



DISSIMILARIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE MELOEIRO DO BANCO DE GERMOPLASMA DA UFU CAMPUS MONTE CARMELO

Nathália Oliveira dos Santos¹, Lucas Medeiros Pereira², Gabriel Mascarenhas Maciel¹, Ana Carolina Silva Siquieroli¹, Camila Soares de Oliveira¹, Renato Alves Daniel¹

¹ Universidade Federal de Uberlândia, Monte Carmelo, MG (natholivers01@gmail.com); ² Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG

RESUMO: A cultura do meloeiro apresenta grande importância econômica e nutricional, e a demanda crescente por híbridos superiores impulsiona a utilização do melhoramento genético no meloeiro. Para auxiliar os programas de melhoramento na estimativa de divergência genética dos bancos de germoplasmas, podem ser utilizados métodos de análise de dissimilaridade genética dos materiais, como o UPGMA e Tocher. O objetivo do trabalho foi avaliar a existência de dissimilaridade genética de genótipos de meloeiro através de técnicas de análise de agrupamentos. O experimento foi realizado em delineamento em blocos casualizados, com oito genótipos de meloeiro, com três repetições, na Estação Experimental de Hortaliças da UFU, campus Monte Carmelo. Seis características agrônomicas foram avaliadas, sendo a pesagem individual de cada fruto, comprimento transversal, comprimento longitudinal, formato do fruto, espessura da poupa e °Brix. As análises multivariadas de medidas de dissimilaridade foram utilizadas com o auxílio do software Genes. A matriz de dissimilaridade foi obtida por meio da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), e o dendrograma foi gerado pelo método UPGMA. O método de otimização Tocher também foi utilizado para analisar a dissimilaridade genética, e a importância das características para essa divergência genética foi estimada com base no método de Singh (1981). Os resultados obtidos demonstraram coerência entre o método de agrupamento UPGMA e o método Tocher. A característica agrônômica que mais contribuiu para a divergência genética foi o °Brix. As técnicas utilizadas neste trabalho foram eficientes para demonstrar a dissimilaridade genética entre os genótipos de meloeiro avaliados, os quais apresentam potencial para serem utilizados no programa de melhoramento genético de meloeiro da UFU.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, melhoramento de plantas, análise multivariada.

INTRODUÇÃO

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma fruta que pertence à família Cucurbitaceae, mesma família da melancia e pepino, apresentando possível origem do sudoeste da África e região peninsular da Índia. Esta fruta enquadra-se dentro das oleráceas, apresentando grande importância para a exportação no Brasil (MALLICK; MASSUI, 1986; AGRIANUAL, 2016).

A demanda crescente por melões de maior qualidade implica na necessidade do desenvolvimento de híbridos e cultivares de destaque para atender o mercado. Para auxiliar a tomada de decisão dos programas de melhoramento genético de meloeiro, pode-se utilizar as estratégias de avaliação da dissimilaridade genética dos genótipos. Essas estratégias permitem o estudo da existência de variabilidade genética dentro dos bancos de germoplasma. Esse estudo



possibilita a obtenção dos melhores cruzamentos híbridos com características de interesse em relação à resistência contra pragas, doenças e estresse hídrico (GOMES et al., 2021).

Neste contexto, diferentes técnicas podem ser utilizadas para o estudo da dissimilaridade na cultura do meloeiro, destacando-se as análises de agrupamento hierárquico com representação por meio de dendrogramas (*Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages* – UPGMA) e de otimização (Tocher). O agrupamento obtido possibilita a seleção de genótipos com características semelhantes dentre dos grupos formados, auxiliando os melhoristas na tomada de decisão (CRUZ et al., 2012).

Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a existência de dissimilaridade genética de genótipos de meloeiro com base na utilização de técnicas de análise de agrupamentos.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia, campus Monte Carmelo (18°42'43,19" S; 47°29'55,8" O; 873 m de altitude) no período de janeiro a junho de 2021. Foram avaliados oito genótipos pertencentes ao Banco de Germoplasma da UFU campus Monte Carmelo, sendo eles: UFU-001, UFU-002, UFU-003, UFU-004, UFU-005, UFU-006, UFU-007 e UFU-008, distribuídos em três repetições no delineamento em blocos casualizados.

