 156.0) (Figura 5B a 5H), e o grupo *cantalupensis* subgrupo *prescott* (BGMEL30.0) (Figura 5I). É importante destacar que esses acessos não apresentaram variações dentro dos acessos de uma geração para a outra, e por isso receberam a identificação zero (0) junto ao seu código de identificação do Banco de Germoplasma de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, como descrito por Amorim et al. (2016).

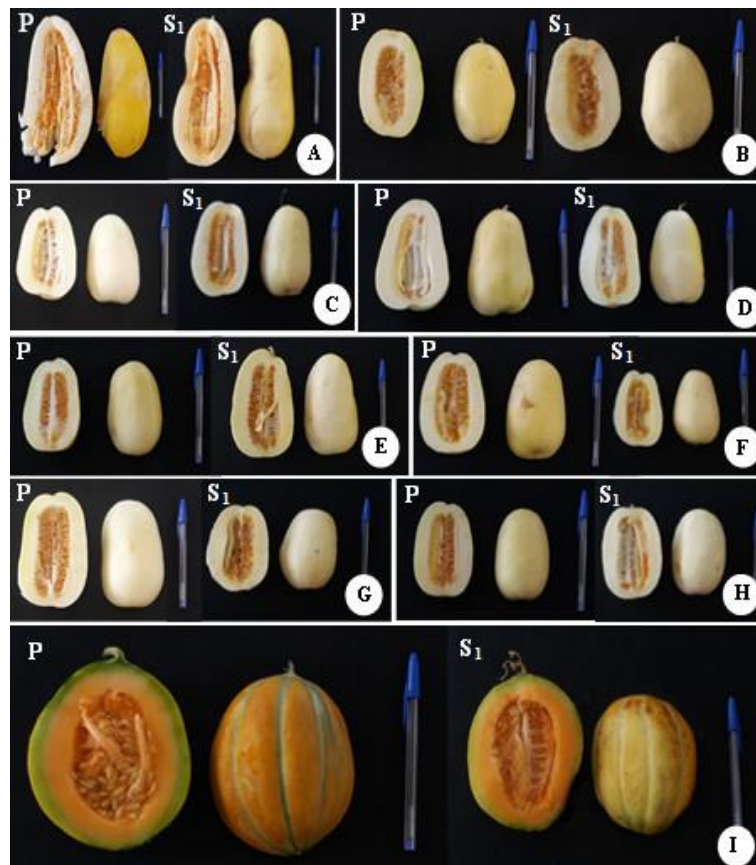


Figura 5. Acessos do grupo I que apresentaram o mesmo fenótipo para as características de flor e fruto nas duas gerações (P e S₁) estudadas. **A.** BGMEL20.0. **B.** BGMEL22.0. **C.** BGMEL104.0. **D.** BGMEL113.0. **E.** BGMEL114.0. **F.** BGMEL116.0. **G.** BGMEL117.0. **H.** BGMEL156.0. **I.** BGMEL30.0. Fotos: BARBOSA, BLR 2018 (P) / 2019 (S₁).

Relacionando o resultado encontrado para o grupo I com a análise multivariada do trabalho, foi possível verificar que os agrupamentos nos dendrogramas reforçaram essa separação e as respectivas identificações botânicas realizadas, pois tanto na geração parental (Figura

3), quanto na S_1 (Figura 4), houve aproximação dos subacessos do grupo botânico *makuwa* subgrupo *nashi-uri*, além de indicar que *momordica* e *cantalupensis* subgrupo *prescott* ficaram próximos a outros subacessos (BGMEL71.2, 74.2, 28.1, T6COD98.1, 27.2, T5COD5.1, 71.1, 42.1, T5COD5.2, 27.1, 74.1, T6COD98.2, 23.0, 28.2) com características morfoagronômicas semelhantes.

De acordo a nova sistematização para o melão (PITRAT, 2016), o subgrupo *prescott* do grupo *cantalupensis* é definido pela presença de sulcos profundos na superfície dos frutos, porém, foi observada uma variação no subacesso BGMEL30.0 que apresentou sulcos variando de médios a profundos (Tabela 3). Esse caráter é controlado por um alelo recessivo (DOGIMONT, 2011), e essa variação gradual, que foi observada no presente trabalho, que pode ter sido originada da introgressão de alelos que são responsáveis pela expressão de diferentes tipos de superfícies dos frutos de melão que são manejados pelos agricultores familiares do Nordeste brasileiro (MACÊDO et al., 2017).

O grupo II foi composto por seis subacessos (Figura 6, Tabela 3) que na geração parental apresentaram variação dentro dos acessos avaliados. Dessa forma, essas variações foram separadas e levadas para campo para serem analisadas (geração S_1), e comparadas com os dados da geração parental. Após análise, observou-se que as duas gerações expressaram as mesmas características apresentadas inicialmente, não havendo segregação para descritores de flor e fruto (PITRAT, 2016). Assim, essa uniformização permitiu a identificação dos grupos e subgrupo botânicos, sendo detectados *momordica* (BGMEL27.2, 28.1, 42.1, 74.1, T6COD98.1) (Figuras 6A a 6D), e *cantalupensis* subgrupo *prescott* (BGMEL42.2) (Figura 6F).



Figura 6. Subacessos do grupo II que apresentaram variação dentro dos acessos avaliados, porém, após comparação com os dados da geração S_1 foi possível observar que expressaram as mesmas características da geração paternal (P). **A.** BGMEL27.2. **B.** BGMEL28.1. **C.** BGMEL42.1. **D.** BGMEL74.1. **E.** T6COD98.1. **F.** BGMEL42.2. Fotos: BARBOSA, BLR, 2018 (P) / 2019 (S_1).

A análise multivariada (Figuras 3 e 4) agrupou de forma próxima os subacessos aqui identificados como *momordica*. O subacesso BGMEL42.2, de *cantalupensis*, na geração S_1 ficou isolado no dendrograma (Figura 4) em relação a BGMEL30.0, que também foi identificado para o mesmo grupo botânico, o que pode ter sido ocasionado pelo fato de que além dos caracteres qualitativos analisados, outros de dimensão quantitativa, como massa do fruto, comprimento e diâmetro do fruto, comprimento e diâmetro da cavidade e espessuras da polpa, foram usados e se mostraram com valores superiores, e podem ter levado a essa separação.

É importante salientar que variações para as colorações de polpas (branca, creme e alaranjada) e da epiderme (amarela, amarelo-intenso) encontradas neste trabalho para o grupo *momordica* (Tabela 3) condizem com a descrição do grupo apresentada por Pitrat (2016), que afirma a existência de colorações de polpa indo de verde-clara, às vezes branca e podendo chegar à alaranjada. Essa variação também se expressa na cor da epiderme, que pode apresentar cor uniforme ou com manchas e listras (PITRAT, 2016). A coloração da polpa do melão é controlada por dois alelos que envolvem as cores verde, laranja e branca, e esta espécie pode apresentar variações em relações às colorações da epiderme, o que é baseado em diferentes combinações de três pigmentos principais, clorofila, carotenoides e naringerina-chalcona, que é um pigmento flavonoide responsável pela cor amarela dos frutos maduros (DOGIMONT, 2011). Portanto, as combinações ao acaso que podem ocorrer entre os alelos, geram colorações diferentes para os grupos botânicos.

Os subacessos BGMEL42.1 e 42.2 (Tabela 3, Figuras 6C e 6F) inicialmente eram pertencentes ao mesmo acesso, porém ao serem analisadas as variações nas duas gerações, foram separados como grupos botânicos distintos (*momordica* e *cantalupensis* subgrupo *prescott*, respectivamente). Esse fator de variação pode ter sido ocasionado pela troca de sementes, manejo que existe entre os agricultores familiares, além do que, dentro dos próprios sítios de coleta desses acessos, em um mesmo período ocorre o manuseio de sementes pertencentes a distintos grupos de melão o que, provavelmente, pode ter levado à mistura de sementes pertencentes a grupos botânicos diferentes (AMORIM et al., 2016).

As identificações botânicas realizadas para os dois primeiros grupos indicaram que as características apresentadas neste estudo corroboram outros trabalhos (MANOHAR;

MURTHY, 2012; MALIK et al., 2014), definindo características marcantes do grupo *momordica*. Os frutos apresentaram-se com formato de elíptico a alongado, com massa de fruto apresentando até 2,380 kg, com rachaduras na epiderme quando maduros, não sendo um fenótipo satisfatório, pois diminui a durabilidade pós-colheita, além de alterar a aparência prejudicando assim, a comercialização do fruto. As plantas foram monoicas, a casca do fruto lisa, a polpa farinhenta podendo-se observar coloração branca, creme ou alaranjada e baixo teor de açúcar (Tabela 3). Vale ressaltar que o grupo *momordica* é altamente comercializado em feiras livres da região Nordeste e é conhecido popularmente como melão de cheiro, pepino, ou até mesmo, caxixi (MACÊDO et al., 2017).

Para o grupo botânico *makuwa*, as características apresentadas também corroboram outros autores (BURGER et al., 2010; XIAO-HANG et al., 2014), e indicam que seus frutos apresentam, geralmente, baixo valor de massa, sendo possível observar neste estudo a existência de frutos com massa a partir de 0,100 kg, porém vale destacar que dentro do grupo pode ocorrer variação dessa característica, e estes podem alcançar maiores valores de massa, onde observou-se neste trabalho frutos com até 0,900 kg. Além disso, os frutos apresentaram formato de elíptico a oval, a epiderme apresentou coloração creme, a polpa do fruto com uma textura crocante de cor creme, alto teor de açúcar, podendo alcançar 10,2 °Brix, sendo considerado doce, e apresentando sementes pequenas (Tabela 3).

Os frutos do grupo *cantalupensis*, geralmente, são vistos na literatura como frutos que foram classificados com tamanho médio, o que, realmente, ocorre em sua maioria. Porém, é necessário destacar que pode ocorrer variação para esse caráter, sendo este altamente influenciado pelo ambiente, e serem encontrados frutos que são classificados em tamanho grande (IPGRI, 2003), pois a massa do fruto no presente trabalho chegou a alcançar 2,870 kg. O pedúnculo para os frutos de *cantalupensis* apresentou-se deiscente, o fruto com formato elíptico, com polpa salmão/alaranjada com textura lisa suculenta, não sendo encontrado neste trabalho frutos com coloração de polpa verde. Além disso, os frutos foram bem aromáticos quando maduros, confirmando o que já foi diagnosticado, também, em outros trabalhos (PITRAT, 2016; VALADARES et al., 2018).

É importante salientar, que para os grupos *makuwa* e *cantalupensis*, existe a presença de subgrupos, entre eles o *nashi-uri* e *prescott* (PITRAT, 2016), respectivamente, como foram identificados neste trabalho, sendo o *nashi-uri* definido por possuir coloração uniforme na epiderme de creme a branca, sem a presença de sulcos, e o subgrupo *prescott* marcado por possuir sulcos profundos, como já mencionado, polpa exclusivamente laranja e serem monoicos, como observados.

Por fim, o grupo III foi composto por nove subacessos (BGMEL23.0, 27.1, 28.2, 71.1, 71.2, 74.2, T5COD5.1, T5COD5.2 e T6COD98.2) (Figura 7), onde não foi possível identificar os grupos e subgrupos botânicos, pois apresentaram ou introgressão de alelos ou características distintas das presentes nos grupos e subgrupos já definidos, dificultando a separação baseada em Pitrat (2016) (Tabela 3). O subacesso BGMEL23.0 (Figura 7A) apresentou características uniformes para flor e fruto nas duas gerações estudadas, porém a partir da classificação de Pitrat (2016) não foi possível enquadrá-lo em nenhum grupo, o que, possivelmente, pode ser um novo subgrupo, ou até mesmo um grupo botânico. Esse subacesso apresentou-se nas duas gerações com formato piriforme, cor da epiderme amarela à alaranjada, sem listra, sem sulcos, sem rachadura, sem rendilhamento, sem rugosidade, com uma coloração de polpa partindo do creme para a alaranjada, sem desprendimento do pedúnculo, e apresentando plantas monoicas (Tabela 3).

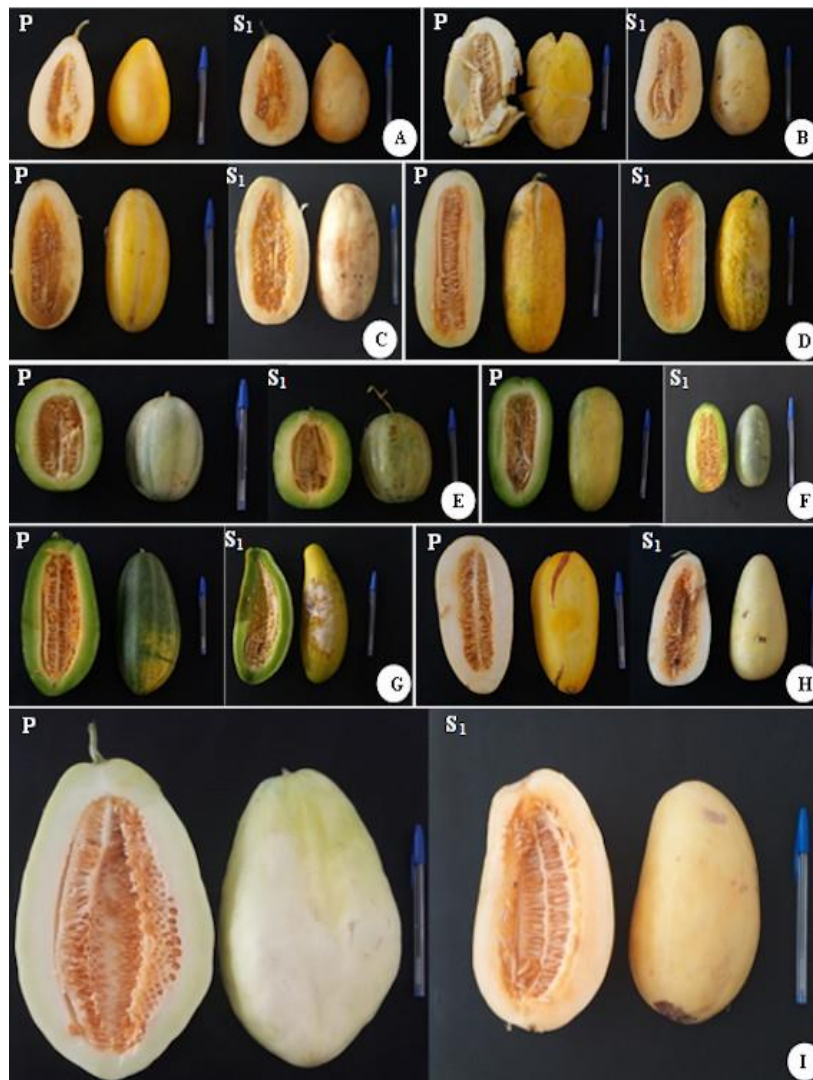


Figura 7. Subacessos do grupo III que apresentaram ou introgressão de alelos entre grupos botânicos, ou descritores que não foram possíveis identificar o seu grupo botânico nas gerações parental (P) e S₁. **A.** BGMEL23.0. **B.** BGMEL27.1. **C.** BGMEL28.2. **D.** BGMEL71.1.

E. BGMEL71.2. **F.** BGMEL74.2. **G.** T5COD5.1. **H.** T5COD5.2. **I.** T6COD98.2. Fotos: BARBOSA, BLR, 2018 (P) / 2019 (S₁).

Os subacessos BGMEL27.1, T5COD5.2 e T6COD98.2 (Figuras 7B, 7H e 7I) apresentaram características semelhantes a *momordica*, mas não se observou nos frutos ruptura na epiderme, o que é um caráter marcante deste grupo quando estão maduros. Além disso, T5COD5.2 e T6COD98.2 (Figura 7H e 7I) apresentaram plantas andromonoicas (Tabela 3), divergindo da classificação de Pitrat (2016) que caracterizou como plantas monoicas. Outros autores, a exemplo de Dhillon et al. (2015), confirmaram a existência de rachadura na casca de *momordica*, ou apenas a descamação, o que torna uma característica identificável do grupo. Assim, as características distintas e que os tornaram segregantes, aqui foram consideradas como introgressão de alelos entre grupos botânicos, e impediram, assim, a definição dos grupos.

O subacesso BGMEL28.2 (Figura 7C), além de não expressar o caráter rachadura, apresentou sulcos superficiais na epiderme (Tabela 3), o que não condiz com *momordica* que possui superfície lisa, sem sulcos (PITRAT, 2016), indicando assim, também introgressão de alelos entre *momordica*, e possivelmente, *cantalupensis*, grupo que possui sulcos. Já o subacesso BGMEL71.2 (Figura 7E) apresentou sulcos superficiais, coloração da epiderme e da polpa verde, características semelhantes ao grupo *cantalupensis*, porém, não foi possível identificá-lo, pois apresentou pedúnculo não deiscente nas duas gerações estudadas, o que é característico do grupo *cantalupensis*.

Para este conjunto de subacessos não identificados, o dendrograma da geração S₁ (Figura 4) mostrou a formação de um agrupamento principal que reúne todos os genótipos identificados como *momordica* e *cantalupensis* subgrupo *prescott*, além de reunir todos os subacessos não identificados, mas que foram próximos morfologicamente de *cantalupensis* ou *momordica*, o que possibilita inferir à introgressão de caracteres, que pode ter ocorrido facilmente, pois não existem barreiras para a ocorrência de polinizações cruzadas entre diferentes grupos botânicos (VALADARES et al., 2017) e o manejo dos agricultores facilita esse processo entre os grupos botânicos cultivados nas suas unidades e proximidades.

Dessa forma, as informações deste trabalho condizem com os resultados obtidos por Burger et al. (2010), afirmando que *C. melo* exibe alta diversidade para as características de frutos, onde variam em tamanho, formato, cor externa, aroma, teor de açúcar, coloração da polpa, e outros caracteres utilizados no estudo, o que muitas vezes pode dificultar a classificação intraespecífica que vem sendo realizada desde a primeira metade do século XIX (PI-

TRAT, HANELT; HAMMER, 2000). Porém, neste trabalho, mesmo com toda a variação existente, 62,50% dos subacessos foram identificados quanto ao seu grupo e respectivo subgrupo (Tabela 3, Figura 8). Outros autores, a exemplo de Trimech et al. (2013) também não conseguiram identificar alguns grupos em seus estudos de variabilidade com melões, e esse fato pode ser atribuído a alta heterogeneidade e a introgressão de alelos que não permitem a identificação clara dos grupos analisados.

