



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO SEMI-ÁRIDO
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA
DOUTORADO EM FITOTECNIA

JULIANA MARIA COSTA DA SILVA

HERANÇA DOS TEORES DE β -CAROTENO E SACAROSE EM MELÃO

MOSSORÓ-RN

2017

JULIANA MARIA COSTA DA SILVA

HERANÇA DOS TEORES DE β -CAROTENO E SACAROSE EM MELÃO

Tese apresentada ao Doutorado em Fitotecnia do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Semi-Árido como requisito para obtenção do título de Doutor em Agronomia: Fitotecnia.

Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético e Tecnologia Pós-Colheita.

Orientador: Prof. Dr. Glauber Henrique de Sousa Nunes

MOSSORÓ-RN

2017

JULIANA MARIA COSTA DA SILVA

HERANÇA DOS TEORES DE β -CAROTENO E SACAROSE EM MELÃO

Tese apresentada ao Doutorado em Fitotecnia do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Semi-Árido como requisito para obtenção do título de Doutor em Agronomia: Fitotecnia.

Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético e Tecnologia Pós-Colheita.

Defendida em: 24 / 08 / 2017

BANCA EXAMINADORA

Glauber Henrique de Sousa Nunes

Prof. Dr. Glauber Henrique de Sousa Nunes – UFERSA
Presidente

Patrícia Lígia D. de Moraes

Prof^a. Dra. Patrícia Lígia Dantas de Moraes – UFERSA
Membro Examinador

Lidiane Kely de Lima

Prof^a. Dra. Lidiane Kely de Lima – UFERSA
Membro Examinador

Stefeson B.M.

Prof. Dr. Stefeson Bezerra de Melo
Membro Externo – UFERSA

Welder Lopes

Prof Dr. Welder de Araújo Rangel Lopes
Membro Externo – CAPES

© Todos os direitos estão reservados a Universidade Federal Rural do Semi-Árido. O conteúdo desta obra é de inteira responsabilidade do (a) autor (a), sendo o mesmo, passível de sanções administrativas ou penais, caso sejam infringidas as leis que regulamentam a Propriedade Intelectual, respectivamente, Patentes: Lei nº 9.279/1996 e Direitos Autorais: Lei nº 9.610/1998. O conteúdo desta obra tornar-se-á de domínio público após a data de defesa e homologação da sua respectiva ata. A mesma poderá servir de base literária para novas pesquisas, desde que a obra e seu (a) respectivo (a) autor (a) sejam devidamente citados e mencionados os seus créditos bibliográficos.

S586h Silva, Juliana Maria Costa da.
HERANÇA DOS TEORES DE BETA-CAROTENO E SACAROSE
EM MELÃO / Juliana Maria Costa da Silva. - 2017.
88 f. : il.

Orientador: Glauber Henrique de Sousa Nunes.
Tese (Doutorado) - Universidade Federal Rural
do Semi-árido, Programa de Pós-graduação em
Fitotecnia, 2017.

1. Cucumis melo. 2. melhoramento vegetal. 3.
carotenóides. 4. açúcares. 5. HPLC. I. Nunes,
Glauber Henrique de Sousa , orient. II. Título.

Ao meu avô materno, Agenor Laurentino Freire, e à minha avó materna, Margarida Freire,
por terem participado na formação de meu caráter enquanto estiveram ao meu lado.

(Em memória)

À mulher que Deus designou para me orientar na vida, sendo muito mais do que uma mãe, mas um exemplo para mim e uma amiga para todos os momentos, Maria de Fátima. Ao meu pai, Dilson Pereira, por sempre estar presente em minha vida e por toda a ajuda dada a mim e a Gabriel até aqui. Ao anjo da minha vida, Gabriel Vinícius, meu filho amado, meu parceirinho de todas as horas. Aos meus irmãos que estão longe, mas presentes em pensamentos e ações sempre que preciso for, auxiliando também nesta caminhada, Ricardo Alexandre e Carlos Henrique. À Luiza, minha cunhada, pelo carinho a Gabriel em momentos delicados. Às maravilhosas pessoas que deram muito amor a Gabriel enquanto estive ausente estudando e realizando este trabalho, Maria Rosa, Ediane e Érika. Aos demais familiares que, direta ou indiretamente, deram sua contribuição para este momento.

Deus, nosso Pai, que sois todo poder e bondade, dai força àquele que passa pela provação; dai luz àquele que procura a verdade, pondo no coração do homem a compaixão e a caridade. Deus, dai ao viajor a estrela guia; ao aflito a consolação; ao doente o repouso. Pai, dai ao culpado o arrependimento, ao espírito a verdade, à criança o guia, ao órfão o pai. Senhor, que a vossa bondade se estenda sobre tudo que Criastes. Piedade, Senhor, para aqueles que não vos conhecem, esperança para aqueles que sofrem. Que a Vossa bondade permita aos espíritos consoladores derramarem por toda parte a paz, a esperança e a fé. Deus, um raio, uma faísca do Vosso amor pode abrasar a terra. Deixa-nos beber nas fontes dessa bondade fecunda e infinita e todas as lágrimas secarão, todas as dores acalmar-se-ão. Um só coração, um só pensamento subirá até Vós como um grito de reconhecimento e amor. Como Moisés sobre a montanha, nos Vós esperamos com os braços abertos, oh! Poder... oh! Bondade... oh! Beleza... oh! Perfeição, e queremos de alguma sorte alcançar a Vossa misericórdia. Deus, dai-nos a força de ajudar o progresso a fim de subirmos até Vós. Dai-nos a caridade pura; dai-nos a fé e a razão; dai-nos a simplicidade que fará de nossas almas, o espelho onde deve refletir a Vossa Santa e Misericordiosa imagem (Prece de Cáritas, 1873).

“Porque Sem Deus Não Dá” (por Juliana)

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, pela oportunidade.

Agradeço à UFERSA, por proporcionar a oportunidade de trabalharmos e realizar a pós-graduação.

Agradeço ao CETENE (Centro de Tecnologias Estratégicas do Nordeste), localizado no Recife. Agradeço a Kelvin, do CETENE, pelo suporte técnico para a análise qualitativa de açúcares.

Agradeço à chefia anterior, Leilson Granjeiro, e à chefia atual, José Torres, pelo apoio a nós técnicos em realizarmos este trabalho de pós-graduação.

Agradeço aos técnicos Bruno e Paulo, do prédio CPVSA, local de trabalho, e à técnica Lidiane, por todo o auxílio às pessoas, nos momentos em que precisei me encontrar ausente para realização da pós-graduação.

Agradeço às técnicas administrativas do CCA, Érika e Priscila, por acompanharem estes momentos e auxiliarem sempre no que fosse possível.

Agradeço serenamente à auxiliar Rose, pelos momentos de conversa e apoio nos últimos meses.

Agradeço aos professores do prédio CPVSA que auxiliaram com seus laboratórios para que esse momento ocorresse: Jeferson Dombroski, Daniel Valadão, Elizângela Cabral.

Agradeço às minhas chefias imediatas, Lindomar, Ioná e Elizângela, pela compreensão sempre que necessário para realizar este trabalho.

Agradeço aos demais professores do prédio que, direta ou indiretamente, fizeram parte deste momento: Leilson e Zuleide.

Agradeço ao meu Orientador, Glauber Henrique, pela oportunidade de realizar este trabalho através do seu empenho em projetos e pesquisas providenciando formas para que este trabalho ocorresse.

Agradeço à professora Coorientadora, Patrícia Lígia, pelo auxílio, apoio e ajuda sempre que se fizessem necessários.

Agradeço imensamente ao Grupo Germev pela realização deste trabalho, sem vocês eu não teria conseguido. Anankia, Dedé, Eliziane (à sua prima também), Lincoln, Adriano, Cheyla, Airon, Karmita, Alcileide, Ricardo, Samyra. A Eduardo, do grupo de Fruticultura.

Agradeço à Banca Examinadora, Stefeson, Patrícia, Lidiane e Welder, por aceitar o convite.

Agradeço à equipe de alunos do laboratório de Biotecnologia Vegetal pelos momentos trocados, apoio e compreensão: Jorginho, Rhut, Rose, Suzane, Ana, Alcileide e demais.

Agradeço ao grupo de Pós-colheita de Prof. Patrícia pelo auxílio: Dárcio, Naama, Eleneide e Felipe.

Agradeço ao grupo de Zuleide, com Welder, Otacina, Renan, pelo auxílio e momentos no laboratório de Análise Vegetal quando se fizeram necessários.

Agradeço ao pessoal do grupo de Daninhas, que sempre está muito presente no prédio fazendo parte destes momentos.

Agradeço aos colegas que auxiliaram nos momentos de disciplina: Sara, Tatiane, Diego, Ísis, Naama e demais.

Agradeço aos professores das disciplinas: Rafaela (Embrapa), Bezerra, Ítalo, Lidianne, Patrícia Lígia e os demais.

“Agro é Tech”

“Agro é Pop”

“Agro é Tudo”

HERANÇA DOS TEORES DE β -CAROTENO E SACAROSE EM MELÃO

RESUMO

A melhoria da qualidade do melão é um dos objetivos principais de um programa de melhoramento genético. O conhecimento da herança do caráter auxilia o pesquisador na escolha da estratégia de melhoramento, dando maior segurança no processo seletivo e permitindo que os maiores valores genotípicos possam ser identificados e selecionados com economia de tempo e recursos. O objetivo do presente trabalho foi estudar a herança do teor de β -caroteno, teor de sacarose e sólidos solúveis em melão. Foram avaliadas as gerações F_1 , F_2 , RC_1 , RC_2 do cruzamento Védrantais x A-16 em blocos casualizados com três repetições. A linhagem A-16 (subsp. *melo* var. *acidulus*) tem mesocarpo branco, baixos teores de β -caroteno, sacarose e sólidos solúveis, ao passo que a linhagem Védrantais (subsp. *melo* var. *reticulatus*) possui mesocarpo alaranjado e altos teores de β -caroteno, sacarose e sólidos solúveis. Foram estimados nove *loci* e uma dominância parcial envolvidos com o acúmulo de β -caroteno. As segregações nas gerações F_2 e retrocruzamentos indicaram que o acúmulo de β -caroteno em melão é conferido por um gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância associado aos poligenes com efeitos aditivos. Verificou-se que a sacarose é o principal fator que contabiliza a variabilidade genética e ambiental observada no teor de açúcar entre os genitores. Na herança do teor de sacarose, existe um gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância associado aos poligenes com efeitos aditivos. A herança de sólidos solúveis envolve um gene maior com efeitos aditivos e de dominância associado aos poligenes com efeitos aditivos e a presença de epistasia.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, melhoramento vegetal, qualidade, carotenóides, hexose, açúcares, HPLC.

INHERITANCE OF β -CAROTENE AND SACAROSE CONTENTS IN MELON

ABSTRACT

Improving the quality of melon is one of the main objectives of a breeding program. Knowledge of trait inheritance assists the researcher in the choice of breeding strategy, giving greater security in the selection process and allowing higher genotypic values to be identified and selected, saving time and resources. The objective of the present work was to study the inheritance of β -carotene content, sucrose content and soluble solids in melon. The F_1 , F_2 , RC_1 , RC_2 generations of the Vedrantaïs x A-16 crossing were evaluated in randomized blocks with three replicates. The A-16 (subsp. *melo* var. *acidulus*) strain has a white mesocarp, low levels of β -carotene, sucrose and soluble solids, while the Vedrantaïs (subsp. *melo* var. *reticulatus*) strain has orange mesocarp and high β -carotene, sucrose and soluble solids. Nine *loci* and a partial dominance were estimated with β -carotene content. Segregations in the F_2 and backcross generations indicated that the content of β -carotene in melon is conferred by a major gene with additive and dominance effects associated with polygenes with additive effects. It was verified that the sucrose is the main factor that counts the genetic and environmental variability observed in the sugar content between the parents. In the inheritance of sucrose content, there is a major gene with additive and dominance effects associated with polygenes with additive effects. The inheritance of soluble solids involves a major gene with additive and dominance effects associated with polygenes and the presence of epistasis.

Key words: *Cucumis melo*, vegetable breeding, quality, carotenoids, hexose, sugars, HPLC.

LISTA DE FIGURAS

INTRODUÇÃO GERAL

Figura 1. Rota metabólica de síntese dos principais carotenoides e do β -caroteno em plantas (CHAYUT et al., 2015) 26

Figura 2. Metabolismo da sacarose em melão. DPglc (uridina difosfato glicose), UDPgal (uridina difosfato galactose), PGI (fosfoglicoseisomerase) e PGM (fosfoglicosemutase) gal-1P (galactose 1 fosfato) (DAI et al., 2011) 29

CAPÍTULO I

Figura 3 - Localização da Fazenda Experimental Rafael Fernandes. Coordenadas: 5°11'31" de latitude sul; 37° 20'40" de latitude oeste; 18 m altitude média Greenwich. Mossoró-RN, UFERSA 2016..... 44

Figura 4 - Genitores utilizados nos estudos de herança de sacarose, sólidos solúveis, β -caroteno e cor do mesocarpo. Mossoró-RN, UFERSA 2016..... 45

Figura 5 - Coloração do mesocarpo e valor médio de do teor de β -caroteno nos genitores utilizados para a obtenção das populações segregantes. Mossoró-RN, UFERSA, 2016. 52

Figura 6 - Coloração do mesocarpo e teor de β -caroteno em alguns frutos da geração F₂, originada do cruzamento entre os genitores Védraçais e A-16. Mossoró-RN, UFERSA, 2016..... 54

CAPÍTULO II

- Figura 7** - Localização da Fazenda Experimental Rafael Fernandes. Coordenadas: 5°11'31" de latitude sul; 37° 20'40" de latitude oeste; 18 m altitude média Greenwich. Mossoró-RN, UFERSA 2016 68
- Figura 8** - Genitores utilizados nos estudos de herança de sacarose, sólidos solúveis, β -caroteno e cor do mesocarpo. Mossoró-RN, UFERSA 2016..... 69
- Figura 9** - Médias de sacarose (preto), glicose (rosa) e frutose (cinza) nos genitores Védrrantais e A-16 utilizados para obter F₁ e as populações segregantes F₂ e retrocruzamentos. Mossoró-RN, UFERSA, 2016. 75
- Figura 10** - Distribuição de frequências absolutas do teor de sacarose nos genitores Védrrantais e A-16, geração F₁ e gerações segregantes (F₂ e retrocruzamentos). Mossoró-RN, UFERSA, 2016..... 78
- Figura 11** - Distribuição de frequências absolutas (eixo das ordenadas) do teor de sólidos solúveis (eixo das abcissas) nos genitores Védrrantais e A-16, F₁ e gerações segregantes (F₂ e retrocruzamentos). Mossoró-RN, UFERSA, 2016..... 83

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I

Tabela1 - Dados meteorológicos do período de 30 de maio a 4 de agosto de 2016. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.....	45
Tabela 2 - Fertirrigação ($\text{m}^3 \text{ ha}^{-1}$) utilizada no experimento. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.....	46
Tabela 3 - Modelos de herança utilizados pelo programa Monogen v.0.1.....	50
Tabela 4 - Estimativas de componentes de média e de variância do teor de β -caroteno ($\mu\text{g/g}$) em melão obtidos no estudo de herança (modelo aditivo-dominante) a partir de gerações oriundas do cruzamento Védrrantais x A-16. Mossoró-RN, UFERSA, 2016	55
Tabela 5 - Testes de hipóteses de modelos genéticos hierárquicos obtidos no estudo da herança do teor de β -caroteno em melão. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.....	58

CAPÍTULO II

Tabela 6 - Dados meteorológicos do período de 30 de maio a 4 de agosto de 2016. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.....	69
Tabela 7 - Fertirrigação ($\text{m}^3 \text{ ha}^{-1}$) utilizada no experimento. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.....	70
Tabela 8. Modelos de herança utilizados pelo programa Monogen v.0.1.....	74
Tabela 9. Estimativas de média e variância das gerações, componentes de média e de variância do modelo aditivo-dominante e Teste F (Wald) para teores de sacarose e sólidos solúveis em melão obtidos no estudo de herança a partir das gerações oriundas do cruzamento Védrrantais x A-16. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.....	77

Tabela 10. Testes de hipóteses de modelos genéticos hierárquicos obtidos no estudo da herança para teor de sacarose e sólidos solúveis. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.....	80
--	----

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

A-16 – acesso 16

CARs – carotenoides

BC – betacaroteno

UV – ultra-violeta

PSI – fotossistema I

PSII – fotosistema II

UDP – difosfato de uridina

QTLs – quantitative Trait Loci

RAPD – random amplified polymorphic DNA

HPLC – High performance liquid chromatography

F₁ – geração F₁

F₂ – geração F₂

P₁ – pai 1 (genitor 1)

P₂ – pai 2 (genitor 2)

RC₁ – retrocruzamento 1

RC₂ – retrocruzamento 2

DBC – delineamento em bloco casualizado

PVDF – fluoreto de polivinilideno

RCF – relative centrifugal force

LISTA DE SÍMBOLOS

® - marca registrada

% - porcentagem

cM - centimorgan

Pi - fósforo inorgânico

g-1 - por grama

µg - micrograma

RE - equivalente de retinol

UI - unidade internacional

C₄₀ - molécula de 40 carbonos

C₅ - molécula de 5 carbonos

% - porcentagem

β - beta

α - alfa

γ - gama

m³ - metros cúbicos

ha -1 - por hectar

µm - microgramas

mg.mL-1 - miligramas por mililitro

g.L-1 - gramas por litro

mL.min-1 - mililitro por minuto

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL E REFERENCIAL TEÓRICO.....	21
1 INTRODUÇÃO GERAL.....	21
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	23
2.1 Importância da cultura do melão.....	23
2.2 Metabolismo de β-caroteno em melão.....	23
2.3 Metabolismo de carboidratos em melão.....	26
2.4 Herança da cor do mesocarpo e do teor de β-caroteno em melão.....	29
2.5 Herança do teor de sacarose e sólidos solúveis em meloeiro	31
REFERÊNCIAS.....	33
 CAPÍTULO I - HERANÇA DO TEOR DE β-CAROTENO EM MELÃO.....	 40
1 INTRODUÇÃO	42
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	44
2.1 Caracterização do local.....	44
2.2 Genitores.....	45
2.3 Condução experimental.....	46
2.4 Análise qualitativa de β-caroteno em HPLC.....	46
2.4.1 Material vegetal.....	46
2.4.2 Reagentes.....	47
2.4.3 Quantificação do β-caroteno nas amostras de melão.....	47
2.4.3.1 Preparo do padrão.....	47
2.4.3.2 Preparo das amostras de melão.....	47
2.4.3.3 Preparo das amostras para determinação quantitativa de β-caroteno por análise em sistema de hplc.....	48
2.4.3.4 Instrumentação cromatográfica.....	48
2.4.3.5 Condições cromatográficas.....	48
3 DELINEAMENTO E ANÁLISES ESTATÍSTICAS	48
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	52
5 CONCLUSÕES	60
REFERÊNCIAS.....	61
 CAPÍTULO II - HERANÇA DO TEOR DE SACAROSE E SÓLIDOS SOLÚVEIS EM MELÃO.....	 64
1 INTRODUÇÃO	66
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	68
2.1 Caracterização do local.....	68
2.2 Genitores.....	69
2.3 Condução experimental.....	70
2.4 Análise qualitativa de sacarose em HPLC.....	70
2.4.1 Material vegetal.....	70
2.4.2 Reagentes.....	71
2.4.3 Quantificação da sacarose nas amostras de melão.....	71
2.4.3.1 Preparo do padrão.....	71
2.4.3.2 Preparo das amostras de melão.....	71
2.4.3.3 Preparo das amostras para determinação quantitativa de sacarose por análise em sistema de HPLC.....	71

2.4.3.4	Instrumentação cromatográfica.....	71
2.4.3.5	Condições cromatográficas.....	71
2.5	Determinação de sólidos solúveis	72
3	DELINEAMENTO E ANÁLISES ESTATÍSTICAS.....	72
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	75
4.1	Sacarose	75
4.2	Teor de sólidos solúveis.....	81
5	CONCLUSÕES	85
	REFERÊNCIAS.....	86

INTRODUÇÃO GERAL E REFERENCIAL TEÓRICO

1 INTRODUÇÃO GERAL

A cultura do melão é uma das mais importantes no semiárido nordestino. A produção brasileira dessa hortaliça está concentrada nos Estados do Ceará, no Vale do Jaguaribe; e no estado do Rio Grande do Norte, no Agropolo Mossoró-Açu. Os referidos estados são responsáveis por mais de 95% da produção e exportação nacional (SIDRA/IBGE, 2018; ALICE/WEB/MDIC, 2018). As condições climáticas de temperaturas elevadas, altos níveis de insolação e reduzida precipitação na maior parte do ano, além do alto nível tecnológico empregado pelo setor produtivo, são as principais razões do destaque nacional dos referidos estados (NUNES et al., 2005; 2016).