A semeadura foi realizada em bandejas de poliestireno expandido com 200 células preenchidas com substrato comercial a base de fibra de coco. Após 30 dias de semeadura, as mudas foram transplantadas para canteiros definitivos em casa de vegetação no espaçamento 2,0 m entre linhas e 0,40 m entre plantas. Os tratamentos culturais foram realizados conforme preconizado para a cultura do meloeiro (ALVARENGA; RESENDE, 2002).

Para a definição do ponto de colheita dos frutos, foram considerados os critérios de coloração da casca e desprendimento do pedúnculo nas parcelas do experimento. Após a colheita foram realizadas as avaliações agronômicas dos frutos por meio da pesagem individual de cada fruto (PMF), aferição do comprimento transversal (CT), longitudinal (CL), formato do fruto (relação CL/CT), espessura da polpa (EP) e medição do teor de sólidos solúveis (°Brix) por meio do refratômetro.

A dissimilaridade genética dos genótipos foi avaliada com base na obtenção da matriz de dissimilaridade pela distância de generalizada de Mahalanobis (D^2) e representada por um dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA. Foi utilizado também o método de otimização Tocher e realizado a estimativa da importância de caracteres para a divergência



genética obtida pelo método de Singh (SINGH, 1981). Todas as análises foram realizadas pelo *software* Genes (CRUZ, 2016).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir das informações de medidas de dissimilaridades obtidas pela distância generalizada de Mahalanobis, foi possível observar que a maior distância entre os genótipos foi de 42,93, e ocorreu entre UFU-004 e UFU-007, enquanto a menor distância foi de 0,71, sendo observada entre UFU-007 e UFU-008.

A visualização da distância entre os genótipos foi possível por meio da utilização de um dendrograma gerado pelo método UPGMA (Figura 1).

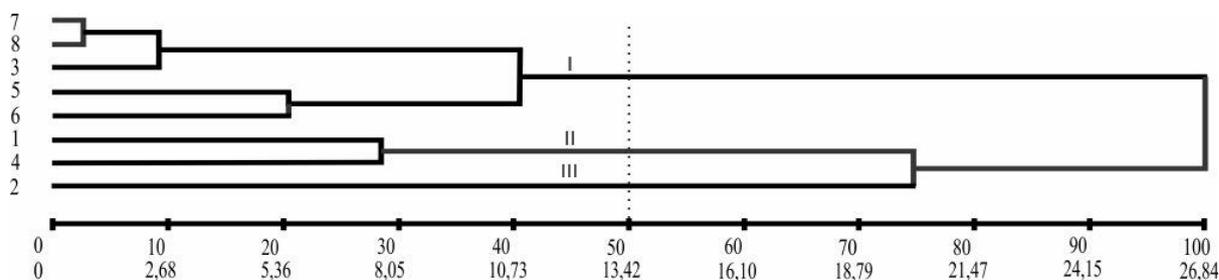


Figura 1: Dendrograma representativo da divergência genética entre as linhagens de meloeiro, obtido pelo método UPGMA. 1: UFU-001, 2: UFU-002, 3: UFU-003, 4: UFU-004, 5: UFU-005, 6: UFU-006, 7: UFU-007 e 8: UFU-008.

A definição do número de grupos foi realizada com uma linha de corte a 50%, conforme o critério adotado segundo a mudança abrupta das ramificações dos grupos (CRUZ et al., 2014). Foi possível observar a formação de três grupos distintos, em que o grupo I foi composto pelos genótipos UFU-007, UFU-008, UFU-005 e UFU-006, o grupo II por UFU-001 e UFU-004 e o grupo III foi formado apenas pelo genótipo UFU-002. O dendrograma representou as informações contidas na matriz de dissimilaridade de forma satisfatória, visto que o coeficiente de correlação cofenético (CCC) obtido foi de 0,78 com distorção de 11,61%. Esses valores indicam que o método de agrupamento foi adequado para o ajuste entre a matriz original de distâncias e a matriz cofenética (SOKAL, ROHLF, 1962).