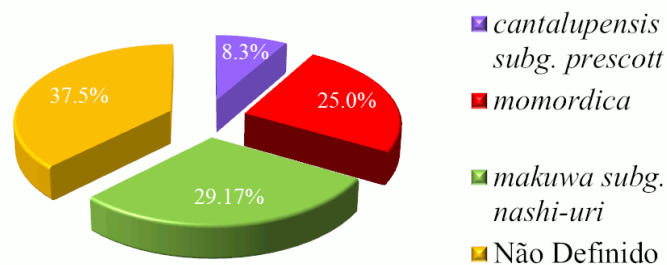


Figura 8. Porcentagem das identificações botânicas, e não definições dos grupos e subgrupos realizadas no presente trabalho.

Os dados morfoagronômicos permitem inferir a existência de grande variabilidade genética, além de demonstraram a grande importância de conhecer esta variação ocorrente na espécie e a forma como ela pode se distribuir por meio de um estudo aprofundado das variações entre e dentro dos acessos e subacessos. Como observado em outros trabalhos utilizando germoplasma da agricultura familiar do Nordeste brasileiro (TORRES FILHO et al., 2009; DANTAS; HOLANDA; 2015; AMORIM et al., 2016; MACÊDO et al., 2017; ANDRADE et al., 2019), de fato existe uma alta variabilidade, comprovando a grande riqueza presente nas unidades de produção dos agricultores e que foi resgatada e está armazenada no BAG de Cucurbitáceas do Nordeste brasileiro.

A análise aprofundada realizada nos estudos citados mesmo sendo com classificações botânicas diferentes da utilizada no presente estudo são de extrema importância, pois trazem informações detalhadas que serão utilizadas futuramente nos programas de melhoramento genético da cultura para os tipos estudados, valendo destacar que essas amostras apresentam possibilidades de seleção de alelos úteis, responsáveis por vários fatores de qualidade e produtividade. Ainda é necessário destacar que trabalhos de classificação botânica são de grande importância, pois após o resgate da variabilidade genética nas áreas dos agricultores, existe a

necessidade de iniciar o processo de documentação dessas amostras, por meio dos dados de passaporte, sendo o processo de identificação botânica um dos primeiros passos no manejo do BAG para que esses acessos sejam estudados e se tornem úteis para os programas de melhoramento da cultura (DANTAS, et al, 2012; PITRAT, 2016).

Além disso, os grupos botânicos identificados nesse estudo já mostraram grande desempenho satisfatório em relação à resistência a diversas doenças e pragas como o grupo *momordica* que possui fonte de resistência para viroses, oídio, míldio, *Aphis gossypii*; o grupo *makuwa* com resistência a vírus, murcha de *Fusarium* sp. Raças 1 e 2, e *A. gossypii*; e *cantalupensis* com resistência às raças 0 e 2 de *Fusarium oxysporum* (PITRAT, 2013; PITRAT, 2016; DOGIMONT, 2011), tornando-se essencial conservá-los a curto, médio e longo prazos, a fim de manter a variabilidade genética, evitando a erosão e possibilitando seu uso por gerações futuras.

CONCLUSÕES

Existem diferentes grupos botânicos (*makuwa* subgrupo *nashi-uri*, *momordica* e *cantalupensis* subgrupo *prescott*) no germoplasma de melões da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, notadamente, no Maranhão, confirmando a variabilidade genética entre e dentro dos acessos e subacessos avaliados, sendo possível, também, constatar que devido ao manejo realizado pelos agricultores tradicionais há introgressão de alelos entre diferentes grupos botânicos.

REFERÊNCIAS

- AMORIM, C. C. de et al. Morphological diversity and identification of accessions of melon. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, p. 3622-3632, 2016.
- ANDRADE, I. S. et al. Morphoagronomic genetic diversity of Brazilian melon accessions based on fruit traits. **Scientia Horticulturae**, v. 243, p. 514-523, 2019.
- BURGER, Y. et al. Genetic Diversity of *Cucumis melo*. **Horticultural Reviews**, v. 36, p. 165-198, 2010.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585 p.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v. 35, p. 271-276, 2013.
- DANTAS, A. C. de A. et al. Caracterização molecular de acessos de melão coletados no Nordeste Brasileiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 34, p. 183-189, 2012.
- DANTAS, A. C. de A.; HOLANDA, I. S. A. Diversity of Melon Accessions from Northeastern Brazil and Their Relationships with Germplasm of Diverse Origins. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 140, p. 504-517, 2015.
- DHILLON, N. P. S. et al. Snapmelon (*Cucumis melo* L. *Momordica* group), an indigenous cucurbit from India with immense value for melon breeding. **Acta Horticulturae**, v. 1102, p. 99-108, 2015.
- DOGIMONT, C. Gene list for melon. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, v. 33, p. 104-133, 2011.
- GUIMARÃES, M. A.; ARAGÃO, F. A. S. **Produção de Melão**. Viçosa: UFV, 2019. 424 p.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Produção agrícola municipal**. 2019. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457#resultado>>. Acesso em: 27 out. 2020.
- IPGRI. **Descriptors for melon (*Cucumis melo* L.)**. Rome: International Plant Genetic Resources Institute, 2003. 65 p.
- MACÊDO, S. de S. et al. Botanical identification and genetic diversity in melons from Family farming in the state of Maranhão. **Revista Caatinga**, v. 30, p. 602-613, 2017.
- MALIK, A. A. et al. Diversity among melon (*Cucumis melo* L.) landraces from the Indo-Gangetic plains of India and their genetic relationship with USA melon cultivars. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 61, p. 1189-1208, 2014.
- MANOHAR, S. H.; MURTHY, H. N. Estimation of phenotypic divergence in a collection of *Cucumis melo*, including shelf-life of fruit. **Scientia Horticulturae**, v. 148, p. 74-82, 2012.

MOJENA, R. Hierarchical grouping method and stopping rules: an evaluation. **Computer Journal**, v. 20, p. 359-363, 1977.

PITRAT, M. Phenotypic diversity in wild and cultivated melons (*Cucumis melo*). **Plant Biotechnology**, v. 30, p. 273-278, 2013.

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

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

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

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2019.

SALVIANO, A. M. et al. **A cultura do melão**. 3. ed. Brasília: Embrapa, 2017. 202 p.

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

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The Comparison of dendrograms by objective methods. **International Association for Plant Taxonomy**, v. 11, p. 33-40, 1962.

TORRES FILHO, J. et al. Caracterização morfológica de acessos de meloeiro coletados no Nordeste brasileiro. **Revista Caatinga**, v. 22, p. 174-181, 2009.

TRIMECH, R. et al. Genetic variation in Tunisian melon (*Cucumis melo* L.) germplasm as assessed by morphological traits. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 60, p. 1621–1628, 2013.

VALADARES, R. N. et. al. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações em acessos de melão do grupo *momordica*. **Horticultura Brasileira**, v. 35, p. 557-563, 2017.

VALADARES, R. N. et. al. Genetic diversity in accessions of melon belonging to *momordica* group. **Horticultua Brasileira**, v. 36, p. 253-258, 2018.

XIAO-HANG, B. et al. Co-treatment of EFF and 1-MCP for enhancing the shelf-life and aroma volatile compounds of oriental sweet melons (*Cucumis melo* var. *makuwa* Makino) **Journal of Integrative Agriculture**, v. 13, p. 217-227, 2014.

Capítulo 2

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM PROGÊNIES DE MELÃO DA AGRICULTURA
TRADICIONAL DO NORDESTE BRASILEIRO**

DIVERSIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES DE MELÃO DA AGRICULTURA TRADICIONAL DO NORDESTE BRASILEIRO

RESUMO

Na região semiárida do Nordeste brasileiro, o cultivo do melão (*Cucumis melo* L.) também é realizado dentro da agricultura familiar, onde nesses pequenos estabelecimentos agrícolas, são utilizadas populações tradicionais que vêm sendo selecionadas durante várias gerações, e se destacam por apresentar grande variabilidade para a espécie do melão. Essa variabilidade se torna imprescindível para a continuidade dos estudos e para seu uso em programas de melhoramento genético da espécie, pois é um grande reservatório de alelos. Porém, os estudos com esse germoplasma ainda são considerados incipientes. Dessa forma, este trabalho objetivou estudar a variabilidade genética em dois tipos de progênies (geração parental e S_1) de acessos e subacessos de melão pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro usando descritores morfoagronômicos. Para isso, foram conduzidos dois experimentos em blocos casualizados completos, com três repetições, utilizando 13 descritores quantitativos e oito qualitativos. No primeiro experimento foram utilizadas sementes de 17 acessos provenientes de polinização livre para obtenção da geração parental, e no segundo, sementes de 24 subacessos para obtenção da geração S_1 . Para a obtenção dos frutos nas duas gerações, as flores foram autofecundadas. Após a coleta de dados a partir dos descritores morfoagronômicos, foi realizada a ANOVA, o agrupamento de médias através do teste de Scott-Knott a 5% de significância, além da análise com o método de Ward-MLM para obtenção de agrupamentos dos acessos e subacessos estudados. Dessa forma, as análises de agrupamento auxiliaram na separação dos grupos nas duas gerações e inferiu a existência de alta variabilidade genética a partir dos descritores morfoagronômicos, sendo possível indicar genótipos para o programa de melhoramento genético da espécie, além de ser detectado que existem variações morfológicas entre os grupos botânicos estudados que podem ser provenientes do processo de introgressão de alelos entre distintos grupos botânicos.

Palavras-Chave: *Cucumis melo* L., recursos genéticos vegetais, germoplasma, variabilidade genética.

GENETIC DIVERGENCE IN MELON PROGENIES OF TRADITIONAL AGRICULTURE IN NORTHEAST BRAZIL

ABSTRACT

In the semiarid region of Northeastern Brazil, the cultivation of melon (*Cucumis melo* L.) is also carried out within family farming, where traditional populations are used in these small agricultural establishments, which have been selected for several generations, and stand out for presenting great variability for the species melon. This variability becomes essential for the continuity of studies and for its use in genetic improvement programs for the species, as it is a large reservoir of alleles. However, studies with this germplasm are still considered incipient. Thus, this work aimed to study the genetic variability in two types of progenies (parental and S₁ generation) of melon accessions and sub-accessions belonging to the Germplasm Active Bank (BAG) of Cucurbitaceae to the Northeast of Brazil using morpho-agronomic descriptors. For this, two experiments were conducted in complete randomized blocks, with three replications, using 13 quantitative and eight qualitative descriptors. In the first experiment, seeds from 17 accessions from open pollination were used to obtain the parental generation, and in the second one, seeds from 24 sub-accessions to obtain the S₁ generation. To obtain the fruits in both generations, the flowers were self-fertilized. After collecting data from the morpho-agronomic descriptors, ANOVA was performed, the grouping of means through the Scott-Knott test at 5% significance, in addition to the analysis with the Ward-MLM method to obtain clusters of accessions and subaccessions that were studied. Thus, the cluster analyzes helped to separate the groups in the two generations and inferred the existence of high genetic variability from the morpho-agronomic descriptors, being possible to indicate genotypes for the genetic improvement program of the species, in addition to detecting that there are morphological variations among the botanical groups studied that may come from the process of introgression of alleles between different botanical groups.

Keywords: *Cucumis melo* L., plant genetic resources, germplasm, genetic variability.

INTRODUÇÃO

O melão (*Cucumis melo* L.) pertence à família Cucurbitaceae (BURGER et al., 2010) e é um fruto muito apreciado tanto no mercado interno, quanto externo, apresentando assim, uma grande importância econômica. O Semiárido brasileiro, onde a cultura do melão é praticada em aproximadamente 22 mil ha, possui grande destaque nacional, pois detém 95,90% desta produção total, a qual é produzida nos estados do Rio Grande do Norte, Ceará, Bahia e Pernambuco (IBGE, 2019). Esta elevada produção pode ser relacionada, principalmente, às condições climáticas favoráveis da região, como as temperaturas elevadas, os altos níveis de insolação e a reduzida precipitação na maior parte do ano, o que permite à produção de frutos uma excelente adaptação (SALVIANO et al., 2017).

Nesta região, o cultivo do melão é realizado por grandes e médios produtores, que utilizam cultivares melhoradas, em geral, híbridos, porém, ocorrem também plantios da agricultura familiar em alguns estados, notadamente, o Maranhão e o Piauí, onde nesses pequenos estabelecimentos agrícolas, são utilizadas populações tradicionais que vêm sendo selecionadas durante várias gerações, e se destacam por apresentar grande variabilidade para a espécie (QUEIROZ et al., 2015). Essa variabilidade se torna imprescindível para a continuidade dos estudos e para seu uso em programas de melhoramento genético da espécie, pois é um grande reservatório de alelos (ARAGÃO et al., 2013, DANTAS et al., 2012).

Apesar de alguns estudos de avaliação, caracterização, e até de identificação dos grupos botânicos, utilizarem os recursos genéticos provenientes das populações tradicionais de melão da agricultura familiar da região Nordeste do Brasil (TORRES FILHO et al., 2009; ARAGÃO et al., 2013; AMORIM et al., 2016; MACÊDO et al., 2017, ANDRADE et al., 2019), de forma geral, os estudos ainda são incipientes. Além disso, a maioria dos trabalhos já realizados com esse germoplasma baseou-se em classificações botânicas mais antigas do que a classificação mais atual para a espécie *C. melo* (PITRAT, 2016), não se detiveram em estudar a variação existente a partir de gerações sequenciais, além de alguns desses trabalhos só terem analisado os aspectos botânicos e, outros, não estudaram os caracteres que são de grande importância para o melhoramento do melão.

Assim, torna-se necessária a realização de estudos mais aprofundados de caracterização que examinem a variação apresentada para as características de planta e fruto dos acessos pertencentes à agricultura familiar da região Nordeste, e desta forma se obtenha conhecimento genético para que se faça um bom gerenciamento desses acessos, auxilie na preservação e seja possível definir e selecionar genótipos superiores para serem inseridas nos programas de me-

lhramento da espécie. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi estudar a variabilidade genética de acessos e subacessos de melão pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, em dois tipos de progênies (geração parental e S_1), a partir de descritores morfoagronômicos.

MATERIAL E MÉTODOS

Para a realização deste trabalho, foram conduzidos dois experimentos em área de Campo Experimental e Laboratório de Biologia Molecular, ambos pertencentes ao Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais da Universidade do Estado da Bahia (DTCS/UNEB), localizada no município de Juazeiro-BA, Brasil, situada a 09° 25' 04,92271" S 40° 29' 04,73710" W, com uma altitude de 351,89 metros.

Para o primeiro experimento, realizado entre maio e agosto de 2018, foram utilizados 17 acessos de meloeiro, com o intuito de se obter a geração parental. Estes materiais foram provenientes de polinização livre e coletados na agricultura tradicional dos estados do Piauí (um acesso), Bahia (três acessos) e Maranhão (13 acessos) entre os anos de 1991 a 1998 (Tabela 1). Estas sementes encontravam-se armazenadas no BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, localizado na Embrapa Semiárido, Petrolina-PE, em câmara fria a 10 °C e 40% de umidade relativa. De acordo aos dados meteorológicos da Estação da UNEB, para os meses em que o experimento foi realizado, a temperatura média foi de 25,06 °C, a precipitação média de 0,18mm, com umidade relativa média de 55,69%.

Tabela 1. Dados de passaporte dos acessos e subacessos de *C. melo* pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro.

Acessos GP	Município/Estado	Subacessos GS ₁	Identificação botânica GS ₁
BGMEL 20	Nova Iorque/ MA	BGMEL 20.0	<i>momordica</i>
BGMEL 22	Pastos Bons/ MA	BGMEL 22.0	<i>makuwa /nashi-uri</i>
BGMEL 23	Ibipeba/ BA	BGMEL 23.0	ND*
BGMEL 27	Jacobina/ BA	BGMEL 27.1	ND*
		BGMEL 27.2	<i>momordica</i>
BGMEL 28	Jacobina/ BA	BGMEL 28.1	<i>momordica</i>
		BGMEL 28.2	ND*
BGMEL 30	Altos/ PI	BGMEL 30.0	<i>cantalupensis/prescott</i>
BGMEL 42	São Luiz Gonzaga do Maranhão/ MA	BGMEL 42.1	<i>momordica</i>
		BGMEL 42.2	<i>cantalupensis</i>
BGMEL 71	Brejo/ MA	BGMEL 71.1	ND*
		BGMEL 71.2	ND*
BGMEL 74	Barra do Corda/ MA	BGMEL 74.1	<i>momordica</i>
		BGMEL 74.2	ND*
BGMEL 104	Coroatá/ MA	BGMEL 104.0	<i>makuwa / nashi-uri</i>
BGMEL 113	Arari/ MA	BGMEL 113.0	<i>makuwa / nashi-uri</i>
BGMEL 114	Arari/ MA	BGMEL 114.0	<i>makuwa / nashi-uri</i>

BGMEL 116	São Vicente Ferrer – Distrito Santa Rosa/ MA	BGMEL 116.0	<i>makuwa/nashi-uri</i>
BGMEL 117	São Vicente Ferrer – Distrito Santa Rosa/ MA	BGMEL 117.0	<i>makuwa/nashi-uri</i>
BGMEL 156	MA	BGMEL 156.0	<i>makuwa/nashi-uri</i>
T5COD5	MA	T5COD5.1	ND*
		T5COD5.2	ND*
T6COD98	MA	T6COD98.1	<i>momordica</i>
		T6COD98.2	ND*

*ND: Grupo botânico Não Definido. GP: geração parental. GS₁: geração S₁.

O segundo experimento, foi conduzido de dezembro de 2018 a março de 2019, onde segundo a Estação de meteorologia da UNEB, a temperatura média entre esses meses foi de 27,51 °C, com precipitação pluviométrica média de 1,53 mm e umidade relativa média de 59,12%. Para este experimento, as plantas da geração parental foram analisadas e suas variações foram identificadas dentro de todos os acessos, gerando assim os subacessos, seguindo a metodologia de AMORIM et al. (2016) e MACÊDO et al. (2017). Além disso, as identificações botânicas para os subacessos estudados foram baseadas na classificação de Pitrat (2016), e dessa forma, os 17 acessos utilizados produziram 24 subacessos (Tabela 1), para a obtenção da geração S₁.

Para a condução dos experimentos foram semeadas 20 sementes de cada acesso e subacesso em bandejas de polietileno preenchidas com substrato comercial *Plantmax*® em casa de vegetação coberta com sombrite de 50% de luminosidade, sendo irrigadas duas vezes ao dia. Após 20 dias da semeadura, as mudas foram transplantadas para a área de campo experimental, cujo solo foi previamente preparado com aração, gradagem, sulcamento e a adubação foi realizada baseando-se na análise de solo e nas recomendações da cultura do meloeiro para o Nordeste brasileiro, utilizando-se uréia (CH₄N₂O), cloreto de potássio (KCl) e superfosfato simples (SPS), sendo distribuído 200g da mistura por parcela.

Os experimentos foram instalados no delineamento em blocos casualizados completos, contendo três repetições e cinco plantas por parcela, num espaçamento de 2,5 m entre fileiras e 0,8 m entre plantas, mantidas sob irrigação por superfície do tipo sulcos de infiltração no primeiro experimento, enquanto que no segundo experimento foi utilizada a irrigação por gotejamento. A condução dos experimentos foi realizada adotando os tratos culturais e fitossanitários recomendados para a cultura na região. Para obtenção dos frutos nas duas gerações, em

média, nove plantas de cada tratamento (acesso, na geração parental ou subacesso, na geração S₁) foram autofecundadas.

Após a autofecundação, os frutos foram colhidos entre 30 a 45 dias, e em seguida foram caracterizados baseando-se em 13 descritores quantitativos e oito qualitativos (sendo quatro binários e quatro multicategóricos), adotando-se a lista de descritores do IPGRI (2003). Os descritores quantitativos avaliados foram: número de dias para o surgimento da flor masculina - FM; número de dias para o surgimento da flor feminina - FM; massa do fruto - MF (kg); comprimento e diâmetro do fruto - CF e DF (cm); comprimento e diâmetro da cavidade do fruto - CC e DC (cm); espessura da polpa do lado direito, esquerdo, parte superior e inferior - EPD, EPE, EPS e EPI (cm); e sólidos solúveis na parte lateral do fruto e em uma amostra composta da polpa homogeneizada - SSL e SSH (°Brix).

Os descritores qualitativos avaliados foram formato do fruto (globular, achatado, elíptico, piriforme, oval, alongado, bolota e má-formação); cor da epiderme (amarelo, amarelo-intenso, alaranjada, creme, verde-claro, verde-escuro, amarelo-esverdeado); grau de gomos (ausente, superficial, médio, profundo); rachadura na epiderme (ausente, presente), cor da polpa (branca, creme, alaranjada, esverdeada); desprendimento do pedúnculo (ausente, presente); pilosidade no ovário e nos frutos jovens (tricomas curtos ou longos) e expressão sexual (monoica ou andromonoica).

Para a análise dos dados foram aplicados os testes de normalidade e homogeneidade, realizou-se análise univariada (ANOVA), e o agrupamento de médias foi obtido através do teste de Scott Knott a 5% de significância utilizando o *software* Genes (CRUZ, 2013). Para a obtenção dos agrupamentos dos acessos e subacessos foi aplicado o método de Ward-MLM, a partir dos descritores quantitativos e qualitativos utilizando o *software* SAS versão 9.0.3 (SAS, 2003).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Todos os descritores quantitativos apresentaram diferença significativa ($P < 0,01$) nas gerações parental e S_1 entre os acessos e subacessos, indicando variabilidade, com exceção da variável FF que não apresentou variação significativa na geração parental (Tabela 2). Além disso, quando os dados dos coeficientes de variação (CV) dos diferentes descritores nas duas gerações foram observados (Tabela 2), percebeu-se que houve redução em nove descritores (FM, FF, DF, CF, DC, CC, EPD, SSL e SSH), cujos valores variaram de 7% no descritor EPD a 73% no descritor DC, indicando que a redução dos CVs na geração S_1 , pode ser decorrente de uma maior uniformidade dos caracteres entre plantas dentro de cada subacesso uma vez que a autofecundação aumentou a homozigose (GODOY et al., 2006).

Porém, quatro descritores mostraram aumento dos CVs (MF, EPE, EPS e EPI), onde variaram de 19% (EPE) a 61% (EPS) (Tabela 2), indicando uma maior variação que é de interesse para o melhoramento genético, e que, provavelmente, tenha sido ocasionada devido à introgressão de alelos entre os distintos grupos botânicos de *C. melo*, uma vez que não existem barreiras de cruzamento para troca de alelos entre estes (DECKER-WALTERS et al., 2002).

A partir dos valores elevados dos CVs deste trabalho (Tabela 2), faz-se necessário observar que quando se trabalha com tratamentos usando tipos melhorados, que são uniformes, o CV é utilizado comumente como um indicativo de precisão experimental (LIMA; NUNES; BEZERRA NETO, 2004), porém, quando se trata de avaliação de genótipos que não passaram pelo processo de melhoramento genético através de pesquisas formais, como é o caso dos acessos e subacessos utilizados neste trabalho, o CV indica a variação que ocorre entre plantas dentro desses acessos e subacessos como observado, também, nos trabalhos de Aragão et al. (2013) e Andrade et al (2019).

Tabela 2. Detalhamento dos 13 descritores avaliados nos acessos e subacessos de melão da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, para as gerações parental - GP e GS₁.

Descritores e Gerações		Valor mínimo e máximo das médias	Nível de Significância	Número de grupos de médias – Scott Knott a 5%	CV (%)
FM (dias)	GP	13,13 – 27,81	**	4	8,42
	GS ₁	25,13 – 32,51	**	2	2,98
FF (dias)	GP	26,10 – 40,66	Ns	1	13,52
	GS ₁	28,28 – 38,16	**	4	6,03
MF (cm)	GP	0,200 – 1,520	**	3	10,68
	GS ₁	0,340 – 2,290	**	3	13,38
DF (cm)	GP	6,28 – 12,61	**	2	5,46
	GS ₁	7,69 – 16,25	**	3	5,22
CF (cm)	GP	9,14 – 27,78	**	4	6,12
	GS ₁	10,85 – 27,42	**	3	4,53
DC (cm)	GP	3,66 – 6,73	**	2	22,99
	GS ₁	3,76 – 9,85	**	3	6,20
CC (cm)	GP	6,78 – 23,73	**	4	10,62
	GS ₁	8,56 – 23,11	**	4	4,48
EPD (cm)	GP	1,27 – 2,96	**	3	16,49
	GS ₁	1,65 – 3,36	**	2	15,44
EPE (cm)	GP	1,41 – 2,96	**	2	17,85
	GS ₁	1,63 – 3,40	**	2	21,35
EPS (cm)	GP	1,22 – 2,70	**	2	16,17
	GS ₁	1,16 – 3,45	**	4	26,19
EPI (cm)	GP	0,82 – 2,43	**	4	13,79
	GS ₁	0,88 – 2,22	**	3	18,72
SSL (°Brix)	GP	3,28 – 8,11	**	2	18,20
	GS ₁	4,53 – 7,33	**	2	6,67
SSH (°Brix)	GP	3,43 – 7,27	**	2	18,77
	GS ₁	3,75 – 6,80	**	2	10,03

FM: número de dias para aparecimento da primeira flor masculina; **FF:** número de dias para aparecimento da primeira flor feminina; **MF:** massa do fruto (kg); **DF:** diâmetro do fruto (cm); **CF:** comprimento do fruto (cm); **DC:** diâmetro da cavidade (cm); **CC:** comprimento da cavidade (cm); **EPD:** espessura de polpa lado direito (cm); **EPE:** espessura de polpa lado esquerdo (cm); **EPS:** espessura de polpa superior (cm); **EPI:** espessura de polpa inferior (cm); **SSL:** sólidos solúveis lateral (°brix); **SSH:** sólidos solúveis totais (°brix). **Nível de significância** ** e * significativos a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, e não significativo (ns) pelo teste F; **Número de grupos** obtidos através do teste de Scott-Knott a 5% de significância. **CV:** Coeficiente de Variação (%).

Outra vertente importante a ser considerada, é a análise do desempenho entre os diferentes grupos botânicos para que sejam realizadas seleções de plantas que poderão ser incluídas em programas de melhoramento da espécie (ANDRADE et al., 2019). Dessa forma, considerando os dados apresentados a partir das médias e dos agrupamentos, foi possível verificar na geração S₁ (Tabela 2), que já apresentava todas as identificações botânicas para os subacessos, que para o descritor FM, a maior quantidade de dias foi observada, em sua maioria, nos subacessos de *makuwa* subg. *nashi-uri* (com exceção do subacesso BGMEL116.0), além dos

subacessos BGME23.0 e 30.0 (ND e *cantalupensis*, respectivamente), sendo considerados acessos mais tardios. Além disso, o grupo *momordica*, *cantalupensis* subg. *prescott* (BGME42.2) e os ND, porém, semelhantes morfológicamente a *momordica* ou *cantalupensis*, apresentaram menos dias para a flor masculina surgir.

Para a análise da FF (Tabela 2), ocorreu o inverso com o subacesso BGME42.2 de *cantalupensis* que apresentou a maior quantidade de dias para o surgimento das flores femininas, além de BGME30.0 e 113.0 (36,83 e 35,97 dias, respectivamente). Ainda foi possível inferir que para este caráter tanto os subacessos de *makuwa* sug. *nashi-uri*, quanto os de *momordica* e os ND, apresentaram-se com mais precocidade.

Possivelmente, os dados apresentados neste estudo para a quantidade de dias para o surgimento das flores masculinas e femininas foram influenciados pelos fatores climáticos apresentados na condução dos experimentos como boa luminosidade e temperaturas elevadas que favoreceram o desenvolvimento mais rápido dos frutos, proporcionando um ciclo de vida mais precoce no meloeiro (TORRES FILHO et al., 2009; SALVIANO et al., 2017).

Além disso, os dados para este estudo indicaram que em relação ao surgimento da FF e a época de colheita, os subacessos de *makuwa* subg. *nashi-uri* e *momordica* se mostraram mais precoces (32,29 e 33,73 dias para a colheita, respectivamente) quando comparados aos subacessos de *cantalupensis* e os ND (38,51 e 36,96 dias para a colheita). Faz-se necessário ressaltar que, na maioria dos casos, a precocidade pode influenciar diretamente a diminuição do teor de sólidos solúveis dos frutos (TORRES FILHO et al., 2009), o que de acordo com Taha, Omara e El Jack (2003), são fatores correlacionados negativamente. Porém, é importante informar que *makuwa* mesmo se apresentando como precoce, possui teor de açúcar mais elevado, tornando o fruto doce (PITRAT, 2016), o que é de grande interesse para os programas de melhoramento genético. Em relação às cultivares tardias, estas não possuem boa aceitação pelos produtores, pois retardam a colheita, a diminuição da quantidade de safras anuais que se pode obter com a cultura, além da maior exposição às intempéries no campo (TORRES FILHO et al., 2009).

Para a característica massa do fruto (MF) (Tabela 2), observando a geração S₁, percebeu-se variação das médias entre os subacessos BGME22.0 de *makuwa* subg. *nashi-uri*, e BGME42.2, de *cantalupensis* subg. *prescott*. A lista dos descritores do IPGRI (2003) para o meloeiro indica a existência de grupos formados quanto à massa média dos frutos, sendo classificados como pequenos (\cong 450 g), pequenos a intermediários (\cong 800 g), intermediários (\cong 1.200g), intermediários a grandes (\cong 1.600 g), grandes (\cong 2000 g), e de grande a muito grande (\cong 2.600 g).

Dessa forma, os subacessos do grupo botânico *makuwa* subg. *nashi-uri*, apresentaram menores valores quando comparados aos outros grupos botânicos estudados, chegando a uma média máxima de 0,560 kg (BGMEL113.0), o que configura o grupo com frutos pequenos a intermediários, assemelhando-se a descrição de Pitrat (2016). Ainda seguindo a classificação do IPGRI (2003), o grupo botânico *momordica* (Figura 1) apresentou valores altos para a massa média, se enquadrando no grupo de frutos intermediários a grandes, com exceção do subacesso BGMEL74.1, que apresentou fruto com massa de pequeno a intermediário, o que é coerente, também, com a classificação atual para a espécie (PITRAT, 2016). Já o grupo botânico *cantalupensis*, segundo a sua descrição botânica (PITRAT, 2016), apresenta frutos com peso intermediários, porém neste trabalho foi possível verificar a existência de frutos grandes, além do tamanho pequeno a intermediário (BGMEL30.0).

A partir disso, foi possível inferir que os grupos *momordica* e *cantalupensis* apresentaram maiores médias para a MF, além dos subacessos BGMEL27.1 e 28.2, não identificados quanto ao grupo botânico. Dessa forma, o subacesso BGMEL42.2 e os subacessos BGMEL27.1 e 28.2, podem ser indicados para seleção em programas de melhoramento por apresentar melhores valores para MF.

Quanto aos subacessos de *momordica*, mesmo expressando valores de MF satisfatórios, apresentam ruptura na epiderme dos frutos (MANOHAR; MURTHY, 2012; VALADARES et al., 2018; PITRAT, 2016), o que não é considerado um fator satisfatório para a qualidade do fruto, pois diminui a durabilidade pós-colheita comprometendo a sua comercialização (NIETZKE et al., 2009). Assim, uma estratégia para o melhoramento poderá ser trabalhada com progênies de *momordica* realizando uma seleção recorrente para que se obtenham frutos com ausência da ruptura na epiderme e que tenham boa massa, podendo, também, serem consideradas outras características, como cor da polpa, cor da epiderme, precocidade e teor de sólidos solúveis.

O descritor diâmetro do fruto (DF) (Figura 1), a partir dos subacessos, apresentou uma variação média entre BGMEL22.0 (*makuwa* subg. *nashi-uri*) e BGMEL42.2 (*cantalupensis* subg. *prescott*) (Tabela 2), sendo os subacessos do grupo botânico *makuwa* subg. *nashi-uri* os que apresentaram menor diâmetro. Para o caráter comprimento do fruto (Figura 1) na geração S₁, ocorreu uma variação média entre BGMEL71.2 (ND) e BGMEL27.2 (*momordica*), e foi notado que os acessos identificados como *momordica* apresentaram os maiores valores para esta característica, e os de *makuwa* subg. *nashi-uri* os menores valores.



Figura 1. Imagens representativas dos grupos botânicos identificados utilizados nos estudos. **A.** BGME27.2 – *momordica*; **B.** BGME22.0 - *makuwa* subgrupo *nashi-uri*; **C.** BGME30.0 – *cantalupensis* subgrupo *prescott*.

Este fator corrobora a descrição para estes grupos botânicos, pois *momordica* apresenta frutos em formato alongado, como encontrado nos frutos deste trabalho, o que consequentemente aumenta o seu comprimento, e *makuwa* possui formato elíptico, como *cantalupensis* subg. *prescott* (Figura 1), porém em menor tamanho (PITRAT, 2016). Os dados de diâmetro e comprimento do fruto (DF e CF) mostraram que estes influenciam diretamente no valor apresentado para a massa dos frutos, além de inferir que a variação encontrada para o formato do fruto dentro do germoplasma estudado, refletiu nos valores de comprimento e diâmetro observados, como visto, também, no estudo de Aragão et al. (2013).

As médias para o diâmetro da cavidade (DC) dos subacessos variaram entre BGME71.1 (ND) e BGME42.2 (*cantalupensis* subg. *prescott*) (Tabela 2) e foi observado que entre os grupos botânicos estudados, os subacessos pertencentes ao grupo botânico *makuwa* subg. *nashi-uri* apresentaram as menores médias. O comprimento da cavidade revelou que os subacessos de *momordica* apresentaram os maiores valores, e os de *makuwa* subg. *nashi-uri*, juntamente com BGME30.0 (*cantalupensis* subg. *prescott*) tiveram tamanhos menores, ocorrendo uma variação de maior e menor média entre os subacessos BGME71.2 (ND) 8,56 cm e BGME27.2 (*momordica*) 23,11 cm, respectivamente (Tabela 2).

Quando se trata da qualidade do fruto, é necessário analisar os dados exibidos para características como a cavidade do fruto e o seu diâmetro, pois cavidades e diâmetros em tamanhos menores são atributos que proporcionam diretamente uma maior resistência aos frutos pós-colheita quando estão sendo manuseados e transportados, pois estes fatores impedem que ocorra um deslocamento da placenta, fator que tende a antecipar o processo de deterioração

do fruto (SILVA et al., 2014). Assim, analisando de forma conjunta os dados de diâmetro e comprimento da cavidade, os subacessos pertencentes ao grupo *makuwa* subg. *nashi-uri*, além dos BGME23.0 e 74.2, ambos com grupo botânico não definidos, poderão ser incluídos em seleção para o programa de melhoramento, por apresentarem menores tamanhos e favorecer uma melhor qualidade dos frutos.

Para a espessura da polpa nas partes direita e esquerda do fruto (EPD e EPE) o subacesso BGME27.1 (ND) (3,36 e 3,40 cm, respectivamente) apresentou superioridade. Além disso, como esperado, os subacessos de *momordica* e *cantalupensis* subg. *prescott* apresentaram maiores médias quando comparados aos do grupo botânico *makuwa* subg. *nashi-uri*. A espessura da polpa superior (EPS) indicou ser maior quando comparada a espessura inferior (EPI), e ainda foi constatado que *makuwa* subg. *nashi-uri* apresentou medidas inferiores quando comparadas com *momordica* e *cantalupensis* subg. *prescott*.

Vale ressaltar que a maior espessura da polpa é um fator altamente relacionado à qualidade do fruto, e é uma característica desejável para os programas de melhoramento (TRIMECH et al, 2013), pois além de aumentar a parte comestível do fruto, também confere maior resistência no manuseio e processo pós-colheita (tempo de prateleira) (SILVA et al., 2014). Dessa forma, os genótipos de *momordica*, com exceção de T6COD98.1, os de *cantalupensis* e alguns ND (BGME23.0, 27.1, 28.2) apresentaram maiores valores, podendo dessa forma, serem indicados para serem trabalhados em programas de melhoramento com essa característica. Ainda é necessário afirmar que um fruto ideal, além de apresentar a polpa espessa, deve possuir cavidade interna pequena, o que relacionando esses dois fatores, o genótipo BGME23.0 (ND) apresenta essas características.

No tocante ao teor de sólidos solúveis, ocorreu variação para essa característica nas gerações estudadas, tanto na parte lateral do fruto (SSL), como na amostra de polpa homogeneizada (SSH). Dessa forma, analisando os dados dos subacessos para SSH, foi possível verificar que o grupo *makuwa* subg. *nashi-uri* apresentou, em grande parte, maiores médias para essa característica (com exceção do subacesso BGME104.0), além de alguns subacessos que não são identificados quanto ao seu grupo botânico (BGME27,1, 74,2), e outros pertencentes ao grupo *momordica* (BGME74.1, 20.0 e 27.2).

Mesmo os subacessos de *makuwa* subg. *nashi-uri* serem classificados com maiores médias para a característica SSH, é importante salientar que os valores foram menores do que o esperado, pois baseado no estudo de classificação de Pitrat (2016) e de outros autores, como Xiao-Hang et al. (2014), *makuwa* apresenta frutos mais doces. Contudo, é necessário salientar que o teor dos sólidos solúveis pode ser fortemente influenciado pelo ambiente (ARAGÃO et

al., 2013), e isso pode ter ocorrido aqui. Além disso, o grupo *momordica* apresentou valores considerados mais altos, o que chama a atenção, pois segundo estudos, este apresenta um baixo teor de açúcar, chegando a ser altamente insípido (FERGANY et al., 2011; VALADARES, et al., 2018).

O teor de sólidos solúveis é o caráter de maior importância para definir a qualidade do fruto, e o fato das médias apresentadas no estudo (Tabela 2) para o SSH não terem atingido o mínimo aceitável para os melões comerciais, que é 9 °Brix (SALVIANO et al., 2017), instigou a ser feita uma análise dos dados dentro dos subacessos para verificar se ocorreu a aparição de algum fruto com esse teor de sólidos solúveis mínimo exigido para a colheita.

Com isso, verificou-se que o teor de SSH, na geração S_1 , para o grupo *makuwa* subg. *nashi-uri* variou de 3,0° Brix (BGMEL 117.0) a 9,0 °Brix (BGMEL 22.0, 114.0 e 116.0), e quando se considerou o grupo *cantalupensis* sub. *prescott*, os valores para os dois subacessos (BGMEL30.0 e 42.2) foram de 5,0 °Brix em ambos. Já para o grupo botânico *momordica* foi observado uma variação de 3,0 °Brix (BGMEL 28.1 e 42.1) a 8,2 °Brix no subacesso BGMEL 74.1, e quando se considerou o grupo dos subacessos não definidos, os teores de SSH variaram de 2,8 °Brix (T5COD5.2) a 8,8 °Brix (BGMEL 27.1).

Assim, vale ressaltar que dentro dos subacessos provenientes da agricultura familiar da Região do Nordeste brasileiro, foram encontrados frutos do grupo *makuwa* subg. *nashi-uri* com teores de SSH com o valor mínimo exigido para os padrões comerciais, e que podem ser indicados para programas de melhoramento. Ainda, considerando outros subacessos que apresentaram teor de SSH mínimo de 8,0 °Brix, e que, também, mostram potencial para seleção, pode-se indicar a progênie de *momordica* com o subacesso BGMEL74.1, e a do subacesso com grupo botânico não definido (BGMEL 27.1). Dessa forma, poderá ser usado o processo de seleção recorrente, existindo a possibilidade de se obter progênies com maior teor de sólidos solúveis, melhorando a qualidade desse tipo de melão proveniente da agricultura tradicional.

Ao associar os dois tipos de descritores para a avaliação da variação apresentada pelos acessos (geração parental) e subacessos (geração S_1), percebeu-se que a estratégia Ward-MLM separou os acessos em três grupos para a geração parental, e dois grupos para a geração S_1 (Tabela 3).

Tabela 3. Composição dos grupos e distribuição dos acessos e subacessos em cada grupo com base na análise Ward-MLM.

Grupo	Acesso / Subacesso Geração Parental (GP)
I	BGMEL 22, 71,74,104,116,117,156
II	BGMEL 20, 27, 28, T6COD98
III	BGMEL 23, 30, 42, 113, 114, T5COD5
Geração S₁ (S₁)	
I	BGMEL 22.0, 71.2, 74.1, 74.2, 104.0, 113.0, 116.0, 117.0, 156.0
II	BGMEL 20.0, 23.0, 27.1, 27.2, 28.1, 28.2, 30.0, 42.1, 42.2, 71.1, 114.0, T5COD5.1, T5COD5.2, T6COD98.1, T6COD98.2

Os grupos estabelecidos a partir da análise multivariada (Tabela 3) indicaram a existência das suas relações morfológicas e a classificação dos grupos botânicos, apresentando semelhança com a análise comparativa das médias realizadas neste trabalho, onde, em sua maioria, agruparam acessos e subacessos pertencentes aos mesmos grupos botânicos. Além disso, os dados qualitativos apresentados demonstraram as particularidades de cada grupo botânico, auxiliando na separação juntamente com os dados quantitativos.

Foi possível detectar que na geração parental, mesmo se trabalhando sem as separações dos subacessos e suas respectivas identificações botânicas, o primeiro grupo formado foi composto de sete acessos que apresentaram características morfológicas próximas pertencentes aos grupos botânicos *makuwa* subg. *nashi-uri* e *momordica*; o segundo grupo englobou quatro acessos todos semelhantes ao grupo botânico *momordica* (Figura 1); e o grupo III seis acessos que apresentaram características morfológicas relacionadas aos grupos botânicos *makuwa* subg. *nashi-uri*, *momordica* e *cantalupensis* subg. *prescott* (Tabela 3).

Entretanto, a partir dos dados da geração S₁, com a separação dos acessos em subacessos e suas respectivas identificações botânicas (PITRAT, 2016), foi verificada a existência de apenas dois grupos (Tabela 3), que aproximaram os subacessos semelhantes morfológicamen-

te, além de mostrarem a similaridade com a formação dos grupos apresentados na geração parental (Tabela 3).

No grupo I ficaram reunidos quase em sua totalidade subacessos do grupo botânico *makuwa* subg. *nashi-uri*, ocorrendo a presença de um genótipo identificado como *momordica* (BGME74.1), que apresentou semelhança com os demais para os caracteres FM, FF, MF, SSL, SSH e alguns subacessos não definidos, que apresentaram proximidade morfológica em todos os caracteres quantitativos (Tabela 3). Isso remete ao fato de que existe uma relação entre os grupos botânicos onde, além de apresentarem diversidade genética entre os grupos, pode ocorrer introgressão de alelos entre diferentes grupos botânicos (AMORIM, et al., 2016; MACÊDO et al., 2017), pois não existem barreiras para a ocorrência de polinizações cruzadas entre os mesmos (VALADARES et al., 2017).

Para o grupo II, os subacessos identificados como *momordica* e *cantalupensis* subg. *prescott*, mostraram uma proximidade morfológica, fato que também foi observado em estudo com melões da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, notadamente acessos coletados no estado do Maranhão (ANDRADE et al., 2019). Além desses dois grupos botânicos, os subacessos não identificados, mas semelhantes morfológicamente aos grupos *momordica* e *cantalupensis* ficaram no grupo II, reforçando a ideia da introgressão de caracteres (Tabela 3). Além disso, foi detectada a presença de um acesso pertencente ao grupo *makuwa* subg. *nashi-uri* (BGME114.0), que mesmo se apresentando morfológicamente semelhante aos outros subacessos do seu grupo botânico, provavelmente tenha se encaixado no grupo II por apresentar em alguns frutos ausência de desprendimento do pedúnculo, o que foi encontrado nos outros frutos dos subacessos do seu grupo botânico, além da relação com os dados de FF que indicaram mais precocidade, como os de *momordica*.

Entre os diversos descritores utilizados neste trabalho, com a análise de Ward-MLM para o estudo da diversidade genética, foi possível inferir que na geração parental os descritores que mais contribuíram para a divergência genética entre os acessos estudados foram o comprimento da cavidade (CC) e a espessura da polpa superior (EPS) (Tabela 4), e para a geração S₁ foram o comprimento do fruto (CF), e a espessura da polpa inferior (EPI) (Tabela 4). É importante relatar que a separação dos grupos se assemelha às descrições realizadas para os distintos grupos botânicos utilizados, onde *makuwa* subg. *nashi-uri* é um fruto menor em relação aos frutos apresentados para *momordica* e *cantalupensis* subg. *prescott* (PITRAT, 2016), e conseqüentemente apresenta menores valores para os caracteres estudados quando comparados aos outros grupos, o que influencia o processo de segregação.

Tabela 4. Duas primeiras variáveis canônicas indicando a contribuição de cada um dos descritores para a separação dos grupos a partir da análise de Ward-MLM.

Descritor	Grupos – Geração Parental		Grupos – Geração S ₁	
	Can 1	Can 2	Can 1	Can 2
FM	0,020070	0,469678	-0,657856	0,065130
FF	-0,626727	0,318934	-0,049845	-0,001604
MF	0,794367	0,396317	0,741189	0,031290
DF	0,595843	0,455001	0,642033	0,064869
CF	0,820171	0,434524	0,921697	-0,060225
DC	0,501254	0,390048	0,429960	0,030298
CC	0,858493	0,397967	0,903307	-0,068932
EPD	0,738180	0,503758	0,746555	0,062084
EPE	0,613604	0,362269	0,665148	0,040387
EPS	0,367713	0,560079	0,813047	0,031303
EPI	0,521788	0,525967	0,751545	0,170417
BL	-0,464168	-0,503910	-0,778495	0,019147
BH	-0,474736	-0,390998	-0,539465	0,031972

Ao analisar as médias para os caracteres quantitativos, observou-se que as apresentadas na geração S₁ para o grupo II foram as maiores para os caracteres MF, DF, CF, DC, CC, EPD, EPE, EPS, EPI (Tabela 5), podendo-se indicar dessa forma, os subacessos desse grupo como promissores para a seleção (ARAGÃO et al., 2013). Por outro lado, o grupo I apresentou as menores médias, o que já era esperado pelo fato de que esse agrupamento se deu quase que totalmente pela presença de acessos de *makuwa* subg *nashi-uri* (Tabela 5). Porém, vale salientar que este grupo apresentou superioridade na análise comparativa de médias para os teores de sólidos solúveis (SSL e SSH) (Tabela 2), possibilitando assim, indicar os melhores subacessos com teores de sólidos solúveis para serem utilizados no melhoramento genético.

Tabela 5. Média de 13 descritores quantitativos para cada um dos dois grupos formados a partir da análise de Ward-MLM, e as duas primeiras variáveis canônicas.

Descritor	Grupos – Geração Parental			Grupos – Geração S ₁	
	I	II	III	I	II
FM	18,7314	21,6725	22,6683	30,4111	27,9133
FF	32,6343	30,0175	35,8967	32,8856	32,6780
MF	0,4429	1,3325	0,6200	0,4856	1,1133
DF	7,9029	11,2975	9,0983	8,4111	10,5500
CF	12,2686	26,3050	15,3450	12,7411	21,5787
DC	4,4286	6,0275	5,0033	4,4300	5,3727
CC	9,5514	22,4900	11,8200	10,2289	17,7360
EPD	1,7643	2,7900	2,0817	2,0111	2,6033
EPE	1,8757	2,7300	2,0950	1,9844	2,5913
EPS	1,5900	2,2900	2,0350	1,4289	2,2327
EPI	1,0914	2,0275	1,5250	1,0844	1,7040
BL	6,4529	4,1250	5,3033	6,6100	5,2960
BH	6,0243	4,0875	5,2850	5,5933	4,8867
N	7	4	6	9	15

Com isso, o estudo realizado indica que existe uma grande variação fenotípica entre os grupos botânicos estudados e os subacessos não definidos, inferindo que, de fato, *C. melo* é altamente rica em variabilidade, pois como já afirmado apresenta alto polimorfismo voltado, principalmente, para as características de frutos, sendo considerada a espécie mais diversa do gênero *Cucumis* (BURGER et al., 2010; ARAGÃO et al., 2019). Aqui, infere-se o grande potencial que esse germoplasma apresenta para serem selecionados genótipos que poderão ser utilizados em programas de melhoramento genético da espécie.

CONCLUSÕES

Existe alta variabilidade genética detectada a partir dos descritores morfoagronômicos utilizados, sendo possível indicar genótipos para o programa de melhoramento genético da espécie. Além disso, as variações dentro dos grupos botânicos encontradas para os subacessos a partir de determinados caracteres podem ser provenientes do processo de introgressão de alelos existentes entre os distintos grupos botânicos.

REFERÊNCIAS

- ANDRADE, I. S. et al. Morphoagronomic genetic diversity of Brazilian melon accessions based on fruit traits. **Scientia Horticulturae**, v. 243, p. 514-523, 2019.
- AMORIM, C. C. de et al. Morphological diversity and identification of accessions of melon. **African Journal of Agricultural Research**, v.11, p. 3622-3632, 2016.
- ARAGÃO, F. A. S. et al. Genetic divergence among accessions of melon from traditional agriculture of the Brazilian Northeast. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, p. 6356-6371, 2013.
- ARAGÃO et al. Descrição e classificação botânica do meloeiro. In: Guimarães, M. de A.; ARAGÃO, F. A. S. de. (Eds.). **Produção de Melão**. Viçosa: UFV, 2019, p. 13-21.
- BURGER, Y. et al. Genetic Diversity of Cucumis melo. **Horticultural Reviews**, v. 36 p.165-198, 2010.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v. 35, p.271-276, 2013.
- DANTAS, A. C. de A. et al. Caracterização molecular de acessos de melão coletados no Nordeste Brasileiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 34, p. 183-189, 2012.
- DECKER-WALTERS D. S. et al. The origin and genetic affinities of wild populations of melon (*Cucumis melo*, Cucurbitaceae) in North America. **Plant Systematics and Evolution**, v. 233, 183–197, 2002.
- GODOY, A. R. et al. Melhoramento genético vegetal. **Bragantia**, v. 65, p. 569-573, 2006.
- IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção agrícola municipal**. 2019. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457#resultado>>. Acesso em: 27 out. 2020.
- IPGRI - INTERNATIONAL PLANT GENETIC RESOURCES INSTITUTE. **Descriptors for melon (*Cucumis melo* L.)**. Rome: International Plant Genetic Resources Institute, 2003. 65 p.
- LIMA, L. L. de; NUNES, G. H. de S.; BEZERRA NETO, F. Coeficientes de variação de algumas características do meloeiro: uma proposta de classificação. **Horticultura Brasileira**, v. 22, p. 14-17, 2004.
- MACÊDO, S. de S. et al. Botanical identification and genetic diversity in melons from Family farming in the state of Maranhão. **Revista Caatinga**, v.30, p. 602-613, 2017.
- MANOHAR, S. H.; MURTHY, H. N. Estimation of phenotypic divergence in a collection of *Cucumis melo*, including shelf-life of fruit. **Scientia Horticulturae**, v. 148, p.74–82, 2012.
- NEITZKE, R. S. et al. Caracterização morfológica e dissimilaridade genética entre variedades crioulas de melão. **Horticultura Brasileira**, v. 27, p. 534-538, 2009.
- PITRAT, M. Melon Genetic Resources: Phenotypic Diversity and Horticultural Taxonomy. In: GRUMET, R.; KATZIR, N.; GARCIA-MAS, J. (Eds.) **Genetics and Genomics of Cucurbitaceae**, Switzerland: Springer, 2016. v. 20, p. 25-60.

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

SALVIANO, A. M. et al. **A cultura do melão**. 3. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2017. 202 p.

SAS INSTITUTE. **SAS language and procedures: Usage**. Version SAS 9.1.3 Cary: SAS Institute, 2003. 1CD-ROM.

SILVA, M. C. et al. Características produtivas e qualitativas de melão rendilhado adubado com nitrogênio e potássio. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 18, n. 6, p. 581-587, 2014.

TORRES FILHO, J. et al. Caracterização morfológica de acessos de meloeiro coletados no Nordeste brasileiro. **Revista Caatinga**, v. 22, p.174-181, 2009.

TRIMECH, R. et al. Genetic variation in Tunisian melon (*Cucumis melo* L.) germplasm as assessed by morphological traits. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 60, p. 1621–1628, 2013.

VALADARES, R. N. et. al. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações em acessos de melão do grupo *momordica*. **Horticultura Brasileira**, v. 35, p. 557-563, 2017.

Capítulo 3

**AVALIAÇÃO DE SUBCESSOS DE MELÃO (*Cucumis melo* L.) DA AGRICULTURA
FAMILIAR AO AMARELÃO DO MELOEIRO**

AValiação DE SUBCESSOS DE MELÃO (*Cucumis melo* L.) DA AGRICULTURA FAMILIAR AO AMARELÃO DO MELOEIRO

RESUMO

A região Semiárida do Nordeste brasileiro apresenta destaque na produção nacional da cultura do melão, porém, enfrenta grande problema com a doença “*amarelão do meloeiro*”, causada pelos vírus MYaV e o CABYV, que ocasionam sintomas de clorose nas folhas, e que segundo produtores podem afetar a qualidade das plantas e dos frutos. Este trabalho objetivou analisar a reação de progênies S₁ provenientes da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro ao “*amarelão do meloeiro*”, para identificar fontes de resistência, além de analisar a qualidade dos frutos obtidos com essas progênies. Foram conduzidos dois experimentos utilizando 24 subcessos, além de uma cultivar comercial do tipo amarelo (AM-SF594) como testemunha no experimento II, sob infecção natural dos vírus. No experimento I foram utilizados defensivos agrícolas (Evidence[®] e Actara[®]) para combater a mosca-branca, e no experimento II não teve nenhum controle populacional do vetor. A análise sintomatológica foi realizada com escala de notas de 0-3, onde no experimento I ocorreu avaliação aos 65 dias após o transplântio (DAT), e no experimento II avaliações aos 29, 36, 43, 50, 57 e 64 DAT, além de análise morfoagronômica dos frutos dos subcessos ao final do ciclo dos dois experimentos. Ainda no experimento I foi realizada análise molecular para identificar os vírus presentes em campo. Os dados foram submetidos à ANOVA e agrupamento de médias pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância para as variáveis: incidência do amarelão (IA%), índice de severidade dos sintomas de todas as plantas (ISS_{TP}) e índice de severidade dos sintomas de plantas doentes (ISS_{PD}). Verificou-se com o experimento I que a partir da utilização de defensivos agrícolas em campo, houve um maior controle do vetor e, dessa forma, foram detectados subcessos que não apresentaram desenvolvimento mais severo da doença e até impediu a aparição desta, enquanto que os subcessos do experimento II não apresentaram resistência ao vírus do “*amarelão do meloeiro*”. Porém, foi identificada a existência de progênies resistentes dentro de alguns subcessos com reação suscetível, sendo indicado os subcessos BGMEL22.0 (*makuwa* subg. *nashi-uri*), 27.1 (ND), 28.1 (*momordica*), 42.1 (*momordica*), 74.2 (ND) e T5COD5.2 (ND) para extração de progênies para uso em programa de melhoramento. Ainda verificou-se que, provavelmente, a doença do “*amarelão do meloeiro*” não interfira na qualidade do fruto em relação, principalmente, à massa do fruto e ao teor de sólidos solúveis.

Palavras-Chave: *Melon yellowing-associated virus*, *Cucurbit aphid-borne yellows virus*, resistência, germoplasma.

EVALUATION OF SUB-ACCESSIONS OF MELON (*Cucumis melo*) FROM FAMILY AGRICULTURE TO AMARELÃO DO MELOEIRO

ABSTRACT

The Semiarid part of the Brazilian Northeast region is highlighted in the national production of the melon crop, however, it faces a big problem with the “*amarelão do meloeiro*” disease, caused by the MYaV and CABYV viruses, which cause symptoms of chlorosis in the leaves, and which according to producers affect the quality of plants and fruits. This work aimed to analyse the reaction of S1 progenies from traditional agriculture in Northeastern Brazil to the “*amarelão do meloeiro*”, to identify sources of resistance, in addition to analyzing the quality of the fruits obtained with these progenies. Two experiments were conducted using 24 sub-accessions, in addition to a commercial yellow cultivar (AM-SF594) as a control in experiment II, under natural virus infection. In experiment I, pesticides (Evidence® and Actara®) were used to combat the whitefly, and in experiment II there was no population control of the vector. The symptomatological analysis was performed with a scale of 0-3, where in experiment I, evaluation was performed 65 days after transplantation (DAT), and in experiment II, evaluations were performed at 29, 36, 43, 50, 57 and 64 DAT, in addition to morphological analysis of the fruits of the sub-accessions at the end of the cycle of the two experiments. Also in experiment I, a molecular analysis was performed to identify the viruses present in the field. The data were submitted to ANOVA and grouping of means by the Scott-Knott test at 5% significance for the variables: incidence of yellowing (IA%), symptom severity index of all plants (ISS_{TP}) and severity index of the plants. symptoms of diseased plants (ISS_{PD}). It was verified with experiment I that from the use of pesticides in the field, there was a greater control of the vector and, therefore, sub-accessions were detected that did not present more severe development of the disease and even prevented its appearance. While the sub-accessions of experiment II did not show resistance to the “*amarelão do meloeiro*” virus. However, the existence of resistant progenies has been identified within some sub-accessions with a susceptible reaction, with sub-accessions BGMEL22.0 (*makuwa* subg. *nashi-uri*), 27.1 (ND), 28.1 (*momordica*), 42.1 (*momordica*), 74.2 (ND) and T5COD5.2 (ND) being indicated for the extraction of progenies for use in a breeding program. It was also found that, probably, the “*amarelão do meloeiro*” disease does not interfere in the quality of the fruit in relation, mainly, to the mass of the fruit and the content of soluble solids.

Keywords: *Melon yellowing-associated virus, Cucurbit aphid-borne yellows virus, resistance, germplasm.*

INTRODUÇÃO

O melão (*Cucumis melo* L.) é uma importante olerácea cultivada em várias partes do mundo, sendo considerada uma espécie altamente polimórfica e cultivada em diferentes países (BURGER et al., 2010). Entre estes, encontra-se o Brasil, que tem a região Semiárida do Nordeste como o produtor da maior parte do melão do país, tendo representação de 95,9% (PETRY; PETRY; GUIMARÃES, 2019; IBGE, 2019). Nesta região, a cultura encontra condições edafoclimáticas favoráveis para o seu bom desenvolvimento, sendo o grande motivo para que esta tenha um destaque nacional, principalmente com os tipos melhorados (MAIA et al., 2013).

No Nordeste brasileiro, o melão é cultivado em diferentes sistemas de produção, onde pode ser encontrado desde cultivos intensivos e com alta tecnologia, até cultivos na agricultura tradicional, onde os agricultores familiares manuseiam as suas próprias sementes e as passam de geração para geração (QUEIRÓZ et al., 2015). Porém, mesmo com grande potencial de produção, a cultura do melão ainda enfrenta sérios problemas referentes a várias doenças que podem ocorrer e afetar o desenvolvimento sadio da planta e conseqüentemente dos frutos (LIMA, 2011; SALVIANO et al., 2017).

Entre os diferentes tipos de doenças, existem as que são causadas por vírus e apresentam grande destaque, pois provocam danos que podem ocasionar até 100% de perdas na qualidade dos frutos, pois algumas espécies de vírus, como o *Papaya ringspot virus – tipo Watermelon* (PRSV-W), *Watermelon mosaic virus* (WMV), *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV), *Squash mosaic virus* (SqMV) e o *Cucumber mosaic virus* (CMV), que infectam a cultura do meloeiro, induzem o surgimento de vários sintomas nas plantas desde mosaicos foliares, nanismo, deformações foliares e dos frutos, até o amarelecimento das folhas, como também podem apresentar elevadas incidências e distintas severidades, afetando assim, a qualidade dos frutos e, conseqüentemente, a perda na produtividade do melão (LIMA et al., 2009a; LIMA et al., 2009b; LIMA, 2011; LIMA et al., 2012; DHILLON et al., 2015). Ainda não existe um controle curativo para as viroses, e dessa forma se torna difícil serem controladas até mesmo com a utilização química, onde a aplicação de inseticidas no controle dos vetores desses vírus pode ser pouco eficiente, pois muitas vezes a inoculação dos vírus nas plantas pode ter ocorrido antes desses defensivos terem algum efeito sobre o vetor (LIMA, 2011).

Entre as viroses que acometem o meloeiro, encontra-se o “*amarelão do meloeiro*”, que afeta em grande escala as plantações, e possui como agentes causais o *Melon yellowing-associated virus* (MYaV) e o *Cucurbit aphid-borne yellows virus* (CABYV). Essa virose foi

descoberta em plantações do Nordeste brasileiro no ano de 1997, sendo os vírus transmitidos pela mosca-branca (*Bemisia tabaci* (Genn.) *Middle East Asia Minor 1* (MEAM1 ou antigo biótipo B) (NAGATA et al., 2003; NAGATA et al., 2005).

A doença do amarelão apresenta elevada incidência e é um grande entrave que afeta a indústria do melão no Semiárido brasileiro (COSTA, 2018). Esses vírus propiciam nas folhas mais velhas uma forte coloração amarela, ou até mesmo mosaico com pontuações cloróticas e clareamento das nervuras, resultando em um amarelecimento generalizado da planta, além de, segundo produtores causarem uma redução drástica no teor de sólidos solúveis dos frutos, fator este que, interfere na comercialização dos frutos nos mercados interno e externo (NAGATA et al., 2003; NAGATA et al., 2005; ÁVILA; REIS, 2007; LIMA et al., 2008; COSTA, 2018; COSTA et al., 2019).

Mesmo os tipos comerciais sendo resultantes do processo de melhoramento, são acometidos por essa doença, o que leva a necessidade de estudos aprofundados para o controle desse estresse biótico, pois ainda são medidas difíceis, sendo a forma mais eficaz a prevenção, onde o ideal é retardar a infecção no campo, o que se torna mais complexo em área aberta e com produções de larga escala (ÁVILLA; REIS, 2007; LIMA, 2011). Além disso, o emprego de defensivos agrícolas para combater o vetor do *amarelão do meloeiro*, a mosca-branca, ainda não é muito eficiente, pois é necessário ter determinada combinação química na aplicação que seja eficiente para o correto estágio de desenvolvimento do vetor (ovos, ninfas, adultos), ou até mesmo para o bloqueio da alimentação do inseto, fato que exige monitoramento no campo para estar ciente do estágio do inseto, antes da aplicação do inseticida (INOUE-NAGATA; LIMA; GILBERTSON, 2016).

Outros fatores importantes são as questões da dosagem a ser utilizada, o modo de aplicação, e o tempo, pois o uso constante do mesmo ingrediente ativo pode favorecer a seleção e multiplicação de indivíduos resistentes, como também pode ocasionar danos ao meio ambiente, e até mesmo aos produtores (INOUE-NAGATA; LIMA; GILBERTSON, 2016). Dessa forma, a maneira mais eficiente para que se tenha o controle da doença é a utilização de genótipos que se apresentam com algum nível de resistentência aos vírus.

Ainda não existem disponíveis no mercado genótipos de melão, que passaram pelo melhoramento genético, com resistência ao vírus do amarelão, o que se torna importante destacar que as variedades tradicionais de melões, que são encontradas no Nordeste brasileiro, possuem uma grande variabilidade em suas características morfológicas, além de possuírem materiais com resistências a vários tipos de estresses que poderão ser utilizados em programas

de melhoramento para que assim, sejam selecionados novos tipos como fontes de genes de adaptação e resistência (NEITZKE et al., 2009).

Com isso, buscando aprofundar o conhecimento sobre o germoplasma coletado da agricultura familiar dos estados da Bahia, Piauí, e notadamente do Maranhão, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a reação das progênies S_1 ao estresse biótico “*amarelão do meloeiro*”, buscando assim, identificar fontes de resistência aos vírus para a utilização destes genótipos em futuros trabalhos de melhoramento vegetal da espécie *C. melo*, além de avaliar a qualidades dos frutos obtidos nessas progênies.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram realizados dois experimentos sob condições de infecção natural, sendo utilizados 24 subacessos de melão (Tabela 1) da agricultura tradicional dos estados da Bahia, do Piauí e, notadamente, do Maranhão que foram coletados entre os anos de 1991 a 1998, e que passaram pelo processo de polinização controlada (autopolinização) para obtenção da geração S₁, no segundo semestre de 2018. Além destes, no segundo experimento foi utilizada uma testemunha identificada como melão comercial do tipo Amarelo AM – SF594 (Tabela 1). Todos esses materiais encontravam-se armazenados no Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro, localizado na Embrapa Semiárido, em Petrolina-PE, em câmara fria com 10 °C e 40% de umidade relativa.

Para ambos os experimentos foi utilizada a área de campo experimental para culturas anuais, pertencente ao Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais da Universidade do Estado da Bahia (DTCS/UNEB), localizada no município de Juazeiro-BA, situada a 09°26'18'' Sul de latitude e 40°30'19'' Oeste de longitude com uma altitude de 368 metros, além dos laboratórios de Fitopatologia e Biotecnologia e de Genética pertencentes à Embrapa Semiárido, localizada em Petrolina-PE, para a realização de análises moleculares do experimento I.

Tabela 1. Dados de passaporte dos subacessos pertencentes ao BAG de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro utilizados para as avaliações do *amareão do meloeiro*.

Subacesso	Experimentos utilizados	Município e Estado	Coordenadas Geográficas
BGMEL20.0 <i>momordica</i>	I e II	Nova Iorque/ MA	06°37'49"S 43°57'38"O
BGMEL22.0 <i>makuwa</i> subg. <i>nashi-uri</i>	I e II	Pastos Bons/ MA	06°35'59"S 44°04'21"O
BGMEL23.0 ND	I e II	Ibipeba/ BA	11°38'29"S 42°00'45"O
BGMEL27.1 ND	I e II	Jacobina/ BA	11°11'08"S 40°32'10"O
BGMEL27.2 <i>momordica</i>	I e II	Jacobina/ BA	11°11'08"S 40°32'10"O
BGMEL28.1 <i>momordica</i>	I e II	Jacobina/ BA	11°11'08"S 40°32'10"O
BGMEL28.2 ND	I e II	Jacobina/ BA	11°11'08"S 40°32'10"O
BGMEL30.0 <i>cantalupensis</i> subg. <i>prescott</i>	I e II	Altos/ PI	05°02'24"S 42°27'41"O
BGMEL42.1 <i>momordica</i>	I e II	São Luiz Gonzaga do Maranhão/ MA	04°22'51"S 44°22'51"O
BGMEL42.2 <i>cantalupensis</i> subg. <i>prescott</i>	I e II	São Luiz Gonzaga do Maranhão/ MA	04°22'51"S 44°22'51"O
BGMEL71.1 ND	I e II	Brejo/ MA	03°41'07"S 42°45'04"O
BGMEL71.2 ND	I e II	Brejo/ MA	03°41'07"S 42°45'04"O
BGMEL74.1 <i>momordica</i>	I e II	Barra do Corda/ MA	05°30'21"S 45°14'06"O
BGMEL74.2 ND	I e II	Barra do Corda/ MA	05°30'21"S 45°14'06"O
BGMEL104.0 <i>makuwa</i> subg. <i>nashi-uri</i>	I e II	Coroatá/ MA	04°07'31"S 44°07'49"O
BGMEL113.0 <i>makuwa</i> subg. <i>nashi-uri</i>	I e II	Arari/ MA	03°27'38"S 44°46'56"O
BGMEL114.0 <i>makuwa</i> subg. <i>nashi-uri</i>	I e II	Arari/ MA	03°27'38"S 44°46'56"O
BGMEL116.0 <i>makuwa</i> subg. <i>nashi-uri</i>	I e II	São Vicente Ferrer – Distrito Santa Rosa/ MA	02°53'44"S 44°52'53"O
BGMEL117.0 <i>makuwa</i> subg. <i>nashi-uri</i>	I e II	São Vicente Ferrer – Distrito Santa Rosa/ MA	02°53'44"S 44°52'53"O
BGMEL156.0 <i>makuwa/nashi-uri</i>	I	MA	-*
T5 COD5.1 ND	I e II	MA	-*
T5 COD5.2 ND	I e II	MA	-*

T6 COD98.1 <i>momordica</i>	I e II	MA	-*
T6 COD98.2 ND	I e II	MA	-*
COMERCIAL – Tipo Amarelo – AM – SF594	II	–*	–*

-* Sem informação do município, das coordenadas geográficas.

O primeiro experimento foi realizado de dezembro de 2018 a março de 2019, e o segundo foi conduzido no segundo semestre de 2019, especificamente de setembro a dezembro, onde para o primeiro experimento a temperatura média entre os meses de estudo foi de 27,25 °C e a precipitação média foi de 2,75 mm; e para o segundo experimento foi de 27,63 °C e 1,57 mm, respectivamente (AGRITEMPO, 2021). Para isso, foram utilizadas sementes de melão da geração S₁, onde foram semeadas 20 de cada subacesso em bandejas plásticas preenchidas com substrato comercial *Plantmax*[®] em casa de vegetação, coberta com sombrite de 50% de luminosidade, sendo irrigadas uma vez ao dia. Foi utilizado fungicida, tendo como princípio ativo o Metalaxil-M e o Mancozebe, como tratamento preventivo para o tombamento das mudas.

Depois de 20 dias após a semeadura (DAS), as mudas foram transplantadas para a área de campo experimental cujo solo foi previamente preparado com aração e gradagem. Para os dois experimentos o delineamento utilizado foi em blocos casualizados completos, tendo três repetições e cinco plantas por parcela em um espaçamento de 2,5 m entre fileiras e 0,8 m entre plantas, mantidas sob irrigação do tipo gotejamento. Durante a condução dos experimentos foram realizadas capinas e monitoramento do estado fitossanitário das plantas. No experimento I foram feitas aplicações de defensivos agrícolas para o controle de algumas doenças e pragas, como o Lanate[®]BR, para lagartas, o Evidence[®] 700 WG para mosca-minadora e mosca-branca e o Actara[®] 250 WG para mosca-branca. O Evidence[®] foi aplicado uma vez durante o período em que as mudas estavam ainda em bandejas em casa de vegetação e o Actara[®] aplicado duas vezes após o transplântio, sendo a primeira vez aos 30 dias após o transplântio (DAT), e a segunda aos 39 DAT.

ANÁLISES FENOTÍPICAS

Incidência do vírus do *amarelão do meloeiro* e gravidade dos sintomas

Todo o processo para a avaliação da incidência e da severidade do vírus do *amarelão do meloeiro* foi realizado em campo. No primeiro experimento foi realizada apenas uma avaliação aos 65 dias após o transplante (DAT), porém, foi identificada a necessidade de acompanhar o desenvolvimento da doença desde o seu surgimento. Assim, no segundo experimento, as avaliações foram realizadas a partir da ocorrência dos primeiros sintomas nas plantas e foram acompanhadas para coleta de dados semanalmente, totalizando seis avaliações realizadas até o final do ciclo, sendo a primeira aos 29 DAT, seguidas de avaliações semanais aos 36, 43, 50, 57 e 64 DAT. Para isso, foi utilizada uma escala visual de notas de zero (0) a três (3) (Figura 1), sendo as notas atribuídas por planta, conforme utilizado por McCreight e Wintermantel (2011) modificado (Tabela 2).

Tabela 2. Escala visual de notas para quantificar a severidade do *amarelão do meloeiro* (AMA).

Nota	Sintoma	Área afetada da planta (%)	*Reação
0	Ausência de clorose nas folhas	0%	AR- Altamente resistente
1	Início de clorose nas folhas, sendo considerado um amarelamento leve	Até 35%	R- Resistente
2	Amarelecimento moderado	35-70%	S- Suscetível
3	Amarelecimento severo das folhas, tendo uma forma generalizada de infecção na planta	70-100%	AS- Altamente suscetível

*Reação em função da média da parcela: **AR**- altamente resistente: 0; **R**- resistente: >0 e $\leq 1,5$; **S** – suscetível: $>1,5$ e $\leq 2,5$; **AS** - altamente suscetível: $> 2,5$.

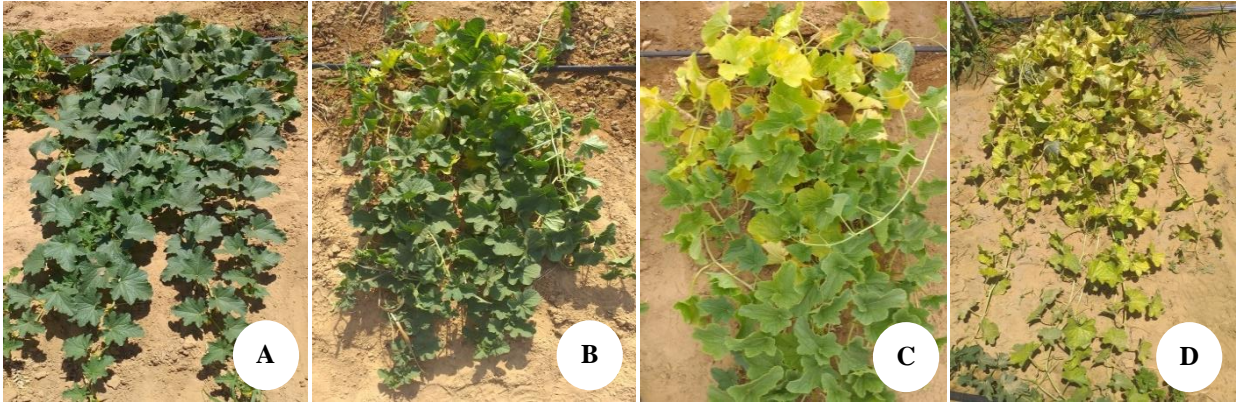


Figura 1. Imagens representativas baseadas nas escalas de notas (0-3) utilizadas no presente estudo. **A.** Nota 0: Ausência de clorose nas folhas; **B.** Nota 1: Início de clorose nas folhas, sendo considerado um amarelecimento leve; **C.** Nota 2: Amarelecimento moderado; **D.** Nota 3: Amarelecimento severo das folhas, tendo uma forma generalizada de infecção na planta. Fotos: BARBOSA, BLR, 2018.

A partir da coleta de dados foram calculadas a incidência do amarelão (IA%), o índice de severidade dos sintomas de todas as plantas (ISS_{TP}) e o índice de severidade dos sintomas de plantas doentes (ISS_{PD}), segundo metodologias propostas por Njock e Ndip (2007) e Elegba et al. (2013).

- a. Incidência do amarelão (IA%) – estimada pelo número de plantas infectadas sobre o número total de plantas, onde o valor foi expresso em porcentagem, seguindo a fórmula:

$$IA\% = \frac{NPI}{NTP} \times 100, \text{ onde: } NPI = \text{número de plantas infectadas; } NTP = \text{número total de plantas.}$$

- b. Índice de severidade dos sintomas de todas as plantas (ISS_{TP}):

$$ISS_{TP} = \frac{\sum(SXs)}{\sum(Xs)}, \text{ onde: } S = \text{nota da severidade (0-3); } X = \text{número de plantas com nota de severidade (0-3).}$$

- c. Índice de severidade dos sintomas de plantas doentes (ISS_{PD}):

$$ISS_{PD} = \frac{\sum(SXs)}{\sum(Xs)}, \text{ onde: } S = \text{nota da severidade (1-3); } X = \text{número de plantas com nota de severidade (1-3).}$$

Avaliação morfoagronômica dos frutos

Para o estudo morfoagronômico foi utilizada uma média de nove frutos por subacesso, onde foi escolhido ao acaso três frutos por repetição, para a realização das seguintes análises:

- **Massa do fruto (MF):** obtido em kg;
- **Comprimento do fruto (CF):** obtido pela medida do diâmetro longitudinal do fruto, expresso em cm, utilizando uma régua;
- **Diâmetro do fruto (DF):** obtido pela medida do diâmetro transversal do fruto, expresso em cm, utilizando uma régua;
- **Espessura da polpa (EP):** mensurada com uma régua no lado direito dos frutos, medida em cm;
- **Número de frutos por planta (NF):** obtido pela contagem do número total de frutos de cada planta;
- **Sólidos solúveis (SS):** determinados com um refratômetro digital, com uma pequena amostra de suco homogeneizado extraído do fruto, expresso em °Brix.

ANÁLISE MOLECULAR

Foram coletadas folhas de melão com sintomas do *amarelão do meloeiro* aos 52 DAT no primeiro experimento. Após esse processo, foi realizada a extração do RNA a partir de pecíolos e de folhas de meloeiro conforme o protocolo do QIAzol™ Lysis Reagent. A etapa da transcrição reversa (RT), para a obtenção do DNA complementar (cDNA), foi realizada conforme descrito no protocolo da GoScript™ Reverse Transcriptase, com a utilização dos *primers reverse* de cada par específico descritos na posterior etapa de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR). Posteriormente, para o PCR foram utilizados *primers* descritos por Costa (2018), como indicado na Tabela 3.

Tabela 3. *Primers* utilizados na Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) para os vírus *Melon yellowing-associated virus* (MYaV), *Cucurbit aphid-borne yellows virus* (CABYV) *Melon necrotic spot virus* (MNSV) e *Cowpea mild mottle virus* (CPMMV).

Vírus	PRIMER	
	<i>Reverse</i>	<i>Forward</i>
MYaV	MYaV_5822_Rev (ACCCAGGTGTG-TTTTGATATAC)	MYaV_5592_For (ACGAGGTGT-TACCCGATAAATTC)
MNSV	MNSV_2591_Rev (CGATTCAGAGATAGCATCATTGGC)	MNSV_2142_For (AGTTGGCTTG-TGTGGCTTATC)
CABYV	CABYV_3348_Rev (AGACCGCAATTCATTGAGAATGG)	CABYV_2769_For (AACGCCCTCGGAATTGATCACC)
CPMMV	CPMMV_6943_Rev (TCTGCCATCTCACTATCCA)	CPMMV_5881_For (GAAATTACRGGAGAAGTGCC)

Após a RT, foi adicionado em cada tubo de PCR: 2 µL de cDNA, 2,5 µL de 10X tampão de reação, 1µL de 50 mM MgCl₂, 0,5 µL de dNTP mix 10 mM, 1,3 µL de *primer forward* (10 pmol), 1,3 µL de *primer reverse* (10 pmol) e uma unidade de Taq DNA Polimerase DNA Express™ e completou-se cada tubo com água Milli-Q autoclavada, até o volume total de 25 µL. Os fragmentos foram amplificados em termociclador nas temperaturas de 94 °C por 3 minutos, trinta e cinco ciclos de 94 °C por 1 minuto, 56 °C por 30 segundos e 72 °C por 1 minuto e ao final a temperatura de 72 °C por 7 minutos. Após amplificação, os fragmentos foram submetidos à eletroforese e visualizados sob luz ultravioleta em gel de agarose a 1,5% corado com brometo de etídio. E a análise para a identificação do vírus foi realizada a partir da presença e ausência de bandas nos géis.

ANÁLISES ESTATÍSTICAS

Para as análises estatísticas, os dados quantitativos foram submetidos à estatística descritiva, além de serem aplicados os testes de normalidade e homogeneidade. Após esse processo, foi realizada a análise de variância (ANOVA), e o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott a 5% de significância. Todo o processo foi realizado utilizando o *software* Genes (CRUZ, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para verificação da significância dos dados analisados para as variáveis índice de severidade dos sintomas de todas as plantas (ISS_{TP}), índice de severidade dos sintomas de plantas doentes (ISS_{PD}) e índice de incidência do amarelão (IA%) dos dois experimentos (Tabelas 4 e 5), foram observadas diferenças significativas entre os subcessos estudados, o que indica a existência de variabilidade entre os subcessos, com exceção da variável ISS_{PD} na primeira avaliação do experimento II (Tabela 5) que não foi significativa.

Tabela 4. Dados do primeiro experimento aos 65 dias após o transplante (DAT) para o índice de severidade dos sintomas de todas as plantas (ISS_{TP}), índice de severidade dos sintomas de plantas doentes (ISS_{PD}), reação dos subcessos ao vírus do amarelão, coeficiente de variação (CV%) para cada característica analisada e nível de significância pelo teste F para 24 subcessos de melão da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro.

BGMEL	Grupo botânico	ISS _{TP}	ISS _{PD}	Reação
20.0	<i>momordica</i>	1,45 b	1,55 b	R
22.0	<i>makuwa</i> subg. <i>nashi-uri</i>	1,32 b	2,84 a	R
23.0	ND	0,70 b	1,17 b	R
27.1	ND	1,76 a	2,02 a	S
27.2	<i>momordica</i>	1,27 b	1,27 b	R
28.1	<i>momordica</i>	0,55 b	0,75 c	R
28.2	ND	0,00 b	0,00 c	AR
30.0	<i>cantalupensis</i> subg. <i>prescott</i>	2,93 a	2,93 a	AS
42.1	<i>momordica</i>	0,33 b	0,33 c	R
42.2	<i>cantalupensis</i> subg. <i>prescott</i>	2,13 a	2,13 a	S
71.1	ND	1,55 a	1,55 b	S
71.2	ND	2,48 a	2,48 a	S
74.1	<i>momordica</i>	2,42 a	2,42 a	S
74.2	ND	2,67 a	2,67 a	AS
104.0	<i>makuwa</i> subg. <i>nashi-uri</i>	1,95 a	2,1 a	S
113.0	<i>makuwa</i> subg. <i>nashi-uri</i>	0,91 b	1,38 b	R
114.0	<i>makuwa</i> subg. <i>nashi-uri</i>	1,03 b	1,47 b	R
116.0	<i>makuwa</i> subg. <i>nashi-uri</i>	2,16 a	2,16 a	S
117.0	<i>makuwa</i> subg. <i>nashi-uri</i>	1,91 a	2,07 a	S
156.0	<i>makuwa</i> subg. <i>nashi-uri</i>	2,39 a	2,39 a	S
T5COD5.1	ND	2,0 a	2,1 a	S
T5COD5.2	ND	1,66 a	2,43 a	S
T6COD98.1	<i>momordica</i>	1,53 a	1,53 b	S
T6COD98.2	ND	2,24 a	2,24 a	S
CV (%)		37,89	24,43	
Teste F		**	**	

ND: não definido. Reação em função da média do subcesso: AR- altamente resistente: 0; R- resistente: >0 e ≤ 1,5; S- suscetível: >1,5 e ≤2,5; AS- altamente suscetível: > 2,5. Nível de significância: **, * Significativo a 1% e 5% de significância pelo teste F, respectivamente. Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-knott.

ND: não definido. **AV.:** avaliação sintomatológica do vírus do *amarelo do meloeiro*, onde: **AV₁** - aos 29 dias após o transplante (DAT); **AV₂** - aos 36 DAT; **AV₃** - 43 DAT; **AV₄** - 50 DAT; **AV₅** - 57 DAT; **AV₆** - 64 DAT. **Reação** em função da média do subacesso: **AR**- altamente resistente: 0; **R**- resistente: >0 e $\leq 1,5$; **S** – suscetível: $>1,5$ e $\leq 2,5$; **AS** - altamente suscetível: $> 2,5$. **Nível de significância:** ns: não significativo; **, *: Significativo a 1% e 5% de significância, respectivamente, pelo teste F. Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-knott.

A partir das informações detalhadas das tabelas dos experimentos realizados (Tabelas 4 e 5), foi observado que os dados apresentados para os experimentos I e II foram distintos, além dos gráficos informados para a incidência da doença (Figuras 2 e 3), que implicam afirmar que a incidência do amarelo se apresentou menor no final do ciclo para o primeiro experimento realizado. Quando comparados os dados de incidência de plantas infectadas pelo vírus do amarelo aos 64 e 65 DAT (últimas avaliações realizadas nos experimentos II e I, respectivamente) (Figuras 2 e 3), foi verificado que 100% das plantas dos subacessos do segundo experimento encontravam-se com elevada incidência do amarelo desde a quinta avaliação, enquanto que no primeiro experimento (Figura 2) alguns subacessos se apresentavam com baixa incidência, a exemplo do subacesso BGMEL28.2, que não apresentou infecção para a virose, BGMEL42.1 com 33,33%, e BGMEL22.0 e 28.1 com 46,66% de plantas com sintomas visuais.

Ainda é notório citar que para a porcentagem de plantas dos subacessos afetadas pela virose do *amarelo do meloeiro* no experimento II (Figura 3), o subacesso BGMEL22.0 foi o que mais se mostrou tardio para infecção generalizada das plantas, pois até a quarta avaliação (50 DAT), ainda se apresentava com uma porcentagem de 33,33% de plantas infectadas, enquanto que os outros subacessos já ultrapassavam mais de 50% de infecção a partir da segunda avaliação (36 DAT) realizada.

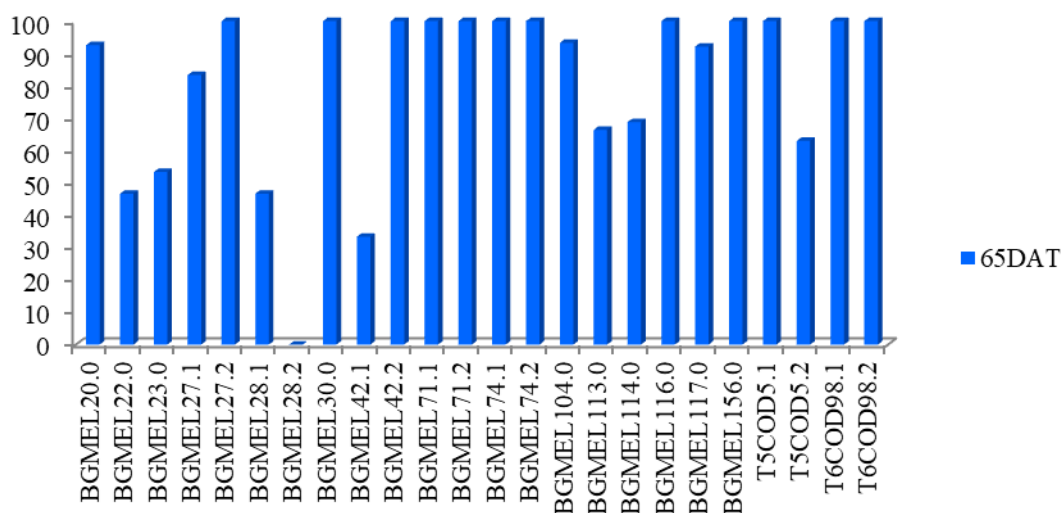


Figura 2. Gráfico para a análise do índice de incidência do amarelo (IA%) no primeiro experimento com apenas uma avaliação aos 65 DAT, para os 24 subcessos de meloeiro da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro.

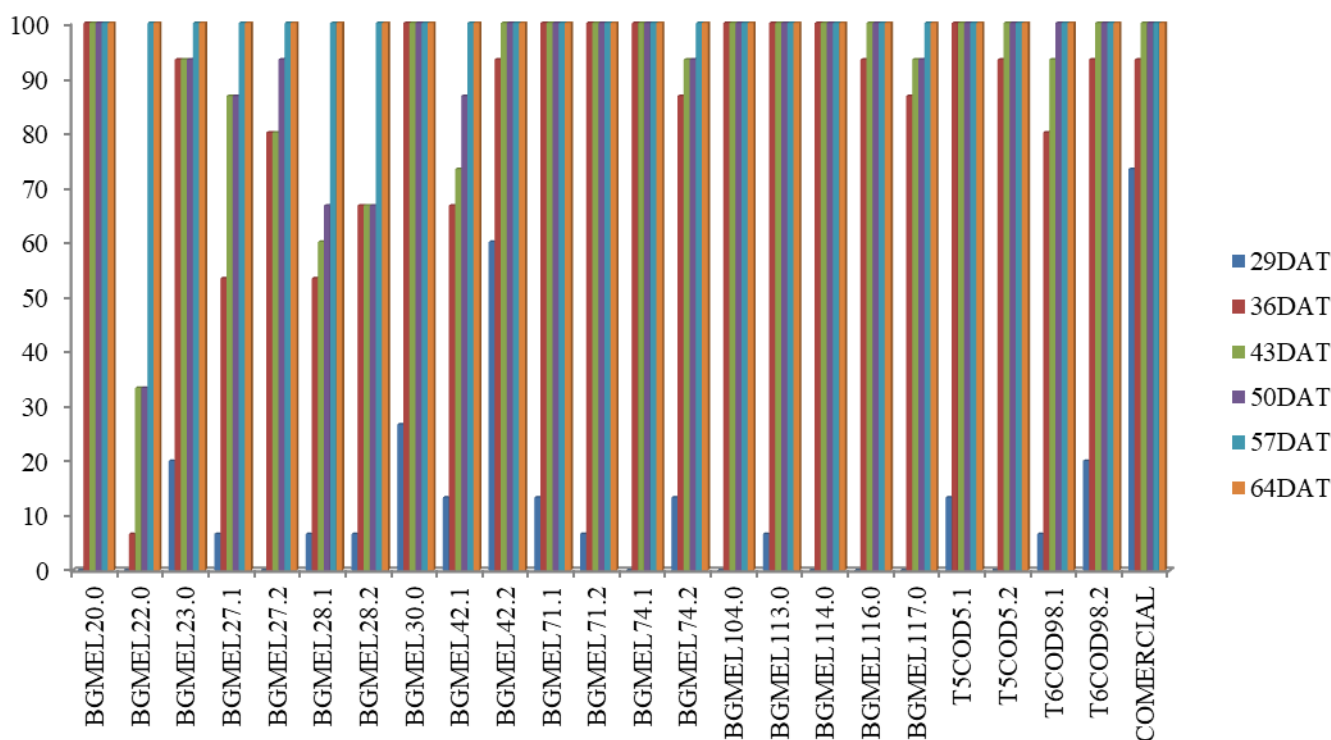


Figura 3. Gráfico para a análise do índice de incidência do amarelo (IA%) no segundo experimento com seis avaliações (29, 36, 43, 50, 57 e 64 DAT), para os 24 subcessos de meloeiro da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro.

Aqui se faz necessário ressaltar que a elevada incidência da virose do *amarelão do meloeiro* pode ser impedida pela possibilidade de escape, pois a transmissão do vírus em campo pode ser influenciada pelas condições ambientais e climáticas (SILVEIRA et al., 2009), além do controle do vetor da doença, a mosca-branca (*Bemisia tabacci* (Genn.) biótipo B (SANTOS et al., 2004; NAGATA et al., 2005), por meio de defensivos agrícolas. Dessa forma, pode ser inferido que provavelmente a baixa incidência do amarelão nas plantas do experimento I (Figura 2) se deu pelo uso de inseticida que pode ter provocado a diminuição populacional da mosca-branca, o que não foi utilizado no experimento II (Figura 3), que apresentou uma população alta do vetor em campo. Além disso, apesar da mosca-branca preferir períodos quentes e secos, com pouca chuva, e serem vistas geralmente entre os meses de dezembro a março (INOUE-NAGATA et al., 2016), exatamente o mesmo período que foi realizado o primeiro experimento, o segundo experimento realizado entre os meses de setembro a dezembro, teve uma pequena elevação da temperatura, e uma menor quantidade de chuva, o que também pode ter influenciado a maior elevação de incidência da virose do *amarelão do meloeiro* neste experimento.

Elevadas populações de mosca-branca geralmente são associadas aos sintomas do *amarelão do meloeiro* (LIMA et al., 2012), e dessa forma é importante salientar que esta virose já foi observada em campos de produtores da região Semiárida do Nordeste brasileiro com uma presença generalizada (100% de incidência) (LIMA et al., 2008; LIMA et al., 2009) como visto, também, nesse estudo. Além disso, o amarelecimento das folhas é de forma progressiva onde aos 55-60 dias todas as plantas podem apresentar um intenso amarelo (LIMA et al., 2012), pois cerca de 25 dias após os primeiros sintomas da doença, a plantação pode estar altamente afetada, o que irá depender da suscetibilidade da planta e da população do vetor (SANTOS et al., 2008; COSTA, 2016).

Como o segundo experimento (Figura 3) foi avaliado de forma mais detalhada, desde o surgimento da doença, até o final do ciclo do meloeiro, sendo realizado um total de seis avaliações em campo, foi possível verificar que a virose do amarelão começou a se instalar a partir dos 29 DAT, que foi quando ocorreu a primeira avaliação, sendo o subacesso BGMEL42.2 (*cantalupensis*) e a cultivar comercial um dos primeiros que apresentaram sintomas visuais da doença, e que possuíram a maior quantidade de plantas infectadas nesse período, com 10 e nove plantas, respectivamente. Porém, verificou-se que estes dois tratamentos mesmo sendo os primeiros a apresentarem sintomas visuais da virose do amarelão, somente na terceira avaliação (43 DAT) completaram 100% de plantas infectadas, enquanto que os subacessos BGMEL 20.0, 30.0, 71.1, 71.2, 74.1, 104.0, 113.0, 114.0 e T5COD5.1, apresentaram 100% de

infecção a partir dos 36 DAT, tendo um processo de generalização da infecção das plantas mais rápido (Figura 3).

Essa quantidade de dias verificada para o surgimento dos primeiros sintomas da virose em campo condiz com informações apresentadas em estudos onde afirmam que uma das características apresentadas pelos vírus que causam o amarelão, o MYaV e o CABYV, é que os sintomas, geralmente, se manifestam de forma tardia, por volta de 25-30 dias após o plantio, onde as folhas mais velhas do meloeiro começam a apresentar um forte amarelecimento, e as intermediárias, na maioria das vezes, um mosaico com pontuações cloróticas, sendo uma doença que se inicia da parte basal para o ápice, em que os ponteiros das ramas podem permanecer sem a apresentação dos sintomas da virose (ÁVILLA; REIS, 2007; LIMA et al., 2008), como verificado neste estudo (Figura 1).

A severidade do amarelão a partir do ISS_{TP} e ISS_{PD} no experimento I (Tabela 4) indicou que os subacessos BGME30.0 de *cantalupensis* e 74.2 ND foram os que se apresentaram como altamente suscetíveis, onde mostraram um amarelecimento severo das folhas de forma generalizada, com média de 2,93 e 2,67, respectivamente; o subacesso BGME28.2 como altamente resistente, de acordo com a tabela de reação, e os subacessos BGME20.0, 22.0, 23.0, 27.2, 28.1, 42.1, 113.0 e 114.0 como resistentes, onde estas duas últimas reações podem ter sido observadas por conta da aplicação dos inseticidas que, provavelmente, tornaram os subacessos menos vulneráveis aos vírus, tendo nenhuma apresentação de sintomas da virose nas plantas, ou apenas o início de uma clorose, apresentando um amarelecimento de forma leve.

Porém, analisando os mesmos índices no segundo experimento (Tabela 5), livre de qualquer aplicação de inseticida, nenhum subacesso se apresentou como altamente resistente ou resistente, e os subacessos que no primeiro experimento apresentaram essas reações (com ausência de clorose, ou apenas com o início de uma clorose nas folhas) por conta da exposição ao defensivo agrícola, mostraram desempenhos que foram de suscetíveis a altamente suscetíveis, onde os subacessos BGME20.0, 28.2 e 113.0, de *momordica*, ND e *makuwa*, respectivamente, foram altamente suscetíveis, e os restantes suscetíveis.

Os subacessos de *cantalupensis* (BGME30.0 e 42.2), os de *makuwa* (BGME104.0, 113.0, 116.0 e 117.0) e os com grupos não definidos (BGME71.1, 72.2, T5COD5.1), além da cultivar comercial, que já era esperada, apresentaram as maiores médias de severidade da doença, nota 3 (Figura 4), ao final do experimento II (Tabela 5). A menor média para a severidade entre os subacessos estudados foi para BGME28.1, *momordica*, com severidade de 1,90 aos 64 DAT (Figura 5), o enquadrando como suscetível, porém com uma severidade me-

nor, o que ainda pode ser observado que este subacesso possuiu um desenvolvimento mais lento da doença entre os DAT, tendo um acentuamento da virose já no final do ciclo do meloeiro. Além desse subacesso podem ser citados os subacessos BGMEL22.0, 23.0, 27.1, 27.2, 42.1, 114.0, T5COD5.2 que foram suscetíveis (Tabela 5), apresentando um amarelecimento moderado das folhas, porém, com severidade do amarelão do meloeiro menos acentuada quando comparados aos outros subacessos estudados, e que o teste de Scott-Knott mostrou aproximação no mesmo grupo para todos os suscetíveis na sexta avaliação (Tabela 5).

Porém, os dados aqui informados são para as médias apresentadas para a severidade da doença nos subacessos, mas é importante informar que mesmo alguns subacessos se apresentando como suscetíveis, ou até mesmo altamente suscetíveis, possuíram plantas com um grau menor de severidade do amarelão do meloeiro, tendo uma classificação de nota um (1), indicando, dessa forma, que a planta apresentava apenas o início de uma clorose nas folhas, com um grau leve de amarelecimento. Entre esses subacessos encontraram-se BGMEL22.0, 27.1, 28.1, 42.1, 74.2 e T5COD5.2, onde essas plantas com menor severidade observadas ao final da avaliação (64 DAT), poderão ser selecionadas para que sejam autofecundadas e se obtenham progênes para que seja dada continuidade a seleção em busca de genótipos com resistência ao vírus do amarelão.



Figura 4. Representação de subacessos com nota de severidade 3, indicando um amarelecimento severo das folhas. **A.** BGMEL30.0 – *cantalupensis* subg. *prescott*; **B.** Cultivar de melão tipo amarelo (AM – SF594). Fotos: BARBOSA, BLR. 2019.



Figura 5. **A.** Plantas do subacesso BGME28.1 (*momordica*) que se apresentou com menor nota de severidade aos 64 DAT. **B.** Planta com nota de severidade 1, observada dentro do subacesso. Fotos: BARBOSA, BLR. 2019.

Entre os subacessos suscetíveis, o mais lento para o desenvolvimento do amarelão do meloeiro foi o subacesso BGME22.0 (*makuwa*), analisando as seis avaliações realizadas em campo, e que se mostrou mais tardio para a apresentação dos sintomas visuais da doença, apresentando amarelecimento leve apenas aos 36 DAT (Tabela 5). O subacesso que demonstrou maior desenvolvimento da virose, e com maior rapidez entre as seis avaliações foi a cultivar comercial, seguido do subacesso BGME42.2, de *cantalupensis*. Com isso, todos os resultados obtidos a partir desse trabalho reforçam que é de extrema importância avaliar o desenvolvimento da virose durante todo o ciclo, principalmente no final do ciclo para que se tenha um melhor entendimento do desempenho de cada subacesso, e, principalmente, das plantas dentro de cada subacesso, quanto à incidência dos vírus (COSTA, 2016).

A elevada incidência, principalmente para os subacessos do experimento II, e os diferentes níveis de severidade da doença entre os subacessos, indicam que, de fato, a virose do amarelão do meloeiro pode ocorrer no campo com elevadas incidências e distintas severidades, como já afirmado por Ávilla e Reis (2007). Além disso, é necessário compreender que ainda existe um difícil controle dessa doença em campo com produção em larga escala, o que pode ser realizado a partir do retardamento da infecção das plantas com o controle do vetor (ÁVILLA; REIS, 2007), e até com a utilização de genótipos que tenham uma aparição mais lenta e tardia da severidade da virose.

Além da análise da evolução da doença nas plantas, alguns estudos (ÁVILLA; REIS, 2007; LIMA et al., 2008; LIMA et al., 2012) enfatizaram sobre a alteração que esta virose pode acarretar ao bom desenvolvimento da planta, e conseqüentemente aos frutos produzidos por estas, indicando que não ocorre redução no tamanho dos frutos, e nem em relação ao nú-

mero de frutos por planta, porém podendo apresentar redução significativa do teor de sólidos solúveis que interfere na comercialização final do produto. A partir disso, analisando essas informações foi visto que entre os dois experimentos realizados (Tabelas 6 e 7), o subacesso que mais se destacou para o caráter massa do fruto, em ambos, foi o BGMEL42.2 (*catalupensis*) com 2,290 kg no experimento I, e 2,113 kg no II. Esta característica indicou uma variação de 0,343 kg (BGMEL22.0) a 2,290 kg no primeiro experimento (Tabela 6), e 0,326 kg a 2,113 kg no experimento II (Tabela 7) para os mesmos subacessos do I.

Tabela 6. Médias do experimento I para cinco descritores avaliados em 24 subacessos de melão da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro.

BGMEL	MF	CF	DF	EP	SS
20.0	1,177b	22,85a	10,72b	2,71 ^a	5,28a
22.0	0,343d	11,20d	7,69c	1,94b	5,67a
23.0	0,763c	16,60c	10,18b	2,88 ^a	4,83b
27.1	1,483b	20,48b	11,83b	3,36 ^a	6,45a
27.2	1,393b	27,42a	11,74b	3,00a	5,25a
28.1	1,400b	26,09a	10,66b	2,80 ^a	4,60b
28.2	1,083b	20,75b	10,27b	2,60 ^a	3,75b
30.0	0,700c	13,50c	10,90b	2,60 ^a	5,00b
42.1	1,210b	23,50a	10,68b	3,11 ^a	4,16b
42.2	2,290a	21,95b	16,25a	2,80 ^a	5,00b
71.1	0,920c	21,63b	9,45c	2,40b	4,40b
71.2	0,523d	10,85d	8,83c	1,80b	4,76b
74.1	0,840c	18,48b	10,15b	2,58 ^a	6,80a
74.2	0,413d	11,68d	8,25c	1,65b	5,80a
104.0	0,410d	11,92d	8,02c	2,10b	5,03b
113.0	0,567d	14,03c	8,72c	2,11b	5,64a
114.0	0,543d	13,91c	8,51c	2,14b	5,97a
116.0	0,423d	12,01d	7,98c	1,86b	5,71a
117.0	0,440d	12,54d	8,11c	2,06b	5,51a
156.0	0,410d	11,93d	7,94c	1,98b	5,40a
T5COD5.1	0,700c	20,10b	9,60c	2,25b	4,60b
T5COD5.2	0,620c	18,00b	8,54c	2,20b	4,52b
T6COD98.1	1,040b	24,39a	10,33b	2,29b	4,66b
T6COD98.2	0,763c	17,78b	9,69c	2,10b	4,85b
CV (%)	6,15	6,05	4,73	15,44	17,37
Teste F	**	**	**	**	

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância. **MF:** massa do fruto (kg); **CF:** comprimento do fruto (cm); **DF:** diâmetro do fruto (cm); **EP:** espessura da polpa; **SST:** sólidos solúveis (°Brix); **ANOVA:** ** e * significativos a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F; **CV:** Coeficiente de Variação (%). Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-knott.

Tabela 7. Médias do experimento II para seis descritores avaliados em 23 subacessos de melão da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro e uma cultivar comercial.

BGMEL	MF	CF	DF	EP	NF	SS
20.0	0,933c	22,37a	10,33d	2,46c	3,46 ^a	4,83c
22.0	0,326e	10,65c	7,87e	1,90d	2,93 ^a	8,65a
23.0	0,723d	15,92c	10,10d	2,81b	2,60a	3,99c
27.1	0,936c	18,53b	10,51d	2,86b	2,13b	5,00c
27.2	1,423b	19,20b	12,36b	3,57a	1,53b	4,58c
28.1	1,073c	24,39a	10,95d	3,06a	1,60b	4,80c
28.2	0,790d	17,37b	9,82d	2,88b	2,00b	5,53c
30.0	0,723d	14,11c	10,49d	2,17c	0,93c	4,30c
42.1	1,543b	27,22a	13,07b	3,62a	1,73b	4,22c
42.2	2,113a	21,52a	15,42a	3,60a	0,53c	5,30c
71.1	0,930c	21,90a	9,91d	3,13a	0,60c	4,33c
71.2	0,380e	11,33c	8,59e	1,58d	3,20a	5,05c
74.1	0,903c	17,80b	11,35c	2,38c	2,20b	5,54c
74.2	0,916c	18,52b	10,89d	2,55b	1,86b	8,47a
104.0	0,366e	12,22c	8,87e	1,99c	3,66a	6,90b
113.0	0,526e	13,48c	8,95e	2,25c	3,53a	7,69b
114.0	0,400e	12,29c	8,38e	1,75d	2,73a	8,62a
116.0	0,343e	11,20c	8,24e	1,99c	3,53a	7,18b
117.0	0,373e	11,55c	8,28e	2,12c	3,26a	7,02b
T5COD5.1	0,990c	22,38a	10,11d	2,66b	2,13b	5,10c
T5COD5.2	0,616d	16,80c	8,83e	2,22c	2,60a	5,82c
T6COD98.1	1,103c	25,60a	11,53c	2,70b	1,93b	4,91c
T6COD98.2	0,926c	19,23b	10,58d	2,72b	1,93b	5,12c
COMERCIAL	0,753d	13,08c	10,46d	3,41a	1,46b	6,53b
CV (%)	5,40	18,70	6,74	15,18	29,42	12,44
Teste F	**	**	**	**	**	**

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância. **MF:** massa do fruto (kg); **CF:** comprimento do fruto (cm); **DF:** diâmetro do fruto (cm); **EP:** espessura da polpa; **SS:** sólidos solúveis (°Brix); **NF:** número de frutos. **ANOVA:** ** e * significativos a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F; **CV:** Coeficiente de Variação (%). Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-knott.

A partir do agrupamento de médias obtido pelo teste de Scott-Knott para a variável massa do fruto, foi verificado que o subacesso BGMEL42.2 ficou isolado nos dois experimentos (Tabelas 6 e 7), o que comprova sua maior massa em relação aos outros subacessos estudados, porém mesmo apresentando um alto valor para a massa do fruto, que é uma boa característica, foi um dos subacessos que apresentou maior suscetibilidade para a virose do amarelão em campo. Além disso, entre os subacessos que se apresentaram suscetíveis no experimento II (livre de qualquer aplicação de defensivo agrícola) (Tabela 7), os que apresentaram maior destaque para esse caráter foram os subacessos BGMEL27.2 e 42.1, com 1,423 kg

e 1,543 kg, respectivamente. Ainda é importante destacar que o padrão existente para os dois experimentos, foi o mesmo apresentado na descrição dos grupos botânicos estudados, o que pode ser inferido que *cantalupensis* e *momordica*, além dos ND, em sua maioria se apresentam com maiores médias, e os subacessos de *makuwa* com menores valores (PITRAT, 2016). Entre os dois experimentos realizados (Tabelas 6 e 7) não foi notada nenhuma diminuição drástica significativa em relação a esse caráter, como também foi observado no trabalho de Santos et al. (2008), inferindo assim que a virose do amarelão não contribuiu pra a redução da massa dos frutos.

Para as variáveis comprimento e diâmetro do fruto, foi observado, também, que o subacesso BGME42.2 ficou presente entre os subacessos que mais se destacaram para essas características, além dos subacessos BGME20.0, 27.2, 28.1, 42.1, e T6COD98.1 no primeiro experimento (Tabela 6); e BGME20.0, 27.2, 28.1, 42.1, 71.1, T5COD5.1 e T6COD98.1 no experimento II (Tabela 7) que se destacaram também para o comprimento do fruto, concluindo que os maiores valores foram observados para os subacessos do grupo *momordica*, com formato do fruto alongado, *cantalupensis* com formato elíptico, e alguns ND que apresentavam formato alongado (com características morfológicas próximas a *momordica*), como também observado por Aragão et al. (2012).

A espessura da polpa, um caráter que expressa qualidade do fruto ao aumentar a parte comestível, além de conferir maior resistência no manuseio pós-colheita, e ser uma característica de interesse para o programa de melhoramento da espécie (COSTA; PINTO, 1977; TRIMECH et al., 2013; SILVA et al., 2014), também mostrou destaque para o subacesso BGME42.2, além dos subacessos BGME23.0, 27.1, 27.2, 28.1, 28.2, 30.0, 42.1, 74.1 no experimento I (Tabela 6), e BGME27.2, 28.1, 42.1, 71.1 e a cultivar comercial - AM - SF594, no experimento II (Tabela 7).

Para o número de frutos por planta, analisado apenas no experimento II (Tabela 7), foi observada uma variação de médias entre os subacessos de 0,53 (BGME42.2, *cantalupensis*) a 3,66 (BGME104.0, *makuwa*), sendo os acessos com maior quantidade de frutos os subacessos BGME20.0, 22.0, 23.0, 71.2, 104., 113.0, 114.0, 116.0, 117.0 e T5COD5.2. É importante salientar que neste trabalho os subacessos tiveram uma menor média para a quantidade de frutos por planta, quando comparados a alguns acessos estudados em outros trabalhos, como o de Aragão et al. (2012), que objetivou estudar a divergência genética em 38 acessos de melão da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro, e observou uma variação para o número de frutos por planta de 0,90 a 5,20 para *cantalupensis* e 1,90 a 6,90 para *momordica*. Neste trabalho a variação para *cantalupensis* foi de 0,53 (BGME 42.2) a 0,93

(BGMEL30.0), para *momordica* foi de 1,53 (BGMEL27.2) a 3,46 (BGMEL20.0), e para *ma-kuwa* foi de 2,73 (BGMEL114.0) a 3,66 (BGMEL104.0). É importante salientar que durante os experimentos, nas plantas infectadas pelo vírus foi observado um grande número de abortamento das flores femininas, porém este fator não pode ser associado neste momento à virose do amarelão, pois há a necessidade da realização de outros trabalhos detalhados para que seja analisado esse caráter de uma forma mais aprofundada, e verificar se existe alguma relação com a doença do “*amarelão do meloeiro*”, embora, os valores do número de frutos por planta do presente experimento tenham sido inferiores aos valores encontrados por Aragão et al. (2012), reforçando a necessidade de se estudar essa questão em novos experimentos no futuro.

Assim, todos esses fatores são de extrema importância para serem abordados neste estudo, pois se configuram em padrões de qualidade para os frutos de melão. Porém, uma das variáveis estudadas mais preocupantes para os produtores é a questão dos sólidos solúveis dos frutos (SS), que segundo alguns estudos podem ter uma redução em plantações com a presença do vírus do amarelão, como abordado anteriormente. Dessa forma, inferiu-se que no primeiro experimento (Tabela 6) os subacessos que mais se destacaram em relação aos sólidos solúveis foram BGMEL20.0, 22.0, 27.1, 27.2, 74.1, 74.2, 113.0, 114.0, 116.0, 117.0, 156.0, sendo a maior média encontrada no subacesso de *momordica*, BGMEL74.1, com 6,80 °Brix.

Porém, analisando os dados do experimento II (Tabela 7), onde se obteve uma maior incidência do vírus do amarelão, foi possível verificar que as médias, em sua maioria, foram maiores, quando comparadas ao experimento I (Tabela 6), e foi possível verificar que existiram médias dos subacessos pertencentes à agricultura tradicional que se apresentaram superiores à cultivar comercial (AM – SF594), que teve um valor de sólidos solúveis de 6,53 °Brix. Os subacessos que apresentaram destaque para essa característica foram BGMEL22.0, 74.2 e 114.0, com médias de 8,65, 8,47 e 8,62 °Brix, respectivamente, agrupados nas maiores médias pelo teste de Scott-Knott, seguidos pelo segundo grupo com os subacessos BGMEL104.0, 113.0, 116.0, 117.0 e a cultivar comercial.

A partir dos dados estudados e o comparativos dos experimentos, onde se observou uma maior incidência e severidade do vírus no experimento II (Tabela 5, Figura 3), pode ser inferido que o amarelão, provavelmente, não influenciou na redução do teor de açúcar dos frutos como foi observado em estudo realizado por Santos et al. (2008), pois a partir do comparativo entre os dois experimentos realizados (Figura 6), percebeu-se um aumento considerável entre os subacessos estudados, até mesmo para aqueles que foram identificados como altamente suscetíveis no experimento II (BGMEL 28.2, 42.2, 71.2, 74.2, 104.0, 113.0, 116.0, 117.0, T5COD5.1, T6COD98.1) (Tabela 5).

Ainda é importante salientar que todos os subacessos do experimento II foram analisados quanto ao teor de SS observando os valores encontrados para cada fruto (em realidade o fruto é representante de uma progênie, dentro do subacesso), e dessa forma foi possível inferir que houve fruto com SS maior que 9 °Brix, o que segundo Salviano et al. (2017), é o teor mínimo de sólidos solúveis para a colheita do melão, embora teores maiores sejam preferidos, pois aumentam seu potencial de comercialização. De forma detalhada, o subacessos BGMEL22.0, 74.2, 104.0 e 114.0 apresentaram altos valores máximos entre os frutos das progênies dos subacessos analisados, com 11,4, 11,4, 9,0 e 10,0 °Brix, respectivamente, e podem até ser indicados para extração de progênies para seleção em programas de melhoramento da espécie visando a melhoria desse caráter.

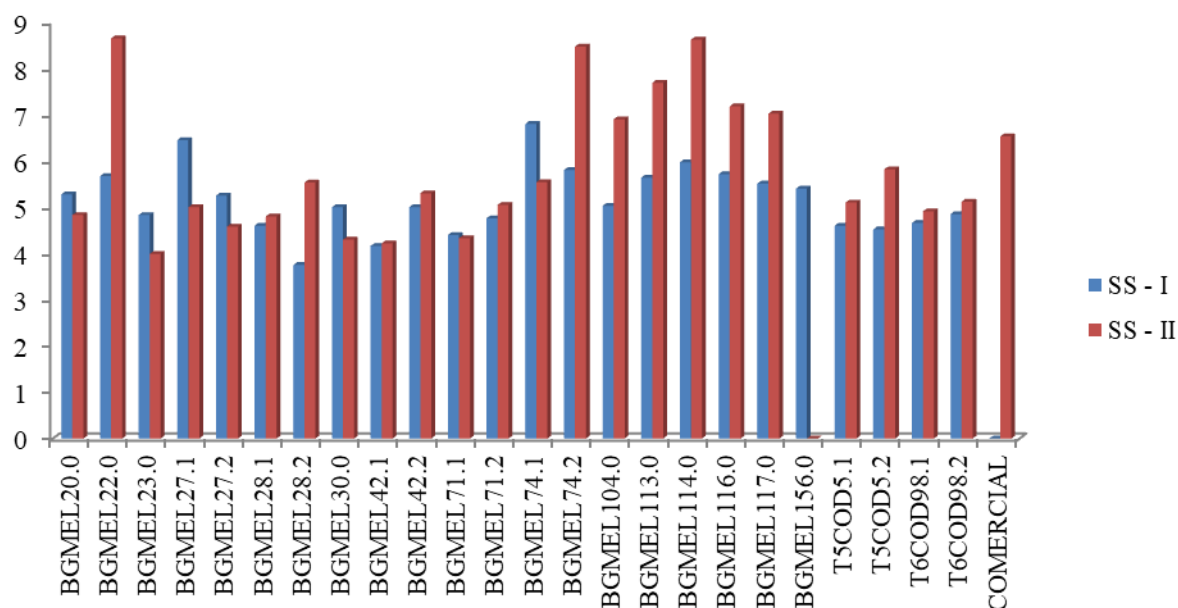


Figura 6. Comparativo dos sólidos solúveis (SS) entre os dois experimentos (I e II) realizados com 24 subacessos da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro e uma cultivar comercial - AM – SF594.

Com base na análise molecular realizada, verificou-se que o vírus presente nas amostras do experimento I foi o polerovírus CABYV (Figura 7). Nenhuma das amostras utilizadas na análise foi infectada por MYaV. Esse polerovírus encontrado nas amostras é um dos agentes causais do “*amarelão do meloeiro*”, transmitido pela mosca-branca (COSTA et al. 2017; COSTA, 2018), e que causa todos os sintomas visuais da doença. Além do CABYV, foi detectado também o MNSV. Portanto, é de grande importância a realização de análises molecu-

lares, para que ocorra a correta identificação do agente causal da doença do amarelão, e se faça o controle de forma eficiente e correta (LIMA et al., 2009).

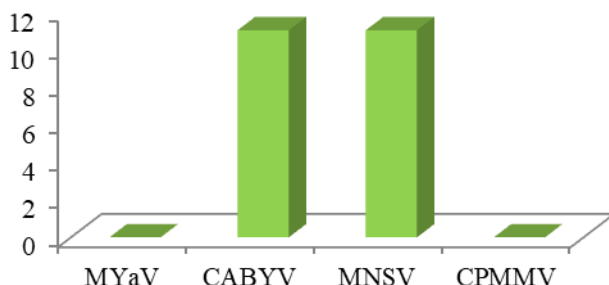


Figura 7. Espécies de vírus detectadas em amostras foliares analisadas molecularmente para subcessos de meloeiro do experimento I.

Dessa forma, analisando o experimento I, observou-se que a exposição das plantas aos defensivos agrícolas resultou em subcessos com maior proteção das plantas por maior tempo em campo antes do vírus se instalar através do vetor, e podem ser indicados para utilização, porém com controle da população do vetor da doença do *amarelão do meloeiro*, a mosca-branca. Entre os subcessos estudados, o BGME28.2 (ND) apresentou-se como altamente resistente, de acordo a tabela de reação utilizada para análise sintomatológica, a partir da aplicação de defensivos agrícolas, e apresentou destaque para os valores de MF, DF e EP. Além deste, outros subcessos apresentaram um melhor desempenho em campo e podem ser indicados, são eles o subcesso BGME23.0 com destaque para as variáveis de DF e EP; alguns subcessos de *makuwa* resistentes (BGME22.0, 113.0 e 114.0) que se destacaram para o teor de sólidos solúveis, e outros de *momordica* (20.0 27.2, 28.1, 42.1), também resistentes e com maiores valores para MF, CF, DF, EP, tendo, ainda, BGME 20.0 e 27.2, bom desempenho de SS, quando comparado aos outros subcessos estudados.

Entre os subcessos que se apresentaram suscetíveis no experimento II, sendo totalmente expostos à doença do “*amarelão do meloeiro*”, pode-se indicar que os mais promissores e que podem evitar grande severidade da virose do *amarelão do meloeiro* até o final do ciclo são: o BGME 28.1 (*momordica*), que apresentou os menores valores de ISS_{TP} e ISS_{PD} (1,90) ao final da sexta avaliação, já no final do ciclo, se apresentando com uma severidade mais leve do amarelão nas folhas, e que, além disso, apresentou elevados valores para a MF, o CF e a EP, variáveis que chamam a atenção no melhoramento da cultura; o BGME22.0 (*ma-*

kuwa) que se destacou para as variáveis NF e SS, alcançando fruto com teor de SS satisfatório para comercialização, e foi o subacesso que apresentou de forma mais lenta o desenvolvimento da doença e para a incidência entre as seis avaliações realizadas, mostrando-se uma maior severidade da doença apenas no final do ciclo; como também o subacesso BGMEL27.2 (*momordica*), que mostrou essa mesma característica e teve destaque para a MF, o CF e a EP. É notório informar que os subacessos mais indicados foram os do grupo botânico *momordica*, que já tem comprovação de resistências a muitas doenças, incluindo às causadas por vírus (PITRAT, 2016), entre eles resistência à doença do “*amarelão do meloeiro*”, causada pelo polerovírus CABYV (DHILLON et al., 2015).

CONCLUSÕES

Os subacessos estudados não apresentaram resistência ao vírus do “*amarelão do meloeiro*”, a partir de infecção natural e sem intervenção do desenvolvimento do vetor dos vírus com defensivos agrícolas, e existem progênies dentro de alguns subacessos que podem ser indicados para programas de melhoramento genético da espécie. Além disso, a partir da utilização de defensivos agrícolas em campo, pode-se ter um maior controle do vetor e encontrar, dessa forma, sub-acessos que reajam positivamente, evitando o desenvolvimento mais severo da doença e até impedindo a aparição desta nas plantas. Provavelmente a doença do “*amarelão do meloeiro*” não interfira na qualidade do fruto em relação à massa do fruto e ao teor de sólidos solúveis.

REFERÊNCIAS

- AGRITEMPO. **Sistema de Monitoramento Agrometeorológico**. 2021. Disponível em: <<http://www.agritempo.gov.br/agritempo/jsp/Estatisticas/index.jsp?siglaUF=BA>>. Acesso em: 31 Jan. 2021.
- ARAGÃO, F. A. S. et al. Genetic divergence among accessions of melon from traditional agriculture of the Brazilian Northeast. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, p. 6356-6371, 2013.
- ÁVILA, A. C. de; REIS, A. **Doenças do meloeiro (*Cucumis melo*) causadas por vírus**. Circular Técnica 54. Embrapa Hortaliças. Brasília, DF, 2007.
- BURGER, Y. et al. Genetic Diversity of *Cucumis melo*. **Horticultural Reviews**, v. 36 p.165-198, 2010.
- COSTA, J. A. **Desempenho agronômico e relação de genótipos quanto a viroses do meloeiro**. 2016. (Dissertação em Recursos Genéticos Vegetais). Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana – BA, 2016.
- COSTA, T. M. **Caracterização do carlavírus *Melon yellowing-associated virus* e do polerovírus *Cucurbit aphid-borne yellows virus* em meloeiro**. 2018. 120p. (Dissertação em Fitopatologia). Universidade de Brasília, Brasília - DF, 2018.
- COSTA, C. P.; PINTO, C. A. B. P. **Melhoramento de hortaliças**. Piracicaba: ESALQ, 1977. 163p.(Apostila).
- COSTA, T. M.; et al. Complete genome sequence of melon yellowing-associated virus from melon plants with the severe yellowing disease in Brazil. **Archives of Virology**, v. 162, p. 3899-3901, 2017.
- COSTA, T. M. et al. Cucurbit aphid-borne yellows virus from melon plants in Brazil is an interspecific recombinant. **Archives of Virology**, v. 164, p. 249–254, 2019.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v. 35, p.271-276, 2013.
- DHILLON, N. P. S. et al. Snapmelon (*Cucumis melo* L. *Momordica* group), an indigenous cucurbit from India with immense value for melon breeding. **Acta Horticulturae**, v. 1102, p. 99-108, 2015.
- ELEGBA, W. et al. Effect of mosaic virus diseases on dry matter content and starch yield of five cassava (*Manihot esculenta* Crantz) accessions in Ghana. **African Journal of Biotechnology**, v. 12, p. 4310-4316, 2013.
- INOUE-NAGATA, A. K. ; LIMA, M. F. ; GILBERTOSN, R. L. A review of geminivirus (begomovirus) diseases in vegetables and other crops in Brazil: current status and approaches for management. **Horticultura Brasileira**, v. 34, p. 8-18, 2016.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção agrícola municipal**. 2019. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457#resultado>>. Acesso em: 27 out. 2020.

LIMA, M. F. et al. **O ‘Amarelão’ do Melão: incidência e epidemiologia em áreas produtivas da região Nordeste**. Circular Técnica 58. Embrapa Hortaliças. Brasília, DF, 2008.

LIMA, M. F. **Viroses de cucurbitáceas**. Circular Técnica 95. Embrapa Hortaliças. Brasília, DF, 2011.

LIMA M. F. et al. Detecção por sorologia do Melon yellowing associated virus (MYaV) em áreas produtoras de melão no Nordeste brasileiro. **Horticultura Brasileira**, v. 27, n. 4, p. 478-483, 2009. (a)

LIMA M. F. et al. Detecção do Melon Yellowing associated Virus (MYaV) em áreas produtoras de melão da região Nordeste. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 59. Embrapa Hortaliças. Brasília, DF, 2009. (b)

LIMA, J. A. A. et al. **Viruses infecting melon and watermelon in Northeastern Brazil**. Virus Reviews and Research – Sociedade Brasileira de Virologia, 2012.

MAIA, L. K. R.; LIMA, R. E. M.; LIMA, J. S. Importância do meloeiro e aspectos relacionados à resistência a *Rhizoctonia solani*. **Enciclopédia Biosfera**, Centro Científico Conhecer, Goiânia, v.9, n. 17, p. 1609, 2013.

MCCREIGHT, J.D.; WINTERMANTEL W.M. Genetic resistance in melon PI 313970 to Cucurbit yellow stunting disorder virus. **Hortscience**, v. 46, p. 1582-1587, 2011.

NAGATA, T. et al. Isolation of a novel carlavirus from melon in Brazil. **Plant Pathology**. v. 52, p. 797, 2003.

NAGATA, T. et al. A novel melon flexivirus transmitted by whitefly. **Archives of Virology**, v. 150, p. 379–387, 2005.

NEITZKE, R. S. et al. Caracterização morfológica e dissimilaridade genética entre variedades crioulas de melão. **Horticultura Brasileira**, v. 27, p. 534-538, 2009.

PETRY, J. F.; PETRY, R.; GUIMARÃES, M. de A. Panorama econômico do melão no mundo e no Brasil. In: GUIMARÃES, M. de A.; ARAGÃO, F. A. S. de. (Eds.). **Produção de Melão**. Viçosa: UFV, 2019. p. 13-31.

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

QUEIRÓZ, M. A. Germoplasma de Cucurbitáceas no Brasil. In: 51 Congresso Brasileiro de Olericultura, 2011, Viçosa. **Anais**. Viçosa: UFV, Horticultura Brasileira, 2011, v. 29, n. 2, p. 5946-5954.

SALVIANO, A. M. et al. **A cultura do melão**. Costa, N. D. (Ed.). 3. ed. rev. e atual. – Brasília, DF : Embrapa, 2017.

SANTOS, A. A. et al. Transmissão do Amarelão do Meloeiro pela Mosca-Branca. Comunicado Técnico 93. Embrapa. Fortaleza, CE. 2004.

SANTOS, A. A. et al. Análise do progresso e danos causados pelo amarelão do meloeiro. **Summa Phytopathol**, v. 34, p. 359-360, 2008.

SILVA, M. C. et al. Características produtivas e qualitativas de melão rendilhado adubado com nitrogênio e potássio. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 18, n. 6, p. 581-587, 2014.

SILVEIRA, L. M.; et al. Levantamento sorológico de vírus em espécies de cucurbitáceas na região do submédio São Francisco, Brasil. **Tropical Plant Pathology**, v. 34, p. 123-126, 2009.

TRIMECH, R. et al. Genetic variation in Tunisian melon (*Cucumis melo* L.) germplasm as assessed by morphological traits. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 60, p. 1621–1628, 2013.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A espécie *C. melo* L. é rica em grande diversidade, e os tipos que são apresentados dentro da agricultura familiar do Nordeste brasileiro reforçaram essa afirmação. As populações tradicionais que foram mantidas, e ainda permanecem, durante longos anos sendo passada de geração para geração se constituem num reservatório de alelos que são a base para a continuidade das pesquisas de melhoramento genético para essa espécie, como foi visto aqui.

A identificação de distintos grupos botânicos neste trabalho (*makuwa* subgrupo *nashiuri*, *momordica* e *cantalupensis* subgrupo *prescott*), e todo o estudo a partir de dados morfoagronômicos, usando duas gerações sequenciais, indicou que existe alta variabilidade genética para os caracteres de planta e fruto entre e dentro de cada acesso e subacesso, e confirmou a existência de polinizações cruzadas entre diferentes grupos botânicos que podem levar ao processo de introgressão de alelos entre os grupos.

O estudo relacionado ao estresse biótico *amarelão do meloeiro* permitiu afirmar que os distintos subacessos têm comportamentos diversos, e que mesmo não sendo possível encontrar subacessos resistente, existem progênies dentro destes que podem reagir de forma distinta das outras e serem fontes de resistência para serem indicadas para o programa de melhoramento, o que reforça ainda mais a extrema necessidade de estudos mais detalhados que se baseiem em análises tanto entre, quando dentro desses subacessos.

Este estudo foi uma continuidade de trabalhos que já foram realizados com outras amostras do BAG, e que expressa a necessidade da realização de mais estudos com esse germoplasma para que se tenha o máximo de informações possíveis sobre cada um desses acessos e subacessos provenientes da agricultura tradicional do Nordeste brasileiro. Todas as informações obtidas servirão como base para os programas de melhoramento, além de outros estudos que poderão ser realizados com esses subacessos. Aqui é reforçada a necessidade de conservação desse germoplasma a curto, médio e longo prazos, a fim de manter a variabilidade genética, evitando a erosão e possibilitando seu uso por gerações futuras.