Em razão da maior exigência dos consumidores, os programas de melhoramento genético têm concentrado esforços para aumentar a qualidade do melão. Inicialmente, a qualidade do fruto é determinada pelo seu conteúdo de açúcar (YAMAGUCHI et al., 1977). O melão é composto principalmente pelos açúcares sacarose, glicose e frutose. Frutos de melão mais doces possuem altos níveis de sacarose (BURGER et al., 2003; VILLANUEVA et al., 2004). O maior teor de sacarose em frutos doces se deve ao acúmulo de sacarose nos estádios finais de desenvolvimento do fruto (BURGER et al., 2000; SCHAFFER et al., 2000).

Outra demanda recente por parte do mercado consumidor são os alimentos funcionais e/ou nutracêuticos. Nesse contexto, em razão da grande variabilidade genética no germoplasma do meloeiro, há cultivares com mesocarpo de cor branca, verde ou salmão (BURGER et al., 2010). As cultivares de mesocarpo salmão pertencem aos grupos botânicos *cantaloupensis* e *reticulatus*, sendo os tipos Honey Dew, Cantaloupe e Charanthais os mais produzidos em todo o mundo (PITRAT, 2008). Esses tipos de frutos possuem elevado teor de β -caroteno, que confere a cor salmão ao mesocarpo e é um antioxidante, de propriedade lipídica que compõe o grupo dos tetraterpenóides C_{40} . Na planta, ele tem um papel na fotossíntese e acumula-se nos frutos (órgão dreno) de coloração salmão (CHAYUT et al., 2015).

Os teores de sacarose e de β -caroteno em frutos de melão são variáveis de natureza quantitativas. Assim sendo, a quantidade de ambos em melão é influenciada por diversos fatores de origem genética, como cultivar bem como fatores ambientais como: estado de maturação, clima/localização geográfica da produção, estação do ano, parte da planta amostrada, condições

de plantio, manuseio pós-colheita, processamento e condições de estocagem (RODRIGUEZ-AMAYA, 1993; GROSS, 1987, 1991; RODRIGUEZ-AMAYA; AMAYA-FARFAN, 2008).

Por outro lado, sabe-se que existem grandes variações nos níveis de sacarose (BURGER et al., 2000; STEPANSKY et al., 1999), bem como β -caroteno no germoplasma do meloeiro, sendo a referida variação decorrente de causas genéticas. A ideia é utilizar a variabilidade existente para obter cultivares de maior qualidade sob os aspectos de sabor e nutracêutico. O desenvolvimento de programas de melhoramento visando ao aumento de teores sacarose e β -caroteno constitui relevante conhecimento relacionado à herança dessas duas variáveis. Em estudos de herança, as informações mais importantes são os efeitos genéticos envolvidos (aditivos, dominância e epistasia), o grau médio de dominância e o número de genes ou *locos* envolvidos. As referidas informações auxiliam os melhoristas na tomada de decisão sobre qual método de melhoramento e estratégia seletiva serão mais indicados para se atingir os objetivos do programa com menores recursos, esforço e tempo.

São raras as informações sobre a herança do teor de sacarose e de β -caroteno em melão. Com relação à sacarose, Burger et al. (2002) observaram que o acúmulo de sacarose em melão é devido ao alelo recessivo denominado de *suc*. Todavia, Sinclair et al. (2006) apontam a herança do teor de sacarose como poligênica. No caso do teor de β -caroteno, os artigos são mais escassos ainda. Com efeito, em razão da carência de informações da herança de ambas variáveis, são necessários estudos que esclareçam, em condições do semiárido brasileiro, o controle genético dos dois caracteres mencionados.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho é estudar a herança do teor de sacarose, sólidos solúveis e de β -caroteno em melão.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância da cultura do melão

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) ($2n = 2x = 24$) é uma cucurbitácea de grande importância mundial em termos econômicos, cultivado em 101 países, tendo ocupado uma área colhida em 2013 de aproximadamente 1,19 milhões de hectares e uma produção de 29,46 milhões de toneladas. A China é o maior produtor com 48,9%, seguida pela Turquia, com 5,8%, pelo Irã, com 5,1%, e pelo Egito, com 3,5% (FAOSTAT, 2018). Em 2013, o Brasil foi o 12º maior produtor mundial, com aproximadamente 565,9 mil toneladas em uma área colhida de 22,1 mil hectares, com produtividade média de 25,7 mil toneladas por hectare (SIDRA/IBGE, 2018).

A Região Nordeste é a principal produtora e exportadora do melão nacional, respondendo por mais de 95% da produção nacional. A produção está concentrada no semiárido nordestino, região com elevadas temperaturas ($> 30^{\circ}\text{C}$), alta luminosidade e reduzida precipitação pluviométrica ($< 600 \text{ mm ano}^{-1}$). A produção e a área cultivada nacional têm aumentado no período entre 1990 e 2016. Os estados do Rio Grande do Norte e Ceará são os maiores produtores, seguidos da Bahia e Pernambuco (SIDRA/IBGE, 2018). No Rio Grande do Norte, a produção está concentrada no Agropolo Mossoró-Assu, em especial os municípios de Mossoró e Baraúna; no Ceará, a produção está no Vale Baixo Jaguaribe.

Com relação às exportações, em 2017 o Brasil exportou 289,56 mil toneladas, perfazendo aproximadamente 178 milhões de dólares (ALICEWEB/MDIC, 2018). Os estados do Ceará e do Rio Grande do Norte são os principais exportadores, com praticamente 100% das exportações. Além da grande importância econômica para o semiárido brasileiro, o agronegócio do meloeiro também possui grande relevância social, haja vista ser um dos que mais absorvem mão de obra, gerando cerca de 20.000 empregos diretos, sem contar aqueles relacionados à logística da cadeia produtiva.

2.2 Metabolismo de β -caroteno em melão

A coloração salmão do melão dos grupos botânicos *cantaloupensis* e *reticulatus* se deve à presença do carotenoide denominado β -caroteno. Estima-se que um fruto de melão do tipo Cantaloupe tenha 20 μg de β -caroteno por grama de tecido vegetal (RODRIGUEZ-

AMAYA; AMAYA-FARFAN, 2008). O β -caroteno é um fitonutriente abundante em diversos tecidos vegetais, como frutos de abóbora (*Cucurbita pepo*), batata doce (*Ipomoea batatas*), cenoura (*Daucus Carota*), manga (*Mangifera*), acerola (*Malpighia emarginata*) e mamão (*Carica papaya*) (HOWITT; POGSON, 2006; YUAN et al., 2015) (RODRIGUEZ-AMAYA; AMAYA-FARFAN, 2008).

O β -caroteno é um nutriente de propriedade lipídica, compondo o grupo dos tetraterpenóides C_{40} , que podem ser divididos em duas classes: na classe dos hidrocarbonetos, os carotenos e na classe de seus derivados oxigenados, as xantofilas (RUZICKA, 1953; RODRIGUEZ-AMAYA et al., 2008; DOMONKOS et al., 2013). Esse nutriente recebe a denominação de provitamina A. Além disso, o α e γ carotenos também darão origem à vitamina A, composto isoprenóide formado na mucosa intestinal. A diferença química entre o α , β e γ encontra-se nos anéis terminais da molécula. O β -caroteno contém dois anéis de β -ionona, ao passo que os demais possuem apenas um anel responsável pela atividade pró-vitamínica A. Essa vitamina, embora seja necessária em pequenas quantidades diárias (0,4 mg a 1,2 mg de acordo com o sexo e idade), desempenha importante função na estabilidade da visão (CHITARRA; CHITARRA, 2005). Dentre a classe de centenas de carotenoides (MESQUITA et al., 2017), o β -caroteno (BC) merece especial atenção na medida em que é um dos seis principais carotenoides encontrados no sangue e tecidos humanos (EPLER et al., 1992; STAHL; SIES, 2012), um dos cinco mais comumente encontrados nos alimentos e o carotenoide mais largamente distribuído (RODRIGUEZ-AMAYA, 1993).

A ingestão de β -caroteno é importante, pois, segundo a Organização Mundial de Saúde (OMS), a deficiência de vitamina A na dieta causa cegueira em pelo menos 500 mil crianças em países em desenvolvimento, em sua maioria localizados no sudeste da Ásia (TAIZ; ZEIGER; 2013). Além disso, concentrações de carotenoides na dieta e de β -caroteno no plasma foram inversamente associadas à glicemia de jejum e à resistência insulínica, respectivamente (ROOHBAKHSH et al., 2017). Também foi observado redução de eritema solar após a ingestão de β -caroteno sintético (MATHEWS-ROTH et al., 1972; GOLLNICK et al., 1996), de extratos de fontes naturais ricos em β -caroteno (LEE et al., 2000; STAHL et al., 2000) ou de misturas antioxidantes com β -caroteno como constituinte principal (STAHL et al., 2000; CESARINI et al., 2003; HEINRICH et al., 2003).

Para doenças, Persson et al. (2008) ainda relatam que os valores de β -caroteno e α -caroteno foram inversamente associados ao câncer de estômago em homens; para mulheres, apenas o β -caroteno. Os resultados indicaram que aquelas pessoas que possuem níveis muito

baixos de α -caroteno e β -caroteno no plasma possuem maior risco de desenvolver o câncer. Kabat et al. (2009) relatam que o consumo de α -caroteno e β -caroteno na dieta foram inversamente associados ao câncer de mama em mulheres na pós-menopausa.

A Figura 1 ilustra a rota metabólica de síntese dos principais carotenoides e do β -caroteno em melão. A biossíntese de carotenoides (CARs) envolve condensações sucessivas de moléculas até resultar no β -caroteno e outros carotenoides. Os grupos geranilgeranil difosfato (GGPP) são clivados pelas enzimas desoxi-D-xilulose 5-fosfato sintase (DXS), desoxi-D-xilulose 5-fosfato redutoisomerase (DXR) e geranilgeranil difosfato sintase (GGPPS). Moléculas de geranilgeranil difosfato (GGPP) são substratos para enzimas de fitoeno sintase (PSY), gerando moléculas de Fitoeno. As enzimas fitoeno dessaturase (PDS), ζ -caroteno isomerase (Z-ISO) e ζ -caroteno dessaturase (ZDS) realizam ação catalítica sobre o Fitoeno gerando o Pró-licopeno, que, por sua vez, sofre ação da enzima caroteno isomerase (CRTISO). Por fim, o Licopeno é clivado em β -caroteno por ação da enzima beta-ciclase de licopeno (β -LCY). Seguem-se demais reações gerando outros carotenoides (CHAYUT et al., 2015).

Como observado na Figura 1, sabe-se que as atividades de PSY-1 e PDS são responsáveis pelos níveis de carotenoides em plantas (NISAR et al., 2015; CAZZONELLI et al., 2010). Em melão alaranjado, o aumento da expressão de PSY-1 e PDS pode estar associado a elevados níveis de carotenoides em 30 dias após antese (DAA) e estágio maduro. O nível de transcrição muito baixo de ϵ -LCY, juntamente com o nível mais elevado de transcrição de β -LCY, pode dirigir o fluxo metabólico para a produção de β -caroteno em vez de α -caroteno. O nível de β -OHase é baixo entre 20 e 30 DAA e sua baixa expressão continua até o estágio maduro. Assim, sugere-se que os baixos níveis de transcrição podem reduzir a modificação do β -caroteno a zeaxantina e explicar a dominância do β -caroteno na composição do carotenoide do mesocarpo do melão (CHAYUT et al., 2015).

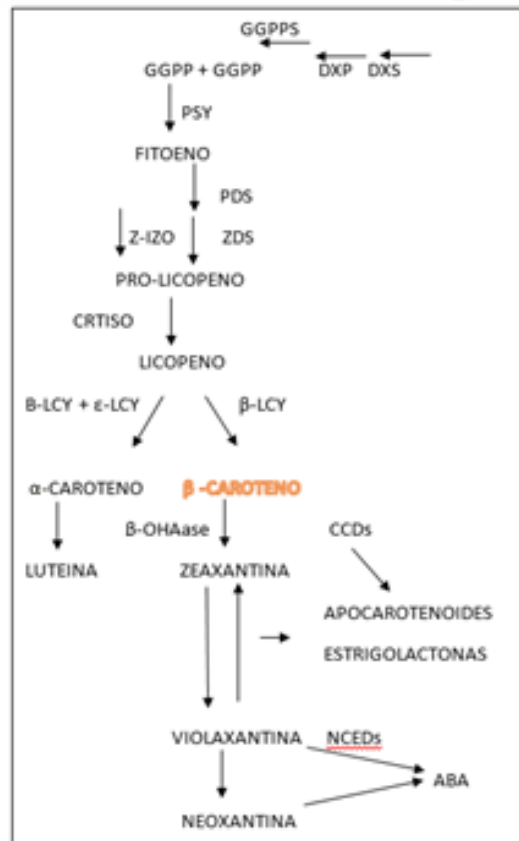


Figura 1. Rota metabólica de síntese dos principais carotenoides e do β -caroteno em plantas (CHAYUT et al., 2015).

Assim, observando a Figura 1 da via metabólica de carotenoides em plantas e, segundo Chayut et al. (2015), o gene DXS (MELO3C014965) em melão codifica a enzima, sintetizando 1-desoxi-D-xilulose-5-fosfato (DXP), e é capaz de ser 5,9 vezes maior no fruto maduro em comparação com os frutos nos estágios iniciais. O DXR (MELO3C026292) em melão, o próximo gene da via, também é suprarregulado durante os últimos estágios de desenvolvimento dos frutos. O próximo passo enzimático é a síntese de GGPP, os blocos de construção do fitoeno pela geranil-geranil-redutase (GGR; MELO3C013320) em melão. O GGR também é regulado positivamente nos últimos estágios de maturação dos frutos. Dessa forma, compreende-se de forma geral a via metabólica do β -caroteno em frutos de melão.

2.3 Metabolismo de carboidratos em melão

Os carboidratos são os biopolímeros mais abundantes na Terra e componentes de todos os seres vivos (SEEBERGER, 2015). São eles os componentes mais largamente distribuídos

em alimentos de origem vegetal. Em frutas frescas, o teor de carboidratos pode variar entre 10 e 25%, influenciando a estrutura e textura dos tecidos, o sabor, o valor calórico e conteúdo de fibras. Açúcares simples, como glicose, frutose e sacarose, influenciam no sabor doce e os açúcares complexos (polissacarídeos), como o amido, são considerados excelentes fontes energéticas e encontram-se em grande disponibilidade, notadamente em frutas, raízes e tubérculos, podendo corresponder de 2 até 90% dos tecidos. Outros polissacarídeos parecem estar associados a fibras vegetais (CHITARRA; CHITARRA, 2005; ORNELAS, 2007). O dióxido de carbono é assimilado nas células do mesofilo sendo sintetizado em sacarose, o principal açúcar transportado na maioria das plantas. A sacarose move-se célula a célula através dos plasmodesmos em células vizinhas às nervuras, chamadas células da bainha e, em seguida, para o transporte de longa distância para fora da folha (BRAUN, 2014).

Dessa forma, carboidratos atuam como metabólitos de sinalização sintetizados nas folhas (fonte) e, em seguida, são utilizados em compartimentos (dreno) para sustentar o metabolismo (LALONDE et al., 1999; LUDEWIG; FLÜGGE, 2013). A produção de sacarose na região citosólica celular da folha, acoplado ao carregamento e transporte no floema, garante o desenvolvimento ótimo da planta. É importante destacar que a regulação desses processos está invariavelmente ligada ao nível de sacarose em cada compartimento metabólico (CHITARRA; CHITARRA, 2005; TAIZ; ZEIGER, 2013). O acúmulo de sacarose em melão é determinado pelo metabolismo dos carboidratos no próprio fruto (HUBBARD et al., 1989; LESTER et al., 2001, SCHAFFER et al., 1996). Os principais produtos da fotossíntese, sacarose e os oligossacarídeos de rafinose e estaquiose, são translocados da folha para o fruto (fonte-dreno) de melão (CHROST, SCHMITZ, 1997; MITCHELL et al., 1992; SCHAFFER et al., 1996).

A via metabólica do açúcar no melão tem início com a hidrólise dos translocados de oligossacarídeos de estaquiose e rafinose pelas enzimas α -galactosidase. O metabólito resultante é fosforilado por uma galactoquinase e o produto gal-1P (galctose fosfatada no carbono 1) é posteriormente transformado em glc-1P (glicose fosfatada no carbono 1) por ação de uma UDP-gal/glc pirofosforilase (UGGP), UDP-glc-4-epimerase e pirofosforilase UDP-glc(UGP) (DAI et al., 2011). A glc-1P (glicose fosfatada no carbono 1) resultante pode transformar-se em glc-6P (glicose fosfatada no carbono 6) e fru-6P (frutose fosfatada no carbono 6) através da enzima fosfoglicomutase (PGM) e fosfoglicoisomerase(IGP), cada uma das quais ocorre tanto no citoplasma quanto nos plastídeos. A enzima SPS (sacarose sintase fosfato) catalisa a síntese de sacarose-P (sacarose fosfatada) a partir dos substratos fru-6P

(frutose fosfatada no carbono 6) e UDP-glc (uridina difosfato glicose) e segue sua hidrólise pela SPP (sacarose fosfato sintase), produzindo sacarose livre.

A síntese sacarose (SUS) também pode catalisar a síntese de sacarose a partir de frutose e UDP-glc (uridina difosfato glicose) ou, na reação inversa, pode clivar a sacarose à frutose e UDP-glc (uridina difosfato glicose). Finalmente, as enzimas de invertase, existentes nas formas de pH ácido e neutro, realizam a hidrólise de sacarose originária de qualquer das três fontes, seja a sacarose translocada ou a inicial resultante dos RFO (oligossacarídeos de rafinose) translocada após a remoção de galactose ou de sacarose recém-sintetizada (DAI et al., 2011) (Figura 2).

Informações na literatura indicam que a qualidade do melão pode ser largamente determinada pela quantidade de açúcares, principais componentes da fração solúvel, compreendendo mais de 97%, destacando-se a glicose e frutose, que contribuem com quase 100% do teor de açúcares totais na fase inicial de desenvolvimento. A sacarose pode ser responsável por até 50% dos açúcares totais na fase final de maturação, com proporção aproximada de 25% para glicose e 25% pra frutose (SIMÕES et al., 2016).

Há variabilidade genética no germoplasma para o conteúdo e composição de açúcares em melão (STEPANSKY et al., 1999). Os referidos autores, trabalhando com 56 genótipos que representam ampla gama de tipos morfológicos e hortícolas da espécie, observaram variação no acúmulo de sacarose. Entre os genótipos que acumularam sacarose, os níveis deste açúcar foram correlacionados à concentração total de açúcar. Os níveis de hexoses foram correlacionados com os níveis baixos de açúcar que não acumularam sacarose. As atividades das enzimas hidrolisadoras de sacarose, invertase ácida (EC 3.2.1.26) e invertase alcalina (EC 3.2.1.27) foram medidas no mesocarpo de fruto maduro e os resultados deste levantamento ratificam a hipótese de que baixa atividade de invertase ácida é um requisito para a acumulação de sacarose (STEPANSKY et al., 1999; BURGER; SCHAFFER, 2007; HUBBARD et al., 1989; IWATSUBO et al., 1992 ; LESTER et al., 2001; MCCOLLUM et al., 1988; RANWALA et al., 1991 ; SCHAFFER et al., 1987).

salmão, combinações (*wf/wf /gf⁺_-*) produzem frutos com mesocarpo branco e a combinação (*wf/wf/gf/gf*) é responsável por coloração verde.

Em estudo com marcadores moleculares microssatélites no cruzamento ‘Shongwan Charmi’ PI 161375 (mesocarpo verde) e uma linha do tipo Pele de Sapo (mesocarpo branco), Monforte et al. (2004) identificaram três *loci* associados à coloração salmão. Além disso, os *loci* relatados por Monforte et al. (2004) não foram confirmados por Eduardo et al. (2008), avaliando linhas quase isogênicas produzidas a partir da população de linhas duplo haploides do mesmo cruzamento. Todavia, Fukino et al. (2008) observaram segregação monogênica para mesocarpo salmão em linhas recombinantes (RIL) no cruzamento entre ‘AR 5 (mesocarpo salmão) e ‘Harukei N° 3’ (mesocarpo verde). Fato também observado por Périn et al. (2002), no cruzamento envolvendo os genitores PI 161375 (mesocarpo verde) e ‘Védrantais’ (mesocarpo salmão). A referida herança simples foi presumida ao gene *gf* localizado no grupo de ligação IX. Análises envolvendo famílias F₃ oriundas do cruzamento entre a linhagem chinesa ‘Q 3-2-2’ (mesocarpo branco) e a linha ‘Top Mark’ (mesocarpo salmão), identificaram três QTL associados à coloração do mesocarpo, ao passo que dois foram localizados em uma região sintênica com os genes *wf* e *gf* (CUEVAS et al., 2009). Segundo Cuevas et al. (2010), ao menos quatro *loci* estão envolvidos com a coloração do mesocarpo do fruto de melão.

Outro estudo utilizando a metodologia clássica, realizado por Cuevas et al. (2010), sugeriu uma herança complexa para o acúmulo de β-caroteno em melão com quatro *loci* envolvidos. Segundo Monforte et al. (2004), a produção de β-caroteno (mesocarpo salmão) é independente em relação aos genes relacionados às cores verde (*gf*) e branca (*wf*). Os mesmos autores, em estudo com marcadores moleculares microssatélites no cruzamento ‘Shongwan Charmi’ PI 161375 (mesocarpo verde) e uma linha do tipo Pele de Sapo (mesocarpo branco), identificaram três QTLs associados com a coloração salmão. Outros autores também identificaram QTLs relacionados ao referido caráter (PARIS et al., 2008; CUEVAS et al., 2009; HAREL-BEJA et al., 2010; DIAZ et al., 2011).

Sabe-se que genes e poligenes relacionados à produção de β-caroteno afetam o seu conteúdo em melão. Tzuri et al. (2015) identificaram o CmOr, um alelo previamente descrito como o gene *gf* em melão. O referido gene é responsável pela coloração salmão em melão. Os autores identificaram haplotipos CmOr salmão capazes de induzir o acúmulo de β-caroteno em melão e haplotipos verde/branco incapazes de induzir o acúmulo de β-caroteno. Assim sendo, o acúmulo de β-caroteno está estreitamente

relacionado ao polimorfismo do gene CmOr. Um marcador SNP identificado para CmOr permite o uso de novas ferramentas genômicas para compreender o acúmulo de β -caroteno e permitir a obtenção de cultivares biofortificadas.

Mais recentemente, Perpiña et al. (2016), trabalhando com linhas de introgressão derivadas do cruzamento entre Védrantais (mesocarpo salmão) e Gisen Makuwa (mesocarpo branco), identificaram em duas linhas as introgressões MAK_2-1 e MAK_9-2 derivadas de Gisen Makuwa, relacionadas à cor verde do mesocarpo. Estas linhas definem um QTL que afeta a cor do mesocarpo no cromossomo 9 (*fchl.9-fca.9-fcb.9*). A linha MAK_2.1 tem maior introgressão no cromossomo 2 e adicionalmente na região na região *fchl.9-fca.9-fcb.9* (posição 36.8– 64 cM e marcadores CMPSNP159-CMPSNP890). As demais linhas de introgressão têm coloração salmão, mas com variação nos tons. Os frutos das linhas MAK_6-1 e MAK_8-2 possuem coloração salmão pálido e estão relacionadas aos QTLs (*fchl.6* e *fchl.8*). A linha de introgressão MAK_8-2 tem uma introgressão simples (posição 46.5–79.2 cM e marcadores CMPSNP281-CMPSNP1006), ao passo que a linha MAK_6-1 tem uma segunda introgressão no cromossomo 8.

2.5 Herança do teor de sacarose e sólidos solúveis em meloeiro

Não há muitos relatos sobre a herança do teor de sacarose em meloeiro ou mesmo outras cucurbitáceas. Burger et al. (2002) concluíram que um único gene composto por dois alelos, em que o alelo recessivo com dominância incompleta, denominado *suc*, é responsável pelo acúmulo de sacarose. Os referidos autores ainda comentam que, apesar de se tratar de um caráter quantitativo, não é surpreendente constatar que a herança ao acúmulo de sacarose seja devido a apenas um *locos*. Todavia, Sinclair et al. (2006), utilizando população F₂ do cruzamento entre ‘TAM Dulce’ (alta sacarose) x TGR 1551 (baixa sacarose), apontam a herança do teor de sacarose como poligênica. As discrepâncias dos resultados são decorrentes principalmente da diferença dos genitores envolvidos nos estudos. Sinclair et al. (2006) também identificaram cinco QTLs com marcadores RAPD, conjuntamente explicando 39% da variação fenotípica no teor de sacarose.

No melão doce, a acumulação de sacarose está associada a alterações transcricionais controladas pelo desenvolvimento de genes do metabolismo do açúcar no

próprio cultivo dos frutos. Dai et al. (2011) relatam que 43 genes estão relacionados ao metabolismo do açúcar durante o desenvolvimento do fruto. Analisando a transcriptômica do fruto do melão durante o amadurecimento, Zhang et al. (2016) descobriram que 83 genes medeiam o metabolismo de açúcar. Recentemente, identificaram-se 47.666 genes expressos em fruto de melão durante o desenvolvimento. Entre esses, 48 genes foram associados ao metabolismo do amido e da sacarose (SHIN et al., 2017).

Além disso, em um trabalho realizado por Chayut et al. (2015), foram indicadas mudanças significativas na expressão de genes relacionados ao metabolismo do açúcar em 20 dias após a antese. Segundo esses autores, os dois genes que levaram diretamente à síntese de sacarose, *SUSY* e *SPS*, foram regulados no *bulk* de melões de polpa “verdes” em 20 dias após a antese, ao passo que os genes que degradam a sacarose (invertase), deslocando o fluxo metabólico da sacarose (frutoquinase), foram regulados no *bulk* de melões de polpa “salmão” em 20 dias após a antese.

A herança do teor de sólidos solúveis é motivo de controvérsias entre autores: Kalb; Davis (1984); Singh; Randhawa (1990) não constataram predominância de efeitos não aditivos, enquanto Barros et al. (2011) e Costa (2012) observaram efeitos aditivos e de dominância envolvidos na herança do referido caráter. Resultados discordantes podem ser explicados pelos diferentes genitores envolvidos nos estudos e as metodologias de análise. Além disso, as variações ambientais são marcantes em se tratando de caracteres muito influenciados pelo ambiente. Não foram encontrados artigos apontando a participação de epistasia na herança de sólidos solúveis em melão. Não foram encontrados artigos apontando a participação de epistasia na herança de sólidos solúveis em melão.

REFERÊNCIAS

ALICEWEB/MDIC - Sistema de Análise das Informações de Comércio Exterior/Ministério do Desenvolvimento, Indústria e Comércio Exterior. Disponível em :<<http://aliceweb.mdic.gov.br/index/home>>. Acesso em: 30 abr. 2018.

BARROS, A. K. A.; NUNES, G. H. S.; QUEIRÓZ, M. A.; PEREIRA, E. W. L.; COSTA FILHO, J. H. Diallel analysis of yield and quality traits of melon fruits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, n. 4, p. 313-319, 2011.

BRAUN, D. M.; WANG, L.; RUAN Y. L. Understanding and manipulating sucrose phloem loading, unloading, metabolism, and signalling to enhance crop yield and food security. **Journal of Experimental Botany**, v. 65, n. 7, p. 1713-1735, 2014.

BURGER, Y.; SA'AR, U.; DISTELFELD, A.; KATZIR, N.; YESELSON, Y.; SHEN, S.; SCHAFFER, A. A. Development of sweet melon (*Cucumis melo*) genotypes combining high sucrose and organic acid content. **The American Society for Horticultural Science**, v. 128, p. 537-40, 2003.

BURGER, Y.; SAAR, U.; KATZIR, N.; PARIS, H. S.; YESELSON, Y.; LEVIN, I. e SCHAFFER, A. A. A single recessive for sucrose accumulation in *Cucumis melo* Fruit. **The American Society for Horticultural Science**, v. 127, n. 6, p. 938-943, 2002.

BURGER, Y.; SCHAFFER, A. A. The contribution of sucrose metabolism enzymes to sucrose accumulation in *Cucumis melo*. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 132, n. 5, p. 704-712, 2007.

BURGER, Y.; SHEN, S.; PETREIKOV, M.; SCHAFFER, A. A. The contribution of sucrose to total sugar content in melons (*Cucumis melo*). In: KATZIR, N.; PARIS, H. S. (Ed), Proceedings of Cucurbitaceae 2000. **Acta Horticulturae**, Wageningen, v. 510, p. 479-485, 2010.

BURGER, Y.; SHEN, S.; PETREIKOV, M.; SCHAFFER, A. A. The contribution of sucrose to total sugar content in melons. In: VII Eucarpia meeting on cucurbit genetics and breeding KATZIR; PARIS, H.S. (eds.). Proceedings Cucurbitaceae. **Acta Horticulture**, v. 510, p. 479-485, 2000.

CAZZONELLI, C. I; POGSON, B. J. Source to sink: regulation of carotenoid biosynthesis in plants. **Trends in Plant Science**. v. 15, n. 5, p. 266-74, 2010.

CESARINI, J. P.; MICHEL, L.; MAURETTE, J. M.; ADHOUTE, H.; BEJOT, M. Immediate effects of UV radiation on the skin: modification by an antioxidant complex containing carotenoids. **Photodermatol Photoimmunol Photomed**. v. 19, p. 182-189, 2003.

CHAYUT, N.; YUAN, H.; OHALI, S.; MEIR, A.; YESELSON, Y.; PORTNOY, V.; ZHENG, Y.; FEI, Z.; LEWINSOHN, E.; KATZIR, N.; SCHAFFER, A. A.; GEPSTEIN, S.; BURGER, J.; LI, L.; TADMOR, Y. A bulk segregant transcriptome analysis reveals metabolic and cellular processes associated with Orange allelic variation and fruit β -carotene accumulation in melon fruit. **BMC Plant Biology**, v. 274, n. 15, 2015.

CHITARRA, M. I. F.; CHITARRA, A. B. **Pós-colheita de frutos e hortaliças: fisiologia e manuseio**. Lavras: ESAL; FAEPE. p. 735, 2005.

CHROST, B.; SCHMITZ, K. Changes in soluble sugar and activity of α -galactosidases and acid invertase during muskmelon (*Cucumis melon* L.) fruit development. **Journal of Physiology**, v. 151, n. 1, p. 41-50, 1997.

CLAYBERG, C. D. Interaction and linkage test of flesh color genes in *Cucumis melo* L. **Cucurbit Genetic Cooperative Reporter**, v.15, p. 53, 1992.

COSTA, G. G. **Associação entre heterose e divergência genética estimada por caracteres morfológicos e marcadores SSR em meloeiro**. 2012. 66p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2012.

CUEVAS, H. E., STAUB, J. E., SIMON, P.W., ZALAPA, J. E. A consensus linkage map identifies genomic regions controlling fruit maturity and beta-carotene-associated flesh color in melon (*Cucumis melo* L.). **Theoretical Applied Genetics**, v. 119, 741-756, 2009.

CUEVAS, H. E.; STAUB, J. E.; SIMON, P. W. Inheritance of beta-carotene-associated mesocarp color and fruit maturity of melon (*Cucumis melo* L.). **Euphytica**, v. 173, n. 2, p.129-140, 2010.

DAI, N.; COHEN, S.; PORTNOY, V.; TZURI, G.; HAREL-BEJA, R.; POMPANLOTAN, M.; CARMÍ, N.; ZHANG, G.; DIBER, A.; POLLOCK, S.; KARCHI, H.; YESELSON, Y.; PETREIKOV, M.; SHEN, S.; SAHAR, U.; HOVAV, R.; LEWINSOHN, E.; TADMOR, Y.; GRANOT, D.; OPHIR, R.; SHERMAN, A.; FEI, Z.; GIOVANNONI, J.; BURGER, Y.; KATZIR, N.; SCHAFFER, A. A. Metabolism of soluble sugars in developing melon fruit: a global transcriptional view of the metabolic transition to sucrose accumulation. **Plant Molecular Biology**, v. 6, n. 1-2, p. 1-18, 2011.

DIAZ, A., FERGANY, M., FORMISANO, G. A consensus linkage map for molecular markers and quantitative trait loci associated with economically important traits in melon (*Cucumis melo* L.). **BMC Plant Biology**, v. 11, p. 111-125, 2011.

DOMONKOS, I.; KIS, M.; GOMBOS, Z.; UGHY, B. Carotenoids, versatile components of oxygenic photosynthesis. **Progress in Lipid Research**, v. 52, n. 4, p. 539-561, 2013.

EDUARDO, I., FERNÁNDEZ-TRUJILLO, J.P., MARTÍNEZ, J.A., ALARCÓ, A.L., EDUARDO, I., ARÚS, P., MONFORTE, A. J. Identification of melon fruit quality quantitative trait loci using near-isogenic lines. **Journal American Society Horticulture Science**, v. 133, p. 139-151, 2008.

EPLER, K. S.; SANDER, L. C.; ZIEGLER, R. G.; WISE, S. A.; CRAFT, N. E. Evaluation of reversed-phase liquid chromatographic columns for recovery and selectivity of selected carotenoids. **Journal of Chromatography**, v. 595, n. 1, p. 89-101, 1992.

FAOSTAT/FAO - **Divisão de Estatística da FAO/Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação**. Disponível em

<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>. Acessado abr., 2018.

FUKINO, N., OHARA, T., MONFORTE, A., SUGIYAMA, M., SAKATA, Y., KUNIHISA, M., MATSUMOTO, S. Identification of QTLs for resistance to powdery mildew and SSR markers diagnostic for powdery mildew resistance genes in melon (*Cucumis melo* L.). **Theoretical Applied Genetics**, v.118, n. 1, p. 165-175, 2008.

GOLLNICK, H. P. M., HOPFENM. ULLER, W., HEMMES, C., CHUN, S.C.; Systemic beta carotene plus topical UV-sunscreen are an optimal protection against harmful effects of natural UV-sunlight: results of the Berlin-Eilath study. **European Journal of Dermatology**, v. 6, p. 200-205, 1996.

GROSS, J. **Pigments in Fruits**. London: Academic Press, 1987.

GROSS, J. **Pigments in Vegetables**. Chlorophylls and Carotenoids. New York: Van Nostrand Reinhold, 1991.

HAREL-BEJA, R., TZURI, G., PORTNOY, V. ET AL. A genetic map of melon highly enriched with fruit quality QTLs and EST markers, including sugar and carotenoid metabolism genes. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 121, n. 3 p. 511-533, 2010.

HEINRICH, U.; GARTNER, C.; WIEBUSCH, M.; EICHLER, O. Supplementation with beta-carotene or a similar amount of mixed carotenoids protects humans from UV-induced erythema. **Journal of Nutrition**, v. 133, n. 1, p. 98-101, 2003.

HOWITT, C. A.; POGSON, B. J. Carotenoid accumulation and function in seeds and non-green tissues. **Plant. Cell. Environment** v. 29, n. 3, p. 435-45, 2006.

HUBBARD, N. L.; HUBER, S. C.; PHARR, D. M. Sucrose phosphate synthase and acid invertase as determinants of sucrose concentration in developing muskmelon (*Cucumis melo* L.) fruits. **Plant Physiology**, v. 91, n. 4, p. 1527-34, 1989.

HUGHES, M.B. The inheritance of two characters of *Cucumis melo* and their interrelationship. **Proceedings American Society Horticultural Science**, v. 52, p. 399-402, 1948

IMAM, M. K. L.; ABO-BAKR, M. A.; HANNA, H. Y. Inheritance of some economic characters in crosses between sweet melon and snake cucumber. I. Inheritance of qualitative characters. **Assiut Journal Agronomy Scotland**, v. 3, p. 363-380, 1972.

IWATSUBO, T.; NAKAGAWA, H.; OGURA, N.; HIRABAYASHI, T.; SATO, T. Acid invertase of melon fruits immunochemical detection of acid invertases. **Plant and Cell Physiology**, v. 33, n. 8, p. 1127-1133, 1992.

KABAT, G. C.; KIM, M.; ADAMS-CAMPBELL, L. L.; CAAN, B. J.; CHLEBOWSKI, R. T.; NEUHOUSER, M. L.; SHIKANY, J. M.; ROHAN, T. E. Longitudinal study of serum carotenoid, retinol, ad tocopherol concentrations in relation to breast cancer risk among postmenopausal woman. **The American Journal Clinical Nutrition**, v. 90, n. 1, p. 162-169, 2009.

KALB, T. J.; DAVIS, D. W. Evaluations of combining ability, heterosis and genetic variance for fruit quality characteristics in bush muskmelon. *Journal American Society Horticulture Science*, Alexandria, v. 109, n. 3, p. 411-4115, 1984.

LALONDE, S.; BOLES, E.; HELLMANN, H.; BARKER, L.; PATRICK, J. W.; FROMMER, W. B.; WARD, J. M. The dual function of sugar carriers: transport and sugar sensing. *Plant Cell*, v. 11, n. 4, p. 707-726, 1999.

LEE, J.; JIANG, S.; LEVINE, N.; WATSON, R. R. Carotenoid supplementation reduces erythema in human skin after simulated solar radiation exposure. *Proceedings of the Society of Experimental Biology and Medicine*, v. 223, n. 2, p. 170-174, 2000.

LESTER, G. E.; ARIAS, L. S.; GOMEZ-LIM, M. Muskmelon fruit soluble acid invertase and sucrose phosphate synthase activity and polypeptide profiles during growth and maturation. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, v. 126, n. 1, p. 33-36, 2001.

LUDEWIG, F.; FLÜGGE, U. I. Role of metabolite transporters in source–sink carbon allocation. *Frontiers in Plant Science*, v. 231, n. 4, 2013.

MATHEWS-ROTH, M. M.; PATHAK, M. A.; PARRISH, J. A.; FITZPATRICK, T. B.; KASS, E. H.; K. Clemens W: A clinical trial of the effects of oral beta-carotene on the responses of human skin to solar radiation. *Journal of Investigative Dermatology*, v. 59, n. 4, p.349-353, 1972.

MCCOLLUM, T. G.; HUBER, D. J.; CANTLIFFE, D. J. Soluble sugar accumulation and activity of related enzymes during muskmelon fruit development. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, v. 113, p. 399-03, 1988.

MESQUITA, S. S.; TEIXEIRA, C. M. L. L.; SERVULO, E. F. C. Carotenóides: Propriedades, Aplicações e Mercado. *Revista Virtual Química*, v. 9, n. 2, 2017.

MITCHELL, F. G. The need for cooling. In: KADER, A.A. (Ed.) **Postharvest technology of horticultural crops**. 2 ed. Berkley: Division of Agriculture and Natural Resources, University of California, p. 53-56 (Publication, 3311), 1992.

MONFORTE, A. J., OLIVER, M., GONZALO, M.J., ALVAREZ, J.M., DOLCET-SANJUAN, R., ARÚS, P. Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.). *Theoretical Applied Genetics*, v. 108, n. 4, p. 750-758, 2004.

NISAR, N.; LI, L.; LU, S.; KHIN, N. C.; POGSON, B. J. Carotenoid metabolism in plants. *Molecular Plant*, v. 8, n. 1, p. 68-82, 2015.

NUNES, G. H. S.; ARAGÃO, F. A. S.; NUNES, E. W. L. P.; COSTA, J. M.; RICARTE, A. O. **Melhoramento de Melão**. Viçosa: Ed. UFV. Cap. 11, p. 331-363, 2016.

- NUNES, G. H. S.; SANTOS JÚNIOR, J. J.; ANDRADE, F. V.; BEZERRA NETO, F.; MENEZES, J. B.; PEREIRA, E.W.L. Desempenho de híbridos do grupo inodorus em Mossoró. **Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 1, p. 90-94, 2005.
- ORNELAS, L. H. **Técnica dietética: seleção e preparo de alimentos**. São Paulo: Atheneu, 276p, 2007.
- PARIS, M.K., ZALAPA, J.E., MCCREIGHT, J.D. AND STAUB, J.E. Genetic dissection of fruit quality components in melon (*Cucumis melo* L.) using a RIL population derived from exotic 9 elite US Western Shipping germplasm. **Molecular Breeding**, v. 22, p. 405-419, 2008.
- PÉRIN, C.; HAGEN, L. S.; GIOVINAZZO, N.; BESOMBES, D.; DOGIMONT, C.; PITRAT, M. Genetic control of fruit shape acts prior to anthesis in melon (*Cucumis melo* L.). **Molecular Genetics and Genomics**, v. 266, n. 6, p. 933-941, 2002.
- PERPIÑÁ, G.; ESTERAS, C.; GIBON, Y; MONFORTE, A.J; PICÓ, B. A new genomic library of melon introgression lines in a cantaloupe genetic background for dissecting desirable agronomical traits. **BMC Plant Biology**, v. 16, p. 154, 2016.
- PERSSON, C; SASAZUKI, S; INOUE, M; KURAHASHI, N; IWASAKI, M; MIURA, T; YE, W.; TSUGANE, S. Plasma levels of carotenoids, retinol and tocopherol and the risk of gastric cancer in Japan: a nested case-control study. **Carcinogenesis**, v. 29, p. 1042-1048, 2008.
- PITRAT, M. Melon (*Cucumis melo* L.). In: PROHENS J., NUEZ F. (org.). **Handbook of crop breeding, Vegetables**. Springer, New York, v. 1, p. 283–315, 2008.
- RANWALA, A. P; MASUDA, H. Purification of soluble acid invertase from the mesocarp of developing muskmelon (*Cucumis melo* L. cv. Prince) fruit. *Agriculture Biology Chemistry*, v. 55, p. 2435-2436, 1991.
- RODRIGUEZ-AMAYA, D. B. Nature and distribution of carotenoids in foods. In: CHARALAMBOUS, G. (Ed.). **Shelf-life Studies of Foods and Beverages: Chemical, Biological, Physical and Nutritional Aspects**. Amsterdam: Elsevier Science Publishers. p. 547-589, 1993.
- RODRIGUEZ-AMAYA, D. B.; KIMURA, M.; AMAYA-FARFAN, J. **Fontes brasileiras de carotenóides: Tabela brasileira de composição de carotenóides em alimentos**. Brasília: Ministério do Meio Ambiente, Secretaria de Biodiversidade e Floresta, 100p, 2008.
- ROOHBAKHSH, A.; KARIMI, G; IRANSHAHI M. Carotenoids in the treatment of diabetes mellitus and its complications: A mechanistic review. **Biomed Pharmacother**, v. 91, p. 31-42, 2017.
- RUZICKA, L. The isoprene rule and the biogenesis of terpenic compounds. **Experientia**. v. 15; n. 9, p. 357-67, 1953.
- SCHAFFER, A. A.; ALONI, B. E. Fogelman Sucrose metabolism and accumulation in developing fruit of *Cucumis*. **Phytochemistry**, v. 26, p. 1883-1887, 1987.

SCHAFFER, A. A.; BURGER, Y.; ZHANG, G.; ET AL. Biochemistry of sugar accumulation in melons as related to the genetic improvement of fruit quality. In: Katzir N, Paris HS, editors. **Acta Horticulturae**. Vol. 510. 2000. pp. 449–453. Proceedings of Cucurbitaceae 2000, the 7th Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding.

SCHAFFER, A. A.; PHARR, D. M.; MADORE, M. Cucurbits. In: Zamski E, Schaffer A. A. editors. **Photoassimilate distribution in plants and crops**. New York: Marcel Dekker; p. 729-57, 1996.

SEEBERGER, P. H. The Logic of Automated Glycan Assembly. *Accounts Of Chemical Research*. **American Chemical Society**, v. 48, n. 5, p. 1450-1463, 2015.

SHIN, A. Y.; KIM, Y. M.; KOO, N.; SU, M. L.; NAHM, S.; KWON, S. Y. Transcriptome analysis of the oriental melon (*Cucumis melo* L. var. *makuwa*) during fruit development. **Peer J**, 2017.

SIDRA/IBGE - **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/>> Acesso abr. 2018.

SILVA, E. M. F. Estudos sobre o mercado de frutas. FIPE, São Paulo, 373p, 1999.

SIMÕES, A. N.; SOARES, D. J.; COSTA, F. B.; JUNIOR, G. J.; VIEIRA, M. R. S.; **Metabolismo dos carboidratos em curcubitáceas**. Edições Sebo Vermelho. 74p. Natal, 2016.

SINCLAIR, J. M.; PARK, S. O.; LESTER, G. E., YOO, K. S.; CROSBY K. S. Identification and confirmation of RAPD markers and andromonoecious associated with QTL for sucrose in muskmelon. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v.131, n. 6, p. 360-371, 2006.

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

STAHL, W.; HEINRICH, U.; JUNGSMANN, H.; SIES, H.; TRONNIER, H. Carotenoids and carotenoids plus vitamin E protect against ultraviolet light-induced erythema in humans. **The American Journal of Clinical Nutrition**, v. 71, n. 3, p. 795-798, 2000.

STAHL, W.; SIES, H. β -Carotene and other carotenoids in protection from sunlight. **The American journal of clinical nutrition**, v. 96, n. 5, p. 1179S-84S, 2012.

STAHL, W.; SIES, H. Photoprotection by dietary carotenoids: Concept, mechanisms, evidence and future development. **Molecular Nutrition and Food Research**, v. 56, n. 2, p. 287-295, 2012.

STEPANSKY, A.; KOVALSKI, I.; SCHAFFER, A. A.; PERL-TTREVES, R. Variation in sugar levels and invertase activity in mature fruit representing a broad spectrum of *Cucumis melo* genotypes. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 46, n. 1, p. 53-62, 1999.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. 5.ed. Porto Alegre: Artmed, 918p, 2013.

TZURI, G.; ZHOU, X.; CHAYUT, N.; YUAN, H.; PORTNOY, V.; MEIR, A.; SA'AR1, U.; BAUMKOLER, F.; MAZOUREK, M.; LEWINSOHN, E.; FEI, Z.; SCHAFFER, A. A.; LI, L.; BURGER, J.; KATZIR, N.; TADMOR, Y. A 'golden' SNP in CmOr governs the fruit flesh color of melon (*Cucumis melo*). **The Plant Journal**, v. 82, n. 2, p. 267-279, 2015.

VILLANUEVA, M. J.; TENORIO, M. D.; ESTEBAN, M. A.; MENDONZA, M. C. Compositional changes during ripening of two cultivars of muskmelon fruits. **Food Chemistry**, v. 87, n. 2, p. 179-185, 2004.

YAMAGUCHI, M.; HUGHES, D.L.; YABUMOTO, K.; JENNINGS, W.C. Quality of cantaloupe muskmelons: Variability and attributes. **Science Horticulture**, v. 6, n. 1, p. 59-70, 1977.

YUAN, H.; ZHANG, J.; NAGESWARAN, D.; LI, L. Carotenoid metabolism and regulation in horticultural crops. **Horticulture Research**, v. 2, n. 15036, 2015.

ZHANG, H.; WANG, H.; YI, H.; ZHAI, W.; WANG, G.; FU, Q. Transcriptome profiling of *Cucumis melo* fruit development and ripening. **Horticulture Research**, v. 3, n. 16014, 2016.

CAPÍTULO I

HERANÇA DO TEOR DE β -CAROTENO EM MELÃO

RESUMO

O β -caroteno é um carotenoide que recebe a denominação de provitamina A e que também é considerado um antioxidante natural. Sua importância está associada à correlação positiva entre o consumo e o menor risco do acometimento de doenças. O objetivo deste trabalho foi estudar a herança do teor de β -caroteno no melão. A-16 (subsp. *melo* var. *acidulus*), uma cultivar com baixo teor de β -caroteno e com mesocarpo branco, foi cruzada com Védraçais (subsp. *melo* var. *reticulatus*), uma cultivar com alto teor de β -caroteno e mesocarpo salmão. Foram estimados nove *loci* e uma dominância parcial envolvidos com o acúmulo de β -caroteno. As segregações nas gerações F₂ e retrocruzamentos indicaram que o acúmulo de β -caroteno em melão é conferido por um gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância associado aos poligenes com efeitos aditivos.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, melhoramento vegetal, qualidade, β -caroteno, HPLC.

INHERITANCE OF THE β -CAROTENE CONTENT IN MELON

ABSTRACT

It is known that β -carotene is a carotenoid that is called pro-vitamin A and is also considered a natural antioxidant. Its importance is associated with a positive correlation between consumption and the lower risk of disease involvement. The objective of this work was to study the inheritance of β -carotene content in melon. The A-16 (subsp. *melo* var. *Acidulus*), a cultivar with low β -carotene content and white mesocarp, was crossed with Védraçais (subsp. *melo* var. *Reticulatus*), a cultivar with a high content of β -salmon mesocarp. Nine *loci* and a partial dominance were estimated with β -carotene content. Segregations in the F₂ and backcross generations indicated that the content of β -carotene in melon is conferred by a major gene with additive and dominance effects associated with polygenes with additive effects.

Key words: *Cucumis melo*, plant breeding, quality, β -carotene, HPLC.

1 INTRODUÇÃO

O semiárido nordestino é o principal produtor e exportado de melão nacional. A produção brasileira está concentrada nos Estados do Ceará, no Vale do Jaguaribe; e do Rio Grande do Norte, no Agropolo Mossoró-Açu. Os referidos estados são responsáveis por mais de 95% da produção e exportação nacional (SIDRA/IBGE, 2018). As condições edafoclimáticas e a elevada tecnologia empregada são os principais motivos para o destaque do Nordeste para essa cucurbitácea.

No melão, há grande variação no germoplasma para a cor do mesocarpo, com frutos de coloração branca, verde e alaranjada. A cor do mesocarpo é determinada por uma combinação de pigmentos como a clorofila e carotenoides (BURGER et al., 2009). O principal pigmento acumulado no mesocarpo alaranjado ou salmão em melão é o β -caroteno (NUÑEZ-PALENIUS et al., 2008). Diferenças quantitativas em β -caroteno são as principais responsáveis pela intensidade de coloração alaranjada no mesocarpo de melão (BURGER et al., 2009). O β -caroteno é um potencial oxidante e precursor da Vitamina A (FLESHMAN et al., 2011). Atualmente, há uma preocupação para a busca de cada vez mais biofortificar vegetais para alimentação humana visando ao aumento de sua qualidade e auxílio na prevenção e redução do risco de doenças graves (DEMMIG-ADAMS; ADAMS, 2002).

Nesse sentido, os programas de melhoramento genético do meloeiro têm buscado cultivares produtivas, com excelente qualidade de frutos e com maior teor de β -caroteno bioacessível. Para o melhoramento de uma característica, é importante o conhecimento de sua herança. O referido conhecimento auxilia o melhorista na tomada de decisão sobre a estratégia mais adequada a ser usada para atingir seus objetivos. As informações mais importantes nos estudos de herança são os efeitos genéticos (aditivos e não aditivos), o grau médio de dominância e o número de genes ou *loci* envolvidos. Os estudos têm apontado uma herança complexa para o acúmulo de β -caroteno em melão. Alguns estudos identificaram QTLs relacionados ao referido caráter (MONFORTE et al., 2004; PARIS et al., 2008; CUEVAS et al., 2009; HAREL-BEJA et al., 2010; DIAZ et al., 2011). Não obstante, estudos sobre o tema são raros, sendo, portanto, necessários. Assim sendo, são relevantes ações de pesquisa nas condições brasileiras buscando melhor entendimento do mecanismo genético envolvido no acúmulo de β -caroteno no mesocarpo do melão.

Diante dessas considerações, o objetivo do presente trabalho foi estudar a herança do acúmulo de β -caroteno em melão.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Caracterização do local

Os experimentos foram desenvolvidos no período de maio a agosto de 2016, na Fazenda Experimental Rafael Fernandes (Figura 3), localizada no distrito de Alagoinha, zona rural de Mossoró-RN, em Latossolo Vermelho Amarelo Argissólico franco-arenoso (EMBRAPA, 2013).



Figura 3. Localização da Fazenda Experimental Rafael Fernandes. Coordenadas: 5°11'31" de latitude sul; 37° 20'40" de latitude oeste; 18 m altitude média Greenwich. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.

O distrito de Lagoinha tem altitude aproximada de 72 metros, com distância de 20 km da cidade de Mossoró-RN. O clima da região, segundo classificação de Köppen, é do tipo BSw^h, isto é, tropical semiárido muito quente e seco, com estação chuvosa no verão, atrasando-se para o outono. A precipitação pluviométrica é bastante irregular, com média anual de 673,9 mm e temperatura média de 27°C, sendo a umidade relativa do ar média de 68,9% (CARMO FILHO, OLIVEIRA, 1995). A estação meteorológica automática local do INMET (Instituto Nacional de Meteorologia) indicou durante a condução do experimento (30 de maio a 4 de agosto de 2016) os seguintes dados meteorológicos segundo a Tabela 1 abaixo.

Tabela1 - Dados meteorológicos do período de 30 de maio a 4 de agosto de 2016. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.

Mês	Temperatura (°C)	Umidade Relativa (%)	Radiação (kJ/m ²)	Precipitação pluviométrica (mm)
Maio	28,16	70,19	891,36	0,01
Junho	27,85	68,88	919,3	0,02
Julho	28,39	52,47	834,2	0,1
Agosto	27,5	54,62	961,87	0

2.2 Genitores

Foram utilizados como genitores o acesso *A-16* e a linhagem ‘Védrantais’. A linhagem *A-16* pertence ao grupo botânico *acidulus*, possui mesocarpo de coloração branca, exocarpo de coloração amarela e baixos teores de sacarose e sólidos solúveis (< 4°Brix). A linhagem ‘Védrantais’ é uma cultivar francesa, pertencente ao grupo botânico *cantaloupensis*, desenvolvida pela Vilmorin Seed Company. Esta cultivar possui frutos do tipo Charanthais de forma arredondada (IF =1,0), mesocarpo de coloração laranja, altos teores de sacarose e sólidos solúveis (> 12°Brix). No ano de 2014, os referidos genitores foram cruzados, obtendo-se a geração filial *F*₁ e, em seguida, a geração *F*₂ e os retrocruzamentos (*RC*₁ e *RC*₂). Foi colhido um fruto por planta para as análises, descartados os frutos da bordadura.

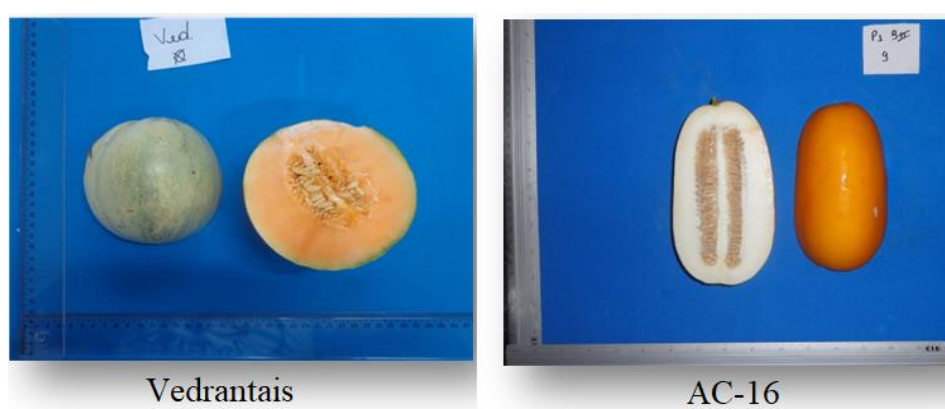


Figura 4. Genitores utilizados nos estudos de herança de sacarose, sólidos solúveis, β -caroteno e cor do mesocarpo. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.

2.3 Condução experimental

No preparo da área, foram realizadas uma aração e duas gradagens, com posterior preparação dos camalhões. As adubações de fundação e cobertura foram realizadas por fertirrigação, conforme resultados das análises químicas do solo. As adubações de cobertura foram realizadas por fertirrigação (Tabela 2). O semeio foi feito em bandejas de poliestireno expandido com 200 células, compostas por substrato comercial Polifértil®. Quando as plântulas atingiram a primeira folha verdadeira expandida (14 dias), as bandejas foram transplantadas para as parcelas na área experimental. O espaçamento adotado foi 2,0 x 0,3 m com uma planta por gotejador. A irrigação foi realizada por gotejamento e os tratos culturais foram aqueles empregados pela cultura no Estado do Rio Grande do Norte (NUNES et al., 2011).

Tabela 2 - Fertirrigação ($\text{m}^3 \text{ ha}^{-1}$) utilizada no experimento. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.

Água	URFUS44	KNO_3	MgSO_4	Ureia	Ácido bórico	ZnSO_4	KCl
4078,28	55,53	18,70	9,00	1,47	5,05	0,57	30,47

2.4 Análise qualitativa de β -caroteno em HPLC

Para determinação de β -caroteno, utilizou-se cromatografia líquida de alta eficiência (UHPLC analítico – modelo 8040, Shimadzu), acoplado a um detector de arranjo de diodo (DAD), segundo metodologia da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA (CORRÊA et al., 2015).

2.4.1 Material vegetal

As amostras utilizadas para análise foram aquelas obtidas a partir da polpa de cada unidade de fruto de melão que constituía um indivíduo, sendo P_1 (15 indivíduos), P_2 (15 indivíduos), F_1 (15 indivíduos), F_2 (167 indivíduos), RC_1 (44 indivíduos), RC_2 (45 indivíduos).

2.4.2 Reagentes

Foi utilizado padrão de β -caroteno da Sigma-Aldrich com pureza cromatográfica igual ou maior que 95 % (C4582). Para análise cromatográfica, foram utilizados metanol, acetonitrila e acetato de etila de grau HPLC para a corrida dos cromatogramas.

2.4.3 Quantificação do β -caroteno nas amostras de melão

2.4.3.1 Preparo do padrão

O padrão de β -caroteno foi preparado a partir de uma solução de 10 mg/L do padrão de β -caroteno em acetato de etila de grau HPLC. Posteriormente, essa solução foi diluída em concentrações crescentes para estimação da curva padrão.

2.4.3.2 Preparo das amostras de melão

A polpa de melão foi devidamente homogeneizada em liquidificador doméstico, sendo depois congelada em freezer a -20 °C até realização das análises. Posteriormente, para indivíduo, retirou-se cerca de 3 g de tecido vegetal para extração do betacaroteno. Simplesmente três gramas (3 g) da polpa foram pesados, devidamente protegidos da luz e, em seguida, foram adicionados 3 mL de álcool isopropílico para iniciar o processo de despigmentação até o embranquecimento do tecido. Essa solução foi homogeneizada em vortex e, em seguida, centrifugou-se por 5 minutos a 20°C a 10.000 RCF. Retirou-se o sobrenadante para concentração do “*pool*” de pigmento.

O sobrenadante foi retirado e reservado em tubo falcon para concentração da amostra no *pool* de pigmentos para posterior concentração. O precipitado foi novamente despigmentado com adição de 6 mL de acetona, sendo homogeneizado em vortex para posterior centrifugação nas condições já citadas. O sobrenadante foi retirado para concentração da amostra no “*pool*” de pigmentos. O precipitado foi despigmentado com acetato de etila, sendo utilizados em torno de 3 mL. Na medida em que se observava visualmente maior teor de pigmentos em cada amostra, repetiu-se a segunda e terceira fases de despigmentação.

2.4.3.3 Preparo das amostras para determinação quantitativa de β -caroteno por análise em sistema de HPLC

O “pool” de pigmentos foi concentrado em rotaevaporador a uma temperatura de 37°C e, em seguida, ressuspenso em acetato de etila grau HPLC para corrida cromatográfica. Cada extração foi seguida de corrida em HPLC.

2.4.3.4 Instrumentação cromatográfica

A coluna cromatográfica utilizada na separação do β -caroteno foi uma C18 do tipo XR-ODS III (1,6 μ m) 75L x 2.0 de 2 μ m de tamanho de partícula.

2.4.3.5 Condições cromatográficas

A fase móvel empregada na análise foi composta de metanol:acetato de etila: acetonitrila (2:1:1). A eluição da fase móvel foi feita em modo isocrático, com fluxo de 0,3 mL.min⁻¹.

3 DELINEAMENTO E ANÁLISES ESTATÍSTICAS

As seis gerações foram avaliadas em blocos completos casualizados com três repetições as seguintes gerações: dois genitores (A-16 e ‘Védrantais’), as gerações F₁ e F₂ e os retrocruzamentos envolvendo cada genitor. Em razão da variabilidade genética presente em cada geração, as parcelas foram constituídas pelos seguintes números de plantas: 13 (Védrantais), 15 (A-16 e F₁), 172 (F₂) e 43 (RC₁) e 46 (RC₂).

Para estimação de parâmetros genéticos e ajuste do modelo aditivo-dominante, foi utilizada a metodologia de modelos mistos de Piepho; Möhring (2010). A implementação do teste do modelo aditivo-dominante foi feita pelo modelo apresentado por Kearsey; Pooni (1996), conforme a expressão $\mu_i = m + [a]x_{i1} + [d]x_{i2} + \lambda_i$, em que μ_i : valor da *i*-ésima geração sob modelo aditivo-dominante, sendo *i*=1, G; *m*: intercepto; [*a*]: efeito aditivo; [*d*]: efeito de dominância; *x*_{i1}, *x*_{i2}: coeficientes dos efeitos aditivo e de dominância, respectivamente. λ_i : efeito de não ajuste. Como as gerações foram avaliadas em um delineamento em blocos casualizados, o modelo para planta *k*, avaliada na parcela *i* no bloco *j*, foi o seguinte: $y_{ijk} = b_j + \mu_i + p_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk}$, em que o erro da parcela *p*_{*ij*} e o erro de planta *e*_{*ijk*} têm distribuição normal com média zero e variâncias σ_p^2 e σ_e^2 ,

respectivamente. A variação genética dentro da geração foi modelada pelo efeito genético g_{ijk} ao nível de planta-específica. A estrutura de variância está apresentada em detalhes por Kearsey; Pooni (1996). O código SAS utilizado para todas as análises foi adaptado de Piepho; Möhring (2010). O ajuste da estrutura de variância genética foi realizado pelo procedimento MIXED no programa SAS® Versão 9.2 (SAS Institute, 2006).

A metodologia de Piepho; Möhring (2010) é essencialmente equivalente ao teste de escala conjunta descrita por Mather; Jinks (1971). Assim sendo, foram estimados os componentes de média relacionados aos efeitos aditivos [a] e de dominância [d], bem como as variâncias aditiva, de dominância e herdabilidade. Também foram estimados o grau médio de dominância (GMD) e o número mínimo de genes (η) envolvidos na expressão do caráter de acordo com Wright (1934).

Modelos genéticos foram testados usando a máxima verossimilhança em misturas de funções de densidade normal, conforme descrito por Silva (2003). As distribuições de cada uma das populações foram as seguintes:

$$P_1: N(\mu - [a] - A, \sigma^2);$$

$$P_2: N(\mu - [a] + A, \sigma^2);$$

$$F_1: N(\mu - [d] - D, \sigma^2);$$

$$F_2: \frac{1}{4}N\left(\mu + \frac{[d]}{2} - A, \sigma^2 + V_A + V_D\right) + \frac{1}{2}N\left(\mu + \frac{[d]}{2} + D, \sigma^2 + V_A + V_D\right) + \frac{1}{4}N\left(\mu + \frac{[d]}{2} + A, \sigma^2 + V_A + V_D\right);$$

$$BC_{11}: \frac{1}{2}N\left(\mu + \frac{[a]}{2} + \frac{[d]}{2} - A, \sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}\right) + \frac{1}{2}N\left(\mu - \frac{[a]}{2} + \frac{[d]}{2} + D, \sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}\right);$$

$$BC_{12}: \frac{1}{2}N\left(\mu + \frac{[a]}{2} + \frac{[d]}{2} + A, \sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D + S_{AD}\right) + \frac{1}{2}N\left(\mu + \frac{[a]}{2} + \frac{[d]}{2} + D, \sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D + S_{AD}\right).$$

Em que:

μ : constante de referência;

A: efeito aditivo de gene de efeito maior;

D: efeito de dominância do gene de efeito maior;

[a]: componente poligênico aditivo;

[d]: componente poligênico de dominância;

V_A : variância aditiva;

V_D : variância atribuída aos desvios de dominância dos efeitos poligênicos;

S_{AD} : componente da variação relativa aos produtos dos efeitos poligênicos aditivos pelos efeitos poligênicos de dominância;

σ^2 : variância ambiental.

As funções de densidade para RC_{11} e RC_{12} são constituídas pela mistura de duas densidades normais e F_2 , por uma mistura de três distribuições normais. A partir das funções de verossimilhança para cada modelo, foi possível compor testes de interesse, considerando diferentes hipóteses.

Na construção do modelo genético, considerou-se como o modelo mais geral aquele que apresenta a existência de gene de efeito maior mais poligenes com efeitos aditivos e de dominância, além de variâncias ambientais iguais em todas as gerações (Tabela 3). Admitiram-se ainda genes independentes (tanto poligenes como de efeito maior). A partir das funções de verossimilhança para cada modelo, foi possível compor testes de interesse, considerando diferentes hipóteses. Os testes de verossimilhança foram realizados por meio da estatística LR. De maneira geral, a estatística LR é dada por: $LR = -2 \ln \frac{L(M_i)}{L(M_j)}$, em que $L(M_i)$ e $L(M_j)$ são as funções de verossimilhança dos modelos i e j; em que o modelo i deve estar hierarquizado ao modelo j. Os testes foram realizados utilizando o *software* estatístico Monogen v.0.1 (SILVA, 2003).

Tabela 3. Modelos de herança utilizados pelo programa Monogen v.0.1.

Modelo	Parâmetro
1: Gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos e dominância	$\mu, A, D, [a], [d], V_A, V_D, S_{AD}, \sigma^2$
2: Gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos	$\mu, A, D, [a], V_A, \sigma^2$
3: Gene maior com efeito aditivo + poligenes com efeitos aditivos e de dominância	$\mu, A, [a], [d], V_A, V_D, S_{AD}, \sigma^2$
4: Gene maior com efeito aditivo + poligenes com efeito aditivo	$\mu, A, [a], V_A, \sigma^2$
5: Poligenes com efeitos aditivos e de dominância	$\mu, [a], [d], V_A, V_D, S_{AD}, \sigma^2$
6: Poligenes com efeito aditivo	$\mu, [a], V_A, \sigma^2$

7: Gene maior com efeitos aditivo e de dominância	μ, A, D, σ^2
8: Gene maior com efeito aditivo	μ, A, σ^2
9: Somente efeito ambiental	μ, σ^2

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O primeiro aspecto a ser considerado é a coloração do mesocarpo dos genitores. O genitor Védrantais com mesocarpo laranja tem alto teor de β -caroteno ($17,78 \mu\text{g g}^{-1}$), ao passo que o genitor A-16 com mesocarpo de cor branca tem baixíssimo teor de β -caroteno ($0,34 \mu\text{g g}^{-1}$). (Figura 1). Esses resultados corroboram com o contraste entre os genitores utilizados quanto ao teor de β -caroteno, indicando que sua escolha para a obtenção das gerações segregantes foi correta. Cuevas et al. (2010), estudando a herança do teor de β -caroteno e sua associação com a cor do mesocarpo em melão, utilizaram como genitores a linha americana Top Mark de mesocarpo laranja e a linha chinesa Q 3-2-2 com mesocarpo branco. Os teores de β -caroteno nos referidos genitores foram $6,56$ e $0,15 \mu\text{g g}^{-1}$, respectivamente. Portanto, estimativas inferiores àquelas observadas nos genitores do presente trabalho. Ressalta-se que o teor de β -caroteno é influenciado pelo genótipo (FLESHMAN et al., 2011) e pelas condições ambientais pré e pós-colheita, além do método de determinação (WOLBANG et al., 2010).

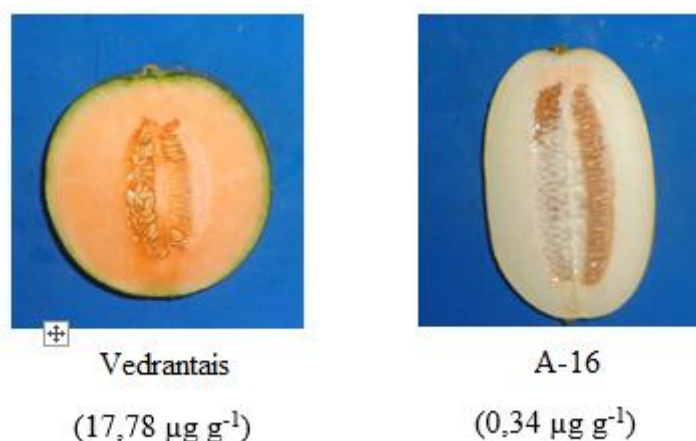


Figura 5. Coloração do mesocarpo e valor médio de do teor de β -caroteno nos genitores utilizados para a obtenção das populações segregantes. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.

A intensidade da coloração alaranjada do mesocarpo em melão é ocasionada pela quantidade de β -caroteno (MONFORTE et al., 2004). Assim sendo, verificou-se na geração F_2 frutos de coloração alaranjada com diferentes intensidades em função do teor de β -caroteno. Além disso, foram observados frutos com baixo teor de β -caroteno com mesocarpo com as colorações branca ou verde (Figura 5). Na segregação da geração F_2 , observaram-se frutos com diferentes intensidades da coloração alaranjada (forte, mediana e fraca), brancos e verdes (Figura 6). Considerando apenas a coloração do mesocarpo,

reunindo aqueles com diferentes tonalidades laranja em uma única classe, observou-se uma segregação aproximada de 12 (laranja): 3 (branco): 1 (verde).

Os trabalhos iniciais para estudar a herança da cor do mesocarpo em melão foram desenvolvidos por Hughes (1948) e Imam et al. (1972). Os referidos estudos revelaram a presença dos genes *gf* (*green flesh*) e *wf* (*white flesh*), que condicionam colorações de mesocarpo verde e branca, respectivamente. Posteriormente, Clayberg (1992) relatou que a coloração alaranjada é dominante em relação às colorações verde e branca. Monforte et al. (2004) observaram que o gene para coloração verde do mesocarpo (*gf*) teve herança simples monogênica recessiva em uma população F₂ e linhas duplo-haploides originadas de um cruzamento envolvendo os genitores ‘Shongwan Charmi’ PI 161375 (mesocarpo verde) e uma linha do tipo Pele de Sapo (mesocarpo branco).

Os resultados da presente pesquisa confirmam a hipótese formulada por Clayberg (1992), confirmada por Périn et al. (2002), Fukino et al. (2008) e Cuevas et al. (2009). Segundo Clayberg (1992), há epistasia entre os genes *gf* e *wf*, de modo que as combinações genotípicas (*wf*⁺/*gf*⁺₋) e (*wf*⁺/*gf**gf*) produzem frutos com mesocarpo laranja, combinações (*wf**wf*/*gf*⁺₋) produzem frutos com mesocarpo branco e a combinação (*wf**wf*/*gf**gf*) é responsável por coloração verde. Conforme essa hipótese, os genótipos dos genitores Védraçais e A-16 são (*wf*⁺ *wf*⁺/*gf**gf*) e (*wf**wf*/*gf*⁺ *gf*⁺), respectivamente. Estudando a coloração do mesocarpo de melão utilizando linhas de introgressão derivadas do cruzamento entre Védraçais e Ginsen makuwa (mesocarpo branco), Perpiña et al. (2016) também concluíram que o genótipo de Védraçais foi *wf*⁺ *wf*⁺/*gf**gf*.

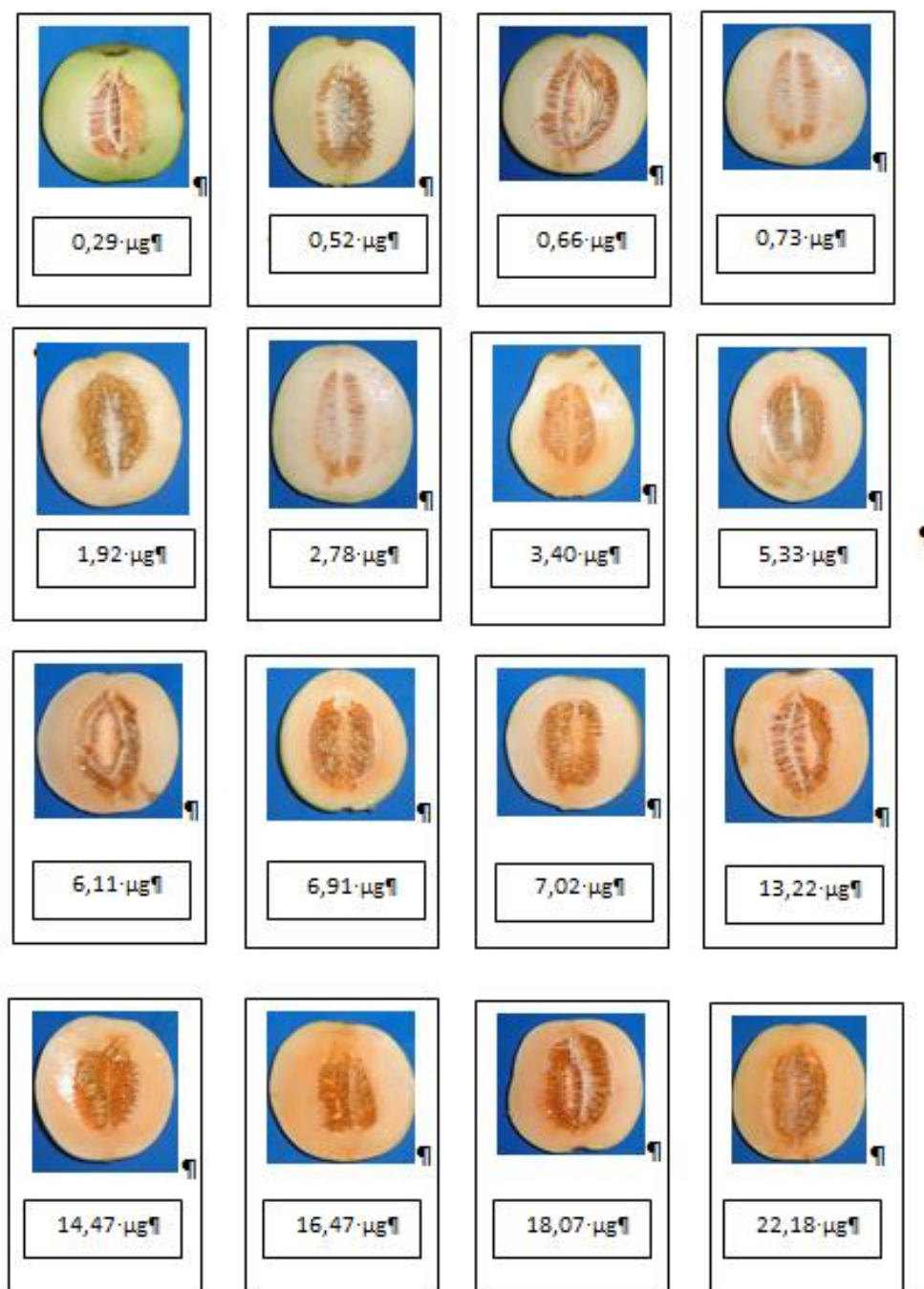


Figura 6. Coloração do mesocarpo e teor de β -caroteno em alguns frutos da geração F_2 , originada do cruzamento entre os genitores Védraçais e A-16. Mossoró-RN, UFRSA, 2016.

Os três parâmetros ([m], [a] e [d]) que constituem os componentes de média do modelo aditivo-dominante foram significativos ($p < 0,05$), indicando a presença de efeito aditivo e de dominância no controle genético do caráter (Tabela 4). O parâmetro [a] é a medida dos efeitos de todos os genes que controlam o caráter, ao passo que [d] é a medida dos desvios de dominâncias de todos os genes que controlam o caráter. O valor negativo

de [d] é explicado pelo fato de a dominância ocorrer em direção à manifestação fenotípica de menor grandeza do caráter, ou seja, a ocorrência de menor teor de β -caroteno.

Tabela 4. Estimativas de componentes de média e de variância do teor de β -caroteno ($\mu\text{g/g}$) em melão obtidos no estudo de herança (modelo aditivo-dominante) a partir de gerações oriundas do cruzamento Védrrantais x A-16. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.

Componentes de Média				Componentes de Variância	
FV	gl	Estimativa	F (Wald)	Parâmetro	Estimativa
Bloco	2	-	0,70 ^{ns}	σ^2_A	47,81
[a]	1	8,72	128,72 ^{**}	σ^2_D	17,55
[d]	1	-1,57	4,68 [*]	σ^2_p	3,24
[aa]		-	-	σ^2_e	9,12
[dd]		-	-	h^2_r (%)	64,19
[ad]		-	-	h^2_a (%)	87,75
η		1,34		GMD	0,86

Geração	Média	Variância
P1 (Védrrantais)	17,78	6,05
P2 (A-16)	0,34	0,02
F ₁	14,78	21,30
F ₂	8,28	74,49
RC ₁	15,26	67,29
RC ₂	1,27	33,88

******: Significativo a $p < 0,01$ pelo teste F de Wald.

O grau médio de dominância, obtido a partir dos componentes de variância, foi menor do que a unidade (0,86), indicando a presença de dominância incompleta. O número de *loci* estimado foi próximo de dois genes (Tabela 4). Cuevas et al. (2010) estimaram quatro locos no controle genético do teor de β -caroteno no cruzamento entre a linhagem chinesa ‘Q 3-2-2’ (mesocarpo branco) e a linha ‘Top Mark’ (mesocarpo

salmão). As diferenças basicamente ocorrem devido ao germoplasma utilizado como genitores e às condições ambientais. Não obstante, convém lembrar que a estimativa do número de *loci* neste trabalho é subestimada em função das premissas exigidas no método utilizado e o número de locos não segregantes nos dois genitores para o teor de β -caroteno.

Com relação aos componentes de variância, as estimativas estão de acordo com o esperado: maiores variâncias das populações segregantes (F_2 e os retrocruzamentos), sendo a variância da geração F_2 superior às demais. A variância aditiva foi superior à variância de dominância, ao passo que a herdabilidade no sentido restrito foi, como esperado, inferior à herdabilidade no sentido amplo, uma vez que a herdabilidade no sentido restrito contém apenas a contribuição da variância genética aditiva (Tabela 4). A variância aditiva é um dos fatores determinantes da covariância entre parênteses, sendo sua grandeza um indicativo do relacionamento entre a unidade de seleção e a unidade melhorada. A variância aditiva é toda passada para a geração filial e está diretamente relacionada ao ganho de seleção. Quanto maior for a estimativa da variância aditiva, maior será a herdabilidade no sentido restrito. Herdabilidade elevada indica maior confiança de que os valores fenotípicos representem os valores genéticos, o que significa menor influência dos efeitos ambientais (FALCONER; MCKAY, 1996). A estimativa de herdabilidade no sentido restrito foi mediana.

A herdabilidade no sentido amplo está relacionada à variância genotípica, que, em um modelo sem epistasia, depende das variâncias aditiva e de dominância. Considerando que a variância de dominância só é explorada em espécies em que a reprodução assexuada é possível, seu valor elevado no presente trabalho não tem tanto valor prático, uma vez que o meloeiro se reproduz de forma sexuada. Cuevas et al. (2010), estudando a herança do teor de β -caroteno em um cruzamento entre a linhagem chinesa ‘Q 3-2-2’ (mesocarpo branco) e a linhagem ‘Top Mark’ (mesocarpo laranja), verificaram estimativas de 74,0 e 68,0% das herdabilidades nos sentidos amplos e restrito, respectivamente. Os referidos valores estão próximos daqueles verificados no presente trabalho. Ressalta-se que a comparação de estimativas de herdabilidades deve ser feita com cuidado, uma vez que a herdabilidade depende da população em teste e das condições ambientais. Por outro lado, as estimativas obtidas no presente trabalho indicam condição favorável à seleção porque a maior parte da variação fenotípica decorre de causas genéticas.

Para complementar o estudo de herança clássico realizado pelos componentes de média e variâncias, realizou-se estudo com modelos que consideram efeito de um gene maior e poligenes (Tabelas 5). Primeiramente, comparou-se o modelo completo com gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos e dominância (Modelo 1) com o modelo com um gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos (Modelo 2), verificando-se diferenças entre os referidos modelos, indicando que o modelo 1 deve ser utilizado para testar o efeito de gene maior e de poligenes.

Assim sendo, foram feitas comparações do Modelo 1 (Gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos e dominância) com os Modelos 5 (Poligenes com efeitos aditivos e de dominância) e 7 (Gene maior com efeitos aditivo e de dominância). Com efeito, ao comparar os modelos 1 e 5, testou-se a presença do gene maior com efeitos aditivo e de dominância, constatando-se sua presença no controle genético do teor de β -caroteno em melão. Ao comparar os Modelos 1 e 7, testou-se a presença de poligenes com efeitos aditivos e dominância. Neste caso, também foi verificada a presença de poligenes no teor de β -caroteno em melão (Tabela 5).

Pelos resultados, pode-se inferir que a herança do teor β -caroteno em melão é complexa, como observado por Cuevas et al. (2010) e Monforte et al. (2004). Segundo Monforte et al. (2004), a produção de β -caroteno (mesocarpo laranja) é independente em relação aos genes relacionados às cores verde (*gf*) e branca (*wf*). Os mesmos autores, em estudo com marcadores moleculares microssatélites no cruzamento ‘Shongwan Charmi’ PI 161375 (mesocarpo verde) e uma linha do tipo Pele de Sapo (mesocarpo branco), identificaram três QTLs associados à coloração alaranjada. Os autores relatam que a coloração alaranjada está associada ao acúmulo de β -caroteno. A variação quantitativa no teor de β -caroteno está também estritamente associada à variação de tons alaranjados do mesocarpo, conforme verificaram Cuevas et al. (2010). Portanto, devem existir genes relacionados à produção de β -caroteno e poligenes que afetam seu conteúdo em melão. Um QTL relacionado à coloração alaranjada, identificado por Lu et al. (2006), interage com dois QTLs de menor efeito associados à expressão de β -caroteno no mesocarpo (CUEVAS et al., 2009). Perpiña et al. (2016) identificaram um QTL de grande efeito no cromossoma 9 a partir de estudos com linhas de introgressão derivadas do cruzamento entre Védraçais e Ginsen Makuwa.

Tabela 5. Testes de hipóteses de modelos genéticos hierárquicos obtidos no estudo da herança do teor de β -caroteno em melão. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.

Testes	gl	χ^2_c	Probabilidade
1 vs 2	3	176,09	0,0000
1 vs 3	1	148,62	0,0000
1 vs 4	4	178,89	0,0000
1 vs 5	5	169,74	0,0000
1 vs 6	6	190,24	0,0000
1 vs 7	5	152,40	0,0000
1 vs 8	6	182,05	0,0000
1 vs 9	7	261,78	0,0000
2 vs 4	1	2,84	0,0940
2 vs 6	2	14,16	0,0008
2 vs 7	2	*	*
2 vs 8	3	5,97	0,1132
2 vs 9	4	85,70	0,0000
3 vs 5	1	21,12	0,0000
3 vs 6	4	41,62	0,0000
3 vs 8	5	33,43	0,0000
3 vs 9	6	113,16	0,0000
4 vs 6	1	11,35	0,0007
4 vs 8	2	3,16	0,2057
4 vs 9	3	82,90	0,0000
5 vs 6	3	20,51	0,0000
5 vs 9	5	92,05	0,0000
6 vs 9	2	71,54	0,0000
7 vs 8	1	29,65	0,0000
7 vs 9	2	109,38	0,0000
8 vs 9	1	176,09	0,0000

gl: grau de liberdade; χ^2_c : Qui-quadrado. *: Valor não obtido por problemas de convergência.

Mais recentemente, Tzuri et al. (2015) identificaram o gene CmOr, um alelo previamente descrito como o gene *gf* em melão (HUGHES, 1948). Segundo Tzuri et al.

(2015), este gene é fundamental e responsável pela coloração alaranjada no mesocarpo do melão. Os autores identificaram haplotipos CmOr salmão capazes de induzir o acúmulo de β -caroteno em melão, ao passo que os haplotipos verde/branco não são capazes de induzir o acúmulo de β -caroteno. Portanto, o acúmulo de β -caroteno está estreitamente relacionado com o polimorfismo do gene CmOr. Um marcador SNP identificado para CmOr permitirá o uso de novas ferramentas genômicas para compreender o acúmulo de β -caroteno e permitir a obtenção de cultivares biofortificadas.

Do ponto de vista pragmático, devido à complexidade da herança, o melhoramento genético para alto teor de β -caroteno no meloeiro pode ser feito por retrocruzamento, visando à introgressão do gene de efeito maior e também por métodos que busquem o acúmulo gradativo do referido pigmento como a seleção recorrente. Graças à presença de efeitos aditivos e de dominância, pode-se explorar a heterose neste caráter. Aliás, atualmente as cultivares de melão em todo o mundo são híbridos simples em razão da homogeneidade e presença de heterose em caracteres de interesse.

5 CONCLUSÕES

A herança do teor β -caroteno em melão é complexa, com a presença de um gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância, em associação com os poligenes com efeitos aditivos.

REFERÊNCIAS

- BURGER, Y.; PARIS, H.; COHEN, R.; KATZIR, N.; TADMOR, Y.; LEWINSOHN, E. SCHAFFER, A. A. Genetic diversity of *Cucumis melo*. **Horticulture Review**, v. 36, p. 165-198, 2009.
- CARMO FILHO, F.; OLIVEIRA, O. F. **Mossoró: um município do semi-árido nordestino, caracterização climática e aspecto florístico**. Mossoró: ESAM, 62p. (Coleção Mossoroense, série B), 1995.
- CLAYBERG, C. D. Interaction and linkage test of flesh color genes in *Cucumis melo* L. **Cucurbit Genetic Cooperative Reporter**, v.15, p. 53, 1992.
- CORRÊA, L. C.; DIAS, R. C. S.; SOUZA, R. de C. R.; MARTINS, S. S.; SILVA, P. T. S. **Determinação de betacaroteno e licopeno em frutas e hortaliças por cromatografia líquida de alta eficiência (Clae)**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2015. 18 p. (Embrapa Semiárido. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 126).
- CUEVAS, H. E., STAUB, J. E., SIMON, P.W., ZALAPA, J. E. A consensus linkage map identifies genomic regions controlling fruit maturity and beta-carotene-associated flesh color in melon (*Cucumis melo* L.). **Theoretical Applied Genetics**, v. 119, 741-756, 2009.
- CUEVAS, H. E.; STAUB, J. E.; SIMON, P.W. Inheritance of beta-carotene-associated mesocarp color and fruit maturity of melon (*Cucumis melo* L.). **Euphytica**, v. 173, n. 2, p. 129-140, 2010.
- DEMMIG-ADAMS, B.; ADAMS, W. W. Antioxidants in photosynthesis and human nutrition. **Science**, 298p, 2149–2153, 2002.
- DIAZ, A., FERGANY, M., FORMISANO, G. A consensus linkage map for molecular markers and quantitative trait loci associated with economically important traits in melon (*Cucumis melo* L.). **BMC Plant Biology**. v. 11, p. 111-125, 2011.
- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Embrapa Solos. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. Embrapa Solos, Brasília- DF., 3 ed., 342p., 2013.
- FALCONER, D. S. Selection in different environments: effects on environmental sensitivity (reaction norm) and on mean performance. **Genetical Research**, v. 56, p. 57-70, 1990.
- FLESHMAN, M. K, LESTER, G. E.; RIEDL, K. M.; KOPEC, R. E, NARAYANASAMY, S.; CURLEY, R. W. JR.; SCHWARTZ, S. J.; HARRISON, E. H. Carotene and novel apocarotenoid concentrations in range-fleshed *Cucumis melo* melons: determinations of β -carotene bioaccessibility and bioavailability. **Journal of Agriculture and Food Chemistry**, v. 59, n. 9, p. 4448-54, 2011.
- HAREL-BEJA, R.; TZURI, G.; PORTNOY, V. ET AL. A genetic map of melon highly enriched with fruit quality QTLs and EST markers, including sugar and carotenoid metabolism genes. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 121, n. 3 p. 511-533, 2010.

HUGHES, M.B. The inheritance of two characters of *Cucumis melo* and their interrelationship. **Proceedings American Society Horticultural Science**, v. 52, p. 399-402, 1948.

IMAM, M. K. L.; ABO-BAKR, M. A.; HANNA, H. Y. Inheritance of some economic characters in crosses between sweet melon and snake cucumber. I. Inheritance of qualitative characters. **Assiut Journal Agronomy Scotland**, v. 3, p. 363-380, 1972.

KEARSEY, M. J.; POONI, H. S. **The genetical analysis of quantitative traits**. Chapman and Hall, London. p. 379, 1996.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Biometrical genetics**. 2nd ed. Chapman and Hall, London. p. 432, 1971.

MONFORTE, A. J., OLIVER, M., GONZALO, M.J., ALVAREZ, J.M., DOLCET-SANJUAN, R., ARÚS, P. Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.). **Theoretical Applied Genetics**, v. 108, n. 4, p. 750-758, 2004.

NUNES, G. H. S.; SANTOS JÚNIOR, H.; GRANGEIRO, L. C.; BEZERRA NETO, F.; DIAS, C. T. S.; Dantas, M. S. M. Phenotypic stability of hybrids of Galia melon in Rio Grande do Norte State, Brazil. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 83, n. 12, p. 1421-1434, 2011.

NUÑEZ-PALENIUS, H. G.; GOMEZ-LIM, M.; OCHOA-ALEJO, N.; GRUMET, R., LESTER, G.; CANTLIFFE, D. J. Melon fruits: genetic diversity, physiology, and biotechnology features. **Critical Reviews in Biotechnology**, n. 28, p. 13-55, 2008.

PARIS, M. K., ZALAPA, J. E., MCCREIGHT, J. D.; STAUB, J. E. Genetic dissection of fruit quality components in melon (*Cucumis melo* L.) using a RIL population derived from exotic 9 elite US Western Shipping germplasm. **Molecular Breeding**. v. 22, 405-419, 2008.

PERPIÑÁ, G., ESTERAS, C., GIBON, Y., MONFORTE, A. J. AND PICÓ, B. A new genomic library of melon introgression lines in a cantaloupe genetic background for dissecting desirable agronomical traits. **BMC Plant Biology**, v.16, n. 154, 2016.

PIEPHO, H. P. E; MOHRING, J. Generation Means Analysis Using Mixed Models. **Crop Science**, v. 50, n. 5, p. 1674-1680, 2010.

SAS Institute Inc. 2006. Base SAS ® 9.1.3 **Procedures Guide**, 2 ed., v. 1, 2, 3, and 4. Cary, NC: SAS Institute Inc.

SILVA, W. P. **Estimadores de máxima verossimilhança em misturas de densidades normais: uma aplicação em genética**. 2003. 60p. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agropecuária) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2003.

TZURI, G.; ZHOU, X.; CHAYUT, N.; YUAN, H.; PORTNOY, V.; MEIR, A.; SA'AR1, U.; BAUMKOLER, F.; MAZOUREK, M.; LEWINSOHN, E.; FEI, Z.; SCHAFFER, A. A.; LI, L.; BURGER, J.; KATZIR, N.; TADMOR, Y. A 'golden' SNP in CmOr governs the fruit flesh color of melon (*Cucumis melo*). **The Plant Journal**, v. 82, n. 2, p. 267-279, 2015.

WOLBANG, C.M.; SINGH, D. P.; SYKES, S. R.; MCINERNEY, J. K.; BIRD, A. R.; TREEBY, M. T. Influence of pre- and postharvest factors on beta-carotene content, its in vitro bioaccessibility, and antioxidant capacity in melons. **Journal of Agriculture Food Chemistry**. v.58, n. 3, p. 1732-40. 2010.

WRIGHT, S. The results of crosses between inbred strains of Guinea pigs, differing in number of digits. **Genetics**, v.19, p. 537-551, 1934

CAPÍTULO II

HERANÇA DOS TEORES DE SACAROSE E SÓLIDOS SOLÚVEIS EM MELÃO

RESUMO

A doçura é o principal determinante da qualidade do melão e tem relação com o acúmulo de sacarose nos estágios finais de desenvolvimento do fruto. A definição da qualidade do fruto é feita principalmente pelo teor de sólidos solúveis. Nesse sentido, é importante conhecer o controle genético associado a estes caracteres. O objetivo deste trabalho foi estudar a herança do acúmulo de sacarose no melão e o teor de sólidos solúveis. Foram avaliadas em um delineamento em blocos casualizados com três repetições as gerações F₁, F₂ e os retrocruzamentos a partir dos genitores A-16 (subsp. melo var. *acidulus*), com baixos teores de sacarose e sólidos solúveis, e ‘Vendrantais’ (subsp. melo var. *reticulatus*), com altos teores de sacarose e sólidos solúveis. Verificou-se que a sacarose é o principal fator que contabiliza a variabilidade genética e ambiental observada no teor de açúcar entre os genitores. Na herança do teor de sacarose, existe um gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância associado aos poligenes com efeitos aditivos. A herança de sólidos solúveis envolve um gene maior com efeitos aditivos e de dominância associado aos poligenes com efeitos aditivos e a presença de epistasia.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, qualidade, hexose, glicose, frutose.

INHERITANCE OF SUCROSE AND SOLUBLE SOLIDS CONTENTS IN MELON

ABSTRACT

Sweetness is the main determinant of melon quality and is related to the accumulation of sucrose in the final stages of fruit development. The definition of the fruit quality is made mainly by the content of soluble solids. In this sense, it is important to know the genetic control associated with these characters. The objective of this work was to study the inheritance of sucrose accumulation and the content of soluble solids soluble solids in the melon. The F₁, F₂ and backcross generations from the A-16 (subsp. *melo* var. *acidulus*), low sucrose and soluble solids, and 'Védreantais' parents were evaluated in a randomized block design with three replications (subsp. *melo* var. *reticulatus*), with high contents of sucrose and soluble solids. It was verified that the sucrose is the main factor that counts the genetic and environmental variability observed in the sugar content among the parents. The inheritance of sucrose content has a major gene with additive and dominance effects associated with polygenes with additive effects. The inheritance of soluble solids involves a major gene with additive and dominance effects, associated with polygenes and the presence of epistasis.

Key-words: *Cucumis melo*, quality, hexose, glucose, fructose.

1 INTRODUÇÃO

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) ($2n = 2x = 24$) é a cucurbitácea de maior importância mundial em termos econômicos. A produção está concentrada no semiárido nordestino, região com elevadas temperaturas ($> 30^{\circ}\text{C}$), alta luminosidade e reduzida precipitação pluviométrica ($< 600 \text{ mm ano}^{-1}$). Os Estados do Ceará, no Vale do Jaguaribe, e do Rio Grande do Norte, no Agropolo Mossoró-Açu, são os maiores produtores (SIDRA/IBGE, 2018). Os referidos estados respondem por mais de 99% da produção nacional para exportação, especialmente ao mercado europeu.

Em razão da forte exigência das empresas importadoras, a qualidade dos frutos de melão produzidos precisa ser extremamente elevada. Do ponto de vista comercial, o caractere que é medido para definir o destino do fruto produzido é o teor de sólidos solúveis (SALES JÚNIOR et al., 2006). A principal determinante da qualidade do fruto de melão é sua doçura, determinada pelo acúmulo do dissacarídeo sacarose nos estágios finais de desenvolvimento do fruto (BURGER; SCHAFFER, 2007; FREILICH et al., 2015).

Em razão disso, os programas de melhoramento genético do meloeiro buscam cultivares com alta qualidade de frutos. Existe grande variação nos níveis de sacarose no germoplasma do meloeiro, sendo a referida variação decorrente de causas genéticas (BURGER et al., 2000; STEPANSKY et al., 1999). Por outro lado, o conhecimento da herança das referidas características citadas é fundamental para auxiliar o melhorista no processo seletivo. As informações mais importantes nos estudos de herança são os efeitos genéticos (aditivos e não aditivos), o grau médio de dominância e o número de genes ou *loci* envolvidos. Essas informações são importantes para auxiliar os melhoristas na tomada de decisão sobre qual estratégia será mais indicada para atingir seus objetivos.

São raras e discrepantes as informações sobre o controle genético do acúmulo de sacarose em melão. Burger et al. (2002) observaram que o acúmulo de sacarose em melão é devido ao alelo recessivo denominado de *suc*. Por outro lado, Sinclair et al. (2006) apontam a herança do teor de sacarose como poligênica. As discrepâncias dos resultados são decorrentes principalmente da diferença dos genitores envolvidos nos estudos. Com relação ao teor de sólidos solúveis, Kalb; Davis (1984) e Singh; Randhawa (1990) não constataram predominância de efeitos de dominância, ao passo que outros autores detectaram efeitos aditivos e de dominância envolvidos na herança do referido caráter (LIN et al., 2007; BARROS et al., 2011; COSTA, 2012).

Em razão das raras informações sobre a herança destes caracteres, é necessária a realização de estudos com germoplasma nacional, a ser conduzidos em programas desenvolvidos nas condições brasileiras. Assim sendo, o presente trabalho foi realizado com o objetivo de estudar a herança do acúmulo de sacarose em melão.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Caracterização do local

Os experimentos foram desenvolvidos no período de maio a agosto de 2016, na Fazenda Experimental Rafael Fernandes (Figura 7), localizada no distrito de Alagoinha, zona rural de Mossoró-RN, em Latossolo Vermelho Amarelo Argissólico franco-arenoso (EMBRAPA, 2013).



Figura 7. Localização da Fazenda Experimental Rafael Fernandes. Coordenadas: 5°11'31" de latitude sul; 37° 20'40" de longitude oeste; 18 m altitude média Greenwich. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.

O distrito de Alagoinha tem altitude aproximada de 72 metros, com distância de 20 km da cidade de Mossoró-RN. O clima da região, segundo classificação de Köppen, é do tipo BSw_h, isto é, tropical semiárido muito quente e seco, com estação chuvosa no verão, atrasando-se para o outono. A precipitação pluviométrica é bastante irregular, com média anual de 673,9 mm e temperatura média de 27°C, sendo a umidade relativa do ar média de 68,9% (CARMO FILHO; OLIVEIRA, 1995). A estação meteorológica automática local do INMET (Instituto Nacional de Meteorologia) indicou, durante a condução do experimento (30 de maio a 4 de agosto de 2016), os seguintes dados meteorológicos segundo a Tabela 6 abaixo.

Tabela 6 - Dados meteorológicos do período de 30 de maio a 4 de agosto de 2016. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.

Mês	Temperatura (°C)	Umidade Relativa (%)	Radiação (kJ/m ²)	Precipitação pluviométrica (mm)
Maio	28,16	70,19	891,36	0,01
Junho	27,85	68,88	919,3	0,02
Julho	28,39	52,47	834,2	0,1
Agosto	27,5	54,62	961,87	0

2.2 Genitores

Foram utilizados como genitores o acesso A-16 e a linhagem ‘Védrantais’. A linhagem A-16 pertence ao grupo botânico *acidulus*, possui mesocarpo de coloração branca, exocarpo de coloração amarela e baixos teores de sacarose e de sólidos solúveis (< 4°Brix). A linhagem ‘Védrantais’ é uma cultivar francesa, pertencente ao grupo botânico *cantaloupensis*, desenvolvida pela Vilmorin Seed Company. Esta cultivar possui frutos do tipo Charanthais de forma arredondada (IF =1,0), mesocarpo de coloração laranja, altos teores de sacarose e sólidos solúveis (> 12°Brix). No ano de 2014, os referidos genitores foram cruzados, obtendo-se a geração filial F₁ e, em seguida, a geração F₂ e os retrocruzamentos (RC₁ e RC₂). Foi colhido um fruto por planta para as análises, descartados os frutos da bordadura.

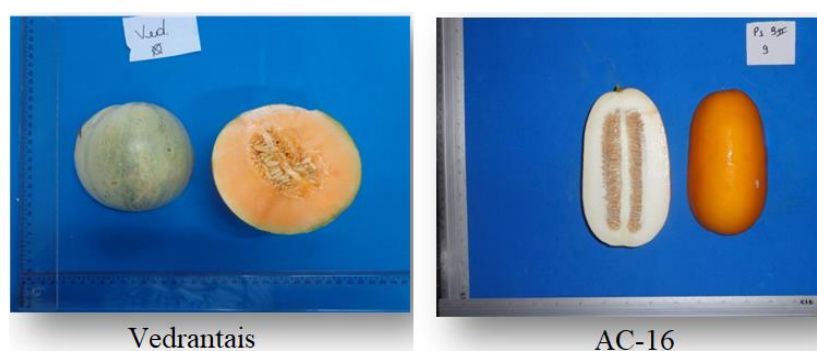


Figura 8. Genitores utilizados nos estudos de herança de sacarose, sólidos solúveis, β-caroteno e cor do mesocarpo. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.

2.3 Condução experimental

No preparo da área, foi realizada uma aração e duas gradagens, com posterior preparação dos camalhões. As adubações de fundação e cobertura foram realizadas por fertirrigação, conforme resultados das análises químicas do solo. As adubações de cobertura foram realizadas por fertirrigação (Tabela 7). O semeio foi feito em bandejas de poliestireno expandido com 200 células, compostas por substrato comercial Polifertil®. Quando as plântulas atingiram a primeira folha verdadeira expandida (14 dias), as bandejas foram transplantadas para as parcelas na área experimental. O espaçamento adotado foi 2,0 x 0,3 m com uma planta por gotejador. A irrigação foi realizada por gotejamento e os tratos culturais foram aqueles empregados pela cultura no Estado do Rio Grande do Norte (NUNES et al., 2011).

Tabela 7 - Fertirrigação ($\text{m}^3 \text{ ha}^{-1}$) utilizada no experimento. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.

Água	URFUS44	KNO_3	MgSO_4	Ureia	Ácido bórico	ZnSO_4	KCl
4078,28	55,53	18,70	9,00	1,47	5,05	0,57	30,47

2.4 Análise qualitativa de sacarose em HPLC

Para determinação de sacarose, glicose e frutose, foi utilizada a cromatografia líquida de alta eficiência (HPLC analítico – modelo Alliance e2695, Waters), acoplado a um detector de índice de refração (RID), segundo experimentação realizada pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA (CORRÊA et al., 2013).

2.4.1 Material vegetal

As amostras utilizadas para análise foram aquelas obtidas a partir da polpa de cada unidade de fruto de melão que constituía um indivíduo, sendo P_1 (15 indivíduos), P_2 (13 indivíduos), F_1 (15 indivíduos), F_2 (172 indivíduos), RC_1 (46 indivíduos), RC_2 (43 indivíduos).

2.4.2 Reagentes

Foram utilizados padrões de açúcares da Sigma-Aldrich com pureza (99%) cromatográfica de sacarose, glicose e frutose. Para análise cromatográfica, foi utilizada água ultrapura tipo I tanto para diluição da amostra quanto para corrida do cromatograma.

2.4.3 Quantificação da sacarose nas amostras de melão

2.4.3.1 Preparo do padrão

O padrão de sacarose foi preparado na concentração de 10 mg.mL^{-1} . A curva de calibração foi preparada a partir de uma concentração padrão de 10 g.L^{-1} e, em seguida, foi realizada uma diluição em concentrações crescentes para estimação da curva padrão.

2.4.3.2 Preparo das amostras de melão

A polpa de melão foi devidamente homogeneizada em liquidificador doméstico. Posteriormente, retirou-se uma alíquota de 40 mL do homogeneizado para centrifugação por cinco minutos a 10.000 RCF a 15 °C. O precipitado foi descartado e 2 mL do sobrenadante foram filtrados em membrana de PVDF de 0,45 μm , posteriormente utilizado para análise cromatográfica.

2.4.3.3 Preparo das amostras para determinação quantitativa de sacarose por análise em sistema de HPLC

A amostra vegetal foi diluída em água ultrapura tipo I na proporção de 1:5 (polpa: água) para análise cromatográfica.

2.4.3.4 Instrumentação cromatográfica

A coluna cromatográfica utilizada na separação dos açúcares foi do tipo Technologies de dimensões 300 x 7,7 mm modelo PL Hi-Plex H Agilent de exclusão molecular com partículas de 8 μm de tamanho e detector *Refractive Index* (IR) 2414 da Waters.

2.4.3.5 Condições cromatográficas

A fase móvel empregada na análise foi composta de água ultrapura tipo I. A eluição da fase móvel foi feita em modo gradiente, com fluxo de $0,6 \text{ mL. min}^{-1}$.

2.5 Determinação de sólidos solúveis

Para medir os sólidos solúveis, foi cortada uma fatia, com aproximadamente 7,0 cm de largura, no sentido longitudinal. Do material cortado, retiraram-se as sementes e a polpa. A polpa foi triturada em processador doméstico de alimentos. O material resultante foi filtrado em tecido de nylon e, em três gotas do suco obtido, determinou-se o teor de sólidos solúveis, usando-se um refratômetro digital marca Atago, modelo Palette 100. Em cada amostra, foram feitas três leituras. A média dessas leituras representou o valor do fruto.

3 DELINEAMENTO E ANÁLISES ESTATÍSTICAS

As seis gerações foram avaliadas em blocos completos casualizados com três repetições das seguintes gerações: dois genitores (A-16 e ‘Védrantais’), as gerações F_1 e F_2 , e os retrocruzamentos envolvendo cada genitor. Em razão da variabilidade genética presente em cada geração, as parcelas foram constituídas pelos seguintes números de plantas: 13 (Védrantais), 15 (A-16 e F_1), 172 (F_2) e 43 (RC_1) e 46 (RC_2).

Para estimação de parâmetros genéticos e ajuste do modelo aditivo-dominante, foi utilizada a metodologia de modelos mistos de Piepho; Möhring (2010). A implementação do teste do modelo aditivo-dominante foi feita pelo seguinte modelo apresentado por Kearsey; Pooni (1996), conforme a expressão $\mu_i = m + [a]x_{i1} + [d]x_{i2} + \lambda_i$, em que μ_i : valor da i -ésima geração sob modelo aditivo-dominante, sendo $i=1, G$; m : intercepto; $[a]$: efeito aditivo; $[d]$: efeito de dominância; x_{i1} , x_{i2} : coeficientes dos efeitos aditivo e de dominância, respectivamente. λ_i : efeito de não ajuste. Como as gerações foram avaliadas em um delineamento em blocos casualizados, o modelo para planta k , avaliada na parcela i no bloco j , foi o seguinte: $y_{ijk} = b_j + \mu_i + p_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk}$, em que o erro da parcela p_{ij} e o erro de planta e_{ijk} têm distribuição normal, com média zero e variâncias σ_p^2 e σ_e^2 , respectivamente. A variação genética dentro da geração foi modelada pelo efeito genético g_{ijk} ao nível de planta-específica. A estrutura de variância está apresentada em detalhes por Kearsey; Pooni (1996). O código SAS utilizado para todas as análises foi adaptado de Piepho; Möhring (2010). O ajuste da estrutura de variância genética foi realizado pelo procedimento MIXED no programa SAS® Versão 9.2 (SAS Institute, 2006).

A metodologia de Piepho; Möhring (2010) é essencialmente equivalente ao teste de escala conjunta, descrito por Mather; Jinks (1971). Assim sendo, foram estimados os

componentes de média relacionados aos efeitos aditivos [a] e de dominância [d], bem como as variâncias aditiva, de dominância e herdabilidade. Também foram estimados o grau médio de dominância (GMD) e o número mínimo de genes (η) envolvidos na expressão do caráter de acordo com Wright (1934).

Modelos genéticos foram testados usando a máxima verossimilhança em misturas de funções de densidade normal, conforme descrito por Silva (2003). As distribuições de cada uma das populações foram as seguintes:

$$P_1: N(\mu - [a] - A, \sigma^2);$$

$$P_2: N(\mu - [a] + A, \sigma^2);$$

$$F_1: N(\mu - [d] - D, \sigma^2);$$

$$F_2: \frac{1}{4}N\left(\mu + \frac{[d]}{2} - A, \sigma^2 + V_A + V_D\right) + \frac{1}{2}N\left(\mu + \frac{[d]}{2} + D, \sigma^2 + V_A + V_D\right) + \frac{1}{4}N\left(\mu + \frac{[d]}{2} + A, \sigma^2 + V_A + V_D\right);$$

$$BC_{11}: \frac{1}{2}N\left(\mu + \frac{[a]}{2} + \frac{[d]}{2} - A, \sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}\right) + \frac{1}{2}N\left(\mu - \frac{[a]}{2} + \frac{[d]}{2} + D, \sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}\right);$$

$$BC_{12}: \frac{1}{2}N\left(\mu + \frac{[a]}{2} + \frac{[d]}{2} + A, \sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D + S_{AD}\right) + \frac{1}{2}N\left(\mu + \frac{[a]}{2} + \frac{[d]}{2} + D, \sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D + S_{AD}\right).$$

Em que:

μ : constante de referência;

A: efeito aditivo de gene de efeito maior;

D: efeito de dominância do gene de efeito maior;

[a]: componente poligênico aditivo;

[d]: componente poligênico de dominância;

V_A : variância aditiva;

V_D : variância atribuída aos desvios de dominância dos efeitos poligênicos;

S_{AD} : componente da variação relativa aos produtos dos efeitos poligênicos aditivos pelos efeitos poligênicos de dominância;

σ^2 : variância ambiental.

As funções de densidade para RC_{11} e RC_{12} são constituídas pela mistura de duas densidades normais e F_2 , por uma mistura de três distribuições normais. A partir das

funções de verossimilhança para cada modelo, foi possível compor testes de interesse, considerando diferentes hipóteses.

Na construção do modelo genético, considerou-se como o modelo mais geral aquele que apresenta a existência de gene de efeito maior mais poligenes com efeitos aditivos e de dominância e variâncias ambientais iguais em todas as gerações (Tabela 8). Admitiram-se ainda genes independentes (tanto poligenes quanto de efeito maior). A partir das funções de verossimilhança para cada modelo, foi possível compor testes de interesse, considerando diferentes hipóteses. Os testes de verossimilhança foram realizados por meio da estatística LR. De maneira geral, a estatística LR é dada por: $LR = -2 \ln \frac{L(M_i)}{L(M_j)}$, em que $L(M_i)$ e $L(M_j)$ são as funções de verossimilhança dos modelos i e j, em que o modelo i deve estar hierarquizado ao modelo j. Os testes foram realizados utilizando o *software* estatístico Monogen v.0.1 (SILVA, 2003).

Tabela 8. Modelos de herança utilizados pelo programa Monogen v.0.1.

Modelo	Parâmetro
1: Gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos e dominância	$\mu, A, D, [a], [d], V_A, V_D, S_{AD}, \sigma^2$
2: Gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos	$\mu, A, D, [a], V_A, \sigma^2$
3: Gene maior com efeito aditivo + poligenes com efeitos aditivos e de dominância	$\mu, A, [a], [d], V_A, V_D, S_{AD}, \sigma^2$
4: Gene maior com efeito aditivo + poligenes com efeito aditivo	$\mu, A, [a], V_A, \sigma^2$
5: Poligenes com efeitos aditivos e de dominância	$\mu, [a], [d], V_A, V_D, S_{AD}, \sigma^2$
6: Poligenes com efeito aditivo	$\mu, [a], V_A, \sigma^2$
7: Gene maior com efeitos aditivo e de dominância	μ, A, D, σ^2
8: Gene maior com efeito aditivo	μ, A, σ^2
9: Somente efeito ambiental	μ, σ^2

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Sacarose

Com relação aos genitores, considerando os teores dos três açúcares acumulados, observou-se contraste acentuado apenas para a sacarose, justificando a escolha dos dois genitores no presente estudo (Figura 9). O teor de sacarose do genitor Védrrantais foi superior em mais de 15 vezes ao genitor A-16. O teor de frutose em ambos os genitores foi superior ao teor de sacarose em quase duas vezes, o que justifica a escolha dos genitores contrastantes para o caráter em estudo no presente trabalho.

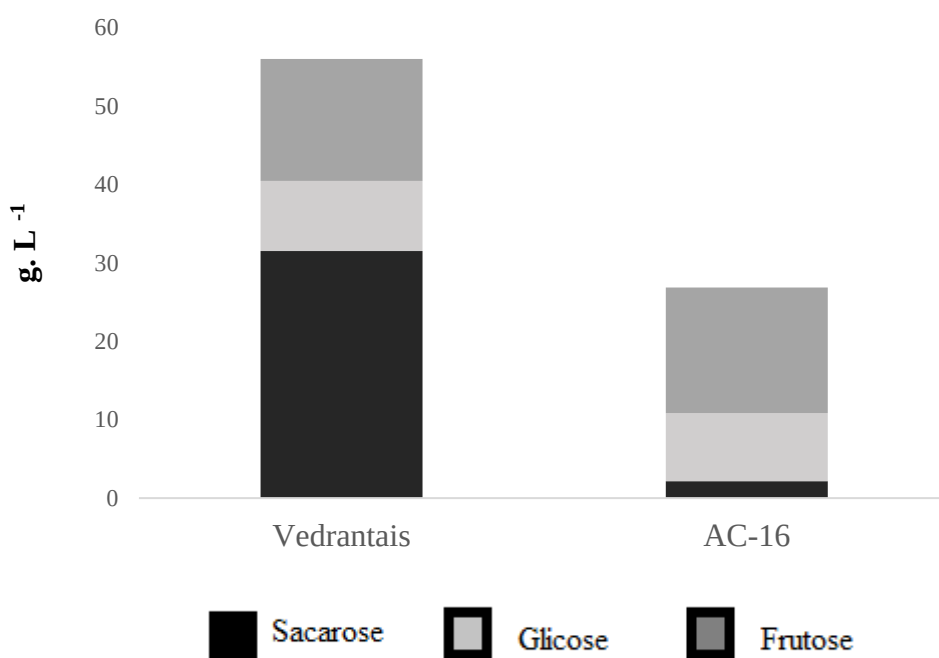


Figura 9. Médias de sacarose, glicose e frutose nos genitores Védrrantais e A-16 utilizados para obter F₁ e as populações segregantes F₂ e retrocruzamentos. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.

No que se refere às estimativas das variâncias nas gerações utilizadas para o estudo de herança, elas estão de acordo com o esperado: maiores variâncias das populações segregantes (F₂ e os retrocruzamentos), sendo a variância da geração F₂ superior às demais tanto para o teor de sacarose quanto para sólidos solúveis (Tabela 9).

A variação observada no genitor Védrrantais foi superior àquela observada no genitor A-16 (Tabela 9). As estimativas no genitor Védrrantais variaram de valores baixos (20 g L⁻¹) a valores elevados (60 g L⁻¹), ao passo que o genitor de baixo acúmulo de sacarose (A-16) apresentou estreita faixa de valores entre 2,0 e 4,5 g L⁻¹ (Figura 10).

Burger et al. (2002) também observaram maior variação no genitor com alto teor de sacarose ('Noy Yizre'el') quando comparado com o genitor de menor sacarose ('Faqqous'). A variação em ambos os genitores se deve ao ambiente, sendo, portanto, não herdável.

A geração F₁ apresentou uma distribuição com valores de 0,5 g L⁻¹ a 50,0 g L⁻¹ no acúmulo de sacarose (Figura 10). Verificou-se ampla distribuição na geração F₂, com valores variando de 0,2 g L⁻¹ a 60 g L⁻¹. A distribuição da geração F₂ teve uma tendência à assimetria à esquerda, com mais de 60% dos valores com estimativas até 30 g L⁻¹ (Figura 10). A variação no retrocruzamento RC₁ foi superior àquela verificada para o retrocruzamento RC₂ (Tabela 9, Figura 10).

A variância aditiva foi superior à variância de dominância, ao passo que a herdabilidade no sentido restrito foi, como esperado, inferior à herdabilidade no sentido amplo, uma vez que a herdabilidade no sentido restrito contém apenas a contribuição da variância genética aditiva (Tabela 9), que é um dos fatores determinantes da covariância entre parentes, sendo sua grandeza um indicativo do relacionamento entre a unidade de seleção e a unidade melhorada. A variância aditiva é toda passada para a geração filial e está diretamente relacionada ao ganho de seleção. Quanto maior for a estimativa da variância aditiva, maior será a herdabilidade no sentido restrito. Herdabilidade elevada indica maior confiança de que os valores fenotípicos representem os valores genéticos (FALCONER; MCKAY, 1996). Quando comparada com as estimativas de herdabilidade observadas por Burger et al. (2002), o valor do presente trabalho foi ligeiramente superior. Ressalta-se que a comparação de estimativas de herdabilidades, embora salutar, deve ser feita com cuidado, uma vez que a herdabilidade depende da população em teste e das condições ambientais.

O grau médio de dominância foi 1,06, revelando a presença de dominância para teor de sacarose e estimativas dois *loci* envolvidos na herança do caráter (Tabela 9). Ressalta-se que o valor obtido é próximo àquele apresentado por Burger et al. (2002). Todavia, Dai et al. (2011) relatam que 43 genes estão relacionados ao metabolismo do açúcar durante o desenvolvimento do fruto. Análise da transcriptômica de melão durante o amadurecimento, verificou-se que 83 genes estão envolvidos no metabolismo de açúcar (ZHANG et al., 2016).

Recentemente, identificaram-se 47.666 genes expressos em fruto de melão durante o desenvolvimento. Entre esses, 48 genes foram associados ao metabolismo do amido e da sacarose (SHIN et al., 2017).

Tabela 9. Estimativas de média e variância das gerações, componentes de média e de variância do modelo aditivo-dominante e Teste F (Wald) para teores de sacarose e sólidos solúveis em melão obtidos no estudo de herança a partir das gerações oriundas do cruzamento Vêdrantais x A-16. Mossoró-RN, UFERSA, 2016.

Cruzamentos Vêdrantais x A-16. Mossoró-RN, 2018. GILBERTI, 2018.				
Gerações	Teor de Sacarose (g/L)		Sólidos solúveis (%)	
	Média	Variância	Média	Variância
P1 (Vêdrantais)	32,44	52,50	10,05	0,56
P2 (A-16)	0,02	0,23	4,06	0,24
F ₁	27,33	58,03	7,89	1,15
F ₂	13,43	97,61	6,75	2,10
RC ₁	27,25	85,71	7,69	1,84
RC ₂	1,89	69,84	4,61	1,47
Components de Variância				
σ ² _A	39,67		0,87	
σ ² _D	21,02		0,58	
σ ² _p	12,69		0,00	
σ ² _e	36,92		0,66	
h ² _r (%)	40,64		41,23	
h ² _a (%)	60,69		68,72	
GMD	1,06		1,15	
η	2,10		3,54	
Components de Media				
FV	Estimativa	F (Wald)	Estimativa	F (Wald)
Bloco	-	7,21**	-	3,83*
[a]	16,21	122,22**	2,99	401,62**
[d]	-5,59	5,62*	-9,20	11,73**
[aa]	-	-	-2,38	12,72**
[dd]	-	-	7,65	33,81**
[ad]	-	-	0,17	1,07 ^{ns}

** : Significativo a $p < 0,01$ pelo teste F de Wald. σ^2_A : Variância aditiva; σ^2_D : Variância de dominância; σ^2_p : Variância de parcelas; σ^2_e : Variância residual; h^2_r : herdabilidade no sentido restrito; h^2_a : herdabilidade no sentido amplo. GMD: grau médio de dominância; η : número de locos.

Não obstante, convém lembrar que a estimativa do número de *loci* neste trabalho é subestimada em função das premissas exigidas no método utilizado e o número de *loci* não segregantes nos dois genitores para a sacarose.

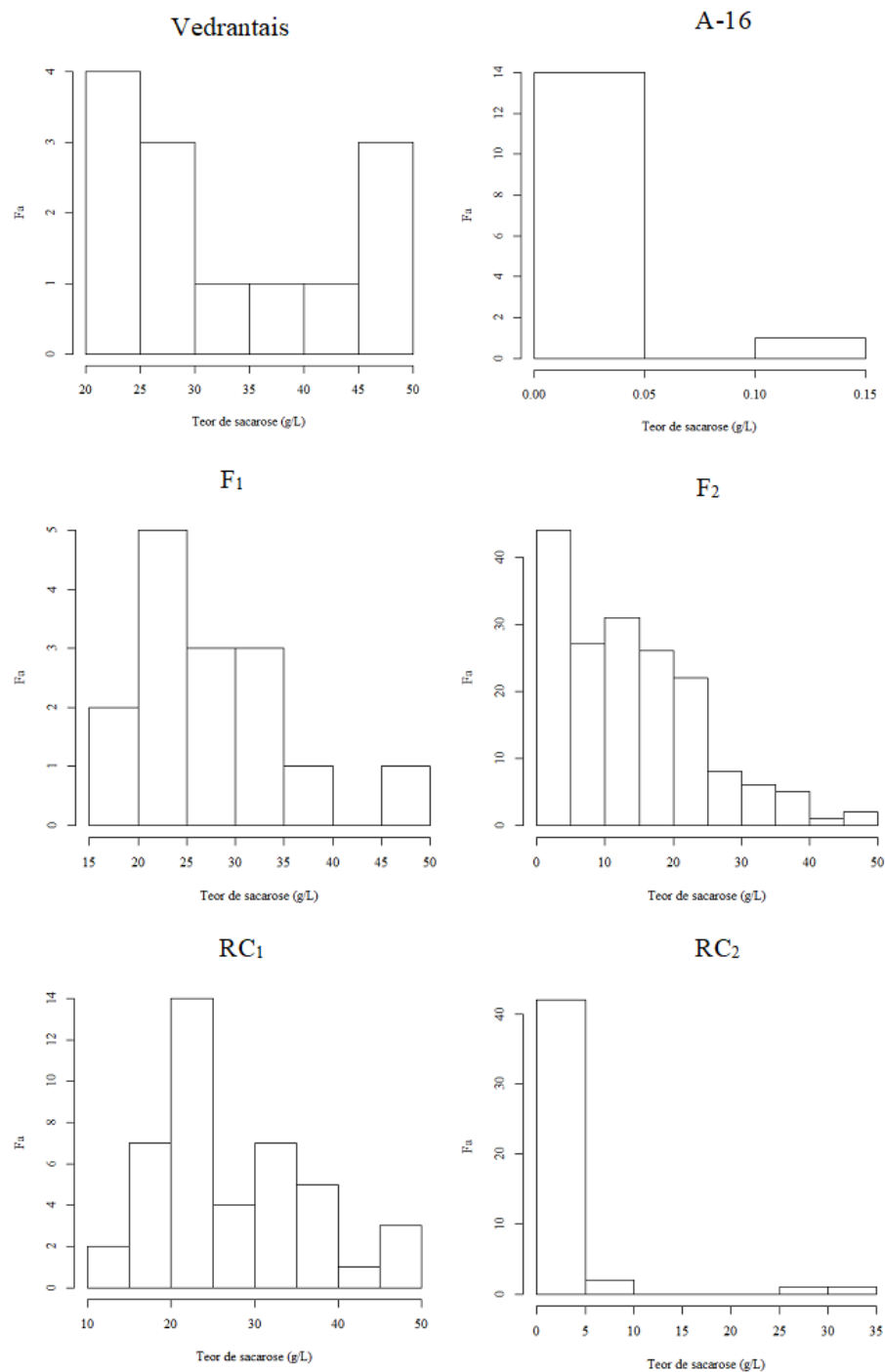


Figura10. Distribuição de frequências absolutas do teor de sacarose nos genitores Védrantais e A-16, geração F₁ e gerações segregantes (F₂ e retrocruzamentos). Mossoró-RN, UFERSA, 2016.

No estudo de herança a partir dos componentes de médias para o teor de sacarose, constatou-se a presença de efeito aditivos e de dominância no controle genético do teor de sacarose (Tabela 9). O valor negativo para o componente [d] indica dominância para reduzir o valor do caráter. O modelo não contemplou efeitos epistáticos.

Usando modelos genéticos usando via máxima verossimilhança para estudar a herança, primeiramente comparou-se o modelo completo com gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos e dominância (Modelo 1) com o modelo com um gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos (Modelo 2), não havendo diferenças entre os referidos modelos (Tabela 10), indicando que o modelo 2 é suficiente, ou seja, os poligenes não possuem efeitos aditivos, somente o gene de efeito maior.

Posteriormente, comparou-se o maior Modelo 2 com os Modelos 4 (Gene maior com efeito aditivo + poligenes com efeito aditivo) e 7 (Gene maior com efeitos aditivo e de dominância). Ao comparar os modelos 2 e 4, testou-se o efeito de dominância do gene maior, observando-se que o referido efeito é significativo (Tabela 10). Ao comparar os Modelos 2 e 7, testou-se a presença de poligenes com efeito aditivos, verificando-se sua significância. Portanto, no controle genético do teor de sacarose existe um gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância associado a poligenes com efeitos aditivos apenas.

Não há muitos relatos sobre a herança do teor de sacarose em meloeiro ou mesmo outras cucurbitáceas. O principal relato foi publicado pela equipe israelense que tem estudado a qualidade do melão. Os autores concluíram um único gene composto por dois alelos em que o alelo recessivo com dominância incompleta, denominado *suc*, é responsável pelo acúmulo de sacarose (BURGER et al., 2002). Os referidos autores comentam que, apesar de se tratar de um caráter quantitativo, não é surpreendente constatar que a herança ao acúmulo de sacarose seja devido a apenas um *loco*. Outros estudos para caracteres relacionados à qualidade do fruto também evidenciaram controle genético simples como ácidos cítrico e málico em tomate (STEVENS, 1972), amido em tomate (SCHAFFER et al., 2000) e açúcar em tomate (FRIEDMAN et al., 2000; LEVIN et al., 2000). Todavia, Sinclair et al. (2006) apontam a herança do teor de sacarose como poligênica. As discrepâncias dos resultados decorrem principalmente da diferença dos genitores envolvidos nos estudos.

Tabela 10. Testes de hipóteses de modelos genéticos hierárquicos obtidos no estudo da herança para teor de sacarose e sólidos solúveis. Mossoró-RN, UFRS, 2016.

Testes	gl	Sacarose (g/L)		Sólidos solúveis (%)	
		χ^2_c	Probabilidade	χ^2_c	Probabilidade
1 vs 2	3	1,64	0,6513	6,93	0,0441
1 vs 3	1	1,45	0,7365	5,89	
1 vs 4	4	2,92	0,5705	10,54	0,0323
1 vs 5	5	1,57	0,5898	10,56	
1 vs 6	6	2,92	0,7116	10,54	0,0614
1 vs 7	5	51,56	0,0000	45,46	0,0000
1 vs 8	6	52,53	0,0000	45,51	0,0000
1 vs 9	7	193,51	0,0000	167,19	0,0000
2 vs 4	1	33,29	0,0000	3,60	0,0576
2 vs 6	2	31,29	0,0000	3,60	0,1649
2 vs 7	2	49,92	0,0000	38,53	0,0000
2 vs 8	3	50,90	0,0000	38,58	0,0000
2 vs 9	4	191,87	0,0000	160,26	0,0000
3 vs 5	1	0,00	1,0000	*	*
3 vs 6	4	3,70	0,4482	10,66	0,0307
3 vs 8	5	53,31	0,0000	45,63	0,0000
3 vs 9	6	194,28	0,0000	167,31	0,0000
4 vs 6	1	35,65	0,0000	32,76	
4 vs 8	2	49,61	0,0000	34,98	0,0000
4 vs 9	3	190,58	0,0000	156,66	0,0000
5 vs 6	3	3,70	0,2958	10,66	0,0137
5 vs 9	5	194,28	0,0000	167,31	0,0000
6 vs 9	2	190,58	0,0000	156,66	0,0000
7 vs 8	1	0,97	0,3235	0,05	0,8266
7 vs 9	2	141,95	0,0000	121,73	0,0000
8 vs 9	1	1,64	0,2009	6,93	0,0085

**, *: significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste de Qui-quadrado.

Os resultados do presente trabalho são parcialmente concordantes com aqueles relatados por Burger et al. (2002), concordantes com a presença de um gene maior com efeitos aditivos e de dominância (Tabela 10). No entanto, discordante pelo fato de existirem poligenes relacionados ao acúmulo de sacarose. Considerando que as distribuições de frequência apresentadas neste trabalho são muito semelhantes às apresentadas por Burger et al. (2002), pode-se concluir que a diferença de resultados está estritamente relacionado ao tratamento genético-estatístico aplicado ao conjunto de dados. Simulando os dados obtidos por Burger et al. (2002) com os modelos estatísticos adotados no presente estudo, pode-se constatar que a herança também envolve um gene maior e poligenes. Por outro lado, tratando os dados aqui apresentados conforme o

modelo estabelecido por Burger et al. (2002), chega-se às mesmas conclusões dos referidos autores. Como o teor de sacarose é um carácter quantitativo, considerou-se que o estudo deve ser feito com técnicas estatísticas adequadas para caracteres dessa natureza.

Do ponto de vista pragmático, o melhoramento genético para alto teor de sacarose no meloeiro pode ser feito por métodos buscando o acúmulo gradativo do referido açúcar, como a seleção recorrente. Pelo fato de existir presença de efeitos aditivos e de dominância, pode-se explorar a heterose neste carácter. Atualmente as cultivares de melão em todo o mundo são híbridos simples em razão da homogeneidade e presença de heterose em caracteres de interesse.

4.2 Teor de sólidos solúveis

Os genitores foram contrastantes para o teor de sólidos solúveis. A linhagem Védrañtais possui elevado teor de sólidos solúveis (10,1%) e A-16, baixo teor (4,06%) (Tabela 9). A estimativa do coeficiente de correlação linear entre o teor de sacarose e sólidos solúveis foi positiva e elevada ($r = 0,80$; $p < 0,01$). A quantificação da associação entre os dois caracteres é relevante, tendo em vista que o teor de sólidos solúveis é o carácter fundamental na avaliação da qualidade de melão (GUTHRIE et al., 2006), sendo a principal variável utilizada na comercialização de melão para o mercado exterior (SALES JÚNIOR et al., 2006). Frutos de melhor qualidade e maior teor de sólidos solúveis são comercializados para o exigente mercador externo, ao passo que frutos de menor qualidade são destinados ao mercado interno ou para outros fins, como produção de polpa. Além disso, do ponto de vista pragmático, a importância do resultado reside no fato de que a mensuração do teor de sólidos solúveis é mais fácil, menos dispendiosa e imediata, características opostas à quantificação de sacarose, sendo, portanto, inviável para o produtor na comercialização, bem como para o melhorista na seleção dos genótipos superiores.

Assim como para sacarose, as estimativas das variâncias nas gerações estão de acordo com o esperado: maiores variâncias das populações segregantes (F_2 e os retrocruzamentos), sendo a variância da geração F_2 superior às demais tanto para o teor de sacarose quanto para sólidos solúveis (Tabela 9). A variação observada no genitor Védrañtais foi superior àquela observada no genitor A-16 (Tabela 9).

As estimativas no genitor Védrañtais variaram de valores baixos (9%) a valores elevados (12%), ao passo que o genitor de baixo acúmulo de sacarose (A-16) apresentou

estreita faixa de valores entre 3,0 e 5,0% (Figura 11). A geração F₁ apresentou distribuição com valores de 6,0 a 10,0%. Verificou-se ampla distribuição na geração F₂, com valores variando de 3,0 g L⁻¹ a 12,0 g L⁻¹. A distribuição da geração F₂ teve tendência à simetria. A variação no retrocruzamento RC₁ foi superior àquela verificada para o retrocruzamento RC₂ (Tabela 10, Figura 11).

A variância aditiva foi superior à variância de dominância, por conseguinte a herdabilidade no sentido restrito foi inferior à herdabilidade no sentido amplo (Tabela 10). A estimativa de herdabilidade no sentido restrito (41,23%) foi reduzida, indicando, assim como para sacarose, forte influência ambiental. Não há muitas estimativas de herdabilidade no sentido restrito em melão. Melo et al. (2011) obtiveram uma estimativa inferior a 20%. Com relação às herdabilidades no sentido amplo, há variação nas estimativas desde 0,23 a 0,75 (KALB; DAVIS, 1984; BURGER et al., 2002; PARIS et al., 2008, MELO et al., 2011). Ressalta-se que a comparação de estimativas de herdabilidades, embora salutar, deve ser feita com cuidado, uma vez que a herdabilidade depende das populações, do método de estimação e do ambiente, razão pela qual sempre há diferenças entre os autores.

O grau médio de dominância foi 1,15, revelando a dominância para teor de sacarose e número de *loci* envolvidos na herança do caráter próximo a quatro (Tabela 3). Melo et al. (2011), avaliando a geração F₂ e os retrocruzamentos da população gerada por uma linhagem *inodorus* do tipo Honey Dew com elevados sólidos solúveis e uma linhagem *acidulus* com baixo teor de sólidos solúveis, estimaram 28 *loci* envolvidos na herança de sólidos solúveis em melão e grau médio de dominância, 1,54. Monforte et al. (2004) identificaram cinco QTLs a partir de um cruzamento entre uma linha Pele de sapo e um acesso coreano (PI 161375). Harel-Beja et al. (2010) identificaram três QTLs que explicavam 54,8% da variação fenotípica.

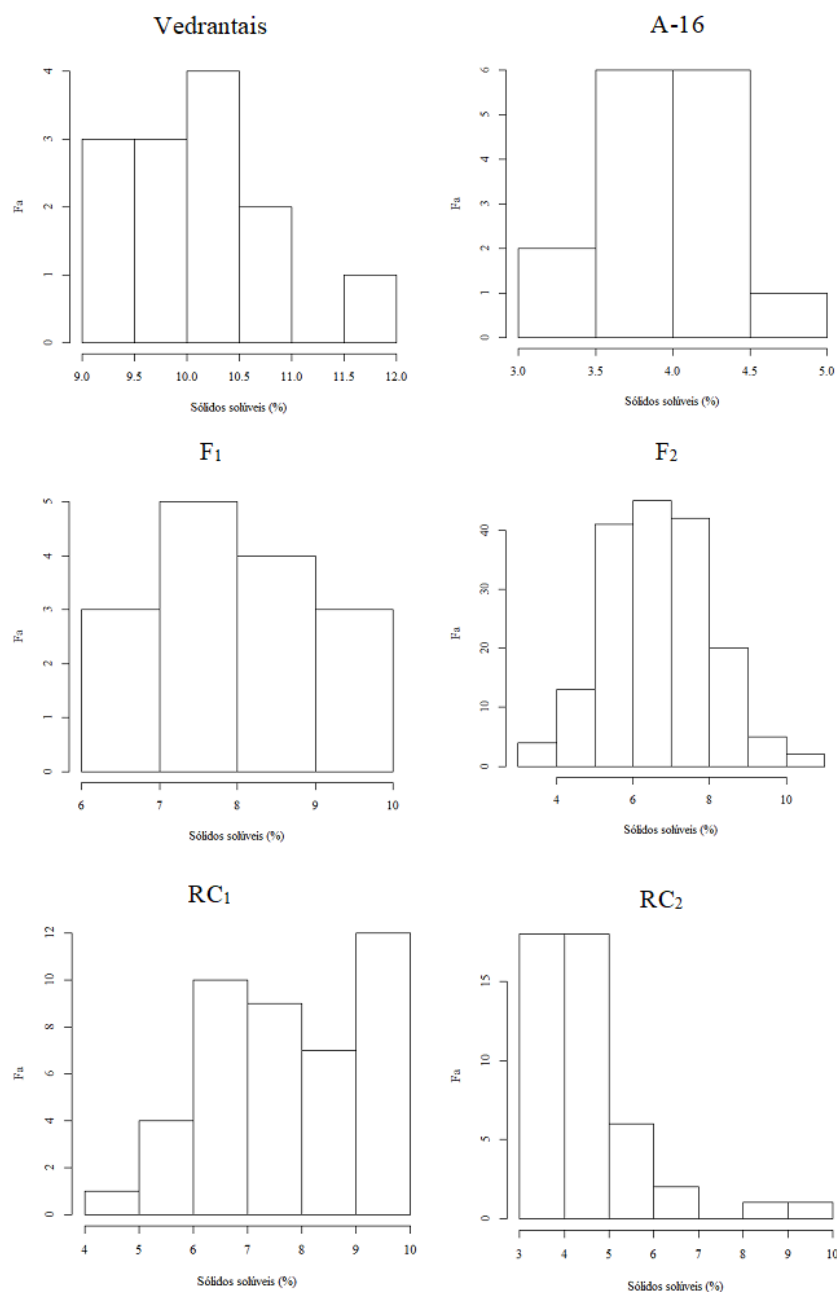


Figura 11. Distribuição de frequências absolutas (eixo das ordenadas) do teor de sólidos solúveis (eixo das abcissas) nos genitores Védrrantaís e A-16, F₁ e gerações segregantes (F₂ e retrocruzamentos). Mossoró-RN, 2016.

Para sólidos solúveis, o modelo aditivo-dominante foi mais complexo, uma vez que envolveu a presença de efeitos aditivos, de dominância e epistáticos (aditiva x aditiva e dominante x dominante) (Tabela 10).

No estudo de herança com modelos genéticos usando a máxima verossimilhança, primeiramente foi possível identificar a presença de um gene de efeito maior com efeitos aditivo e dominante ao testar a hipótese de comparação dos Modelos 1 (Gene maior com

efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos e dominância) e 5 (Poligenes com efeitos aditivos e de dominância) (Tabela 11). O teste entre os Modelos 1 e 7 (Gene maior com efeitos aditivo e de dominância) – que confronta a existência de um gene maior mais poligenes com apenas gene de efeito maior – foi significativo