O agrupamento obtido pelo método Tocher foi coerente com a formação dos grupos obtidos pelo método UPGMA e representação através do dendrograma (Tabela 1).



Tabela 1. Representação do agrupamento gerado pelo método de Otimização de Tocher com base na distância generalizada de Mahalanobis, estimada a partir de seis características agrônômicas.

Grupos	Indivíduos
I	UFU-003, UFU-005, UFU-006, UFU-007 e UFU-008
II	UFU-001 e UFU-004
III	UFU-002
Total	8

Para a avaliação da dissimilaridade genética entre estes genótipos, pode-se optar pela escolha de qualquer um dos métodos de agrupamento, visto que ambos apresentaram a definição do mesmo número de grupos e genótipos em cada grupo. Os dois métodos citados são amplamente utilizados em programas de melhoramento genético do meloeiro, evidenciado a aplicabilidade e eficácia dos mesmos (GOMES et al., 2021).

A partir dessa informação, nota-se que a utilização dos genótipos pertencentes ao grupo I com o genótipo UFU-002 ou UFU-004 pode resultar em uma maior variabilidade genética, a qual é de grande importância em programas de melhoramento genético.

A análise da contribuição de cada variável agrônômica na dissimilaridade genética dos genótipos pode ser estudada com base na influência da contribuição relativa dessas variáveis na divergência dos grupos (Tabela 2).

Tabela 2. Contribuição relativa de seis caracteres agrônômicos na divergência genética de oito genótipos de meloeiro, segundo critério de Singh (1981).

Características ¹	S.j	S.j (%)
PMF	9,35	1,78
CT	75,77	14,38
CL	159,28	30,24
FF	7,99	1,52
EP	68,73	13,05
°Brix	205,65	39,04

¹PMF: peso médio de fruto (g); CT: comprimento transversal (cm); CL: comprimento longitudinal (cm); FF: formato de fruto; EP: espessura da polpa (cm); °Brix: teor de sólidos solúveis.

A característica agrônômica que mais contribuiu para a dissimilaridade genética foi o °Brix com 39,04%, seguido pelo comprimento longitudinal com 30,24%. No estudo da divergência genética de genótipos de meloeiro do grupo *momordica* por Valadares et al., (2018), o teor de sólidos solúveis também proporcionou a maior contribuição relativas dentre as variáveis analisadas, corroborando com o presente estudo.

CONCLUSÕES



Foi observada dissimilaridade genética entre as linhagens de meloeiro avaliadas, as quais apresentam grande potencial para a utilização no programa de melhoramento genética do meloeiro da UFU campus Monte Carmelo.

REFERÊNCIAS

AGRIANUAL: **Anuário da agricultura brasileira**. São Paulo: Instituto FNP, 2016. p. 299-352.

ALVARENGA, M. A. R.; RESENDE, G. M. **Cultura do melão**. Lavras: Editora UFLA, 2002. 154 p

CRUZ, C. D. et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C. D. et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3 ed, Viçosa, v. 2, 668 p., 2014.

CRUZ, C. D. GENES. Programa Genes - Ampliado e integrado aos aplicativos R, Matlab e Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.38, n.4, p.547-552, 2016.

GOMES, D. A. et al. Genetic dissimilarity, selection index and correlation estimation in a melon germplasm. **Horticultura Brasileira**, v. 39, n. 1, p. 46–51, 2021.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. IBGE. **Produção de melão**. 2022. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/melao/br>>. Acesso em 26 jul. 2023.

MALLICK M. F. R.; MASSUI, M. Origin, distribution and taxonomy of melos. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v.28, n.3, p. 251-261, 1986.

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

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objeticve methods. **Taxon**, Berlin, v. 11, n. 1, p. 30-40, 1962.

VALADARES, R. N. et al. Genetic diversity in accessions of melon belonging to momordica group. **Horticultura Brasileira**, v. 36, n.2, p. 253-258, 2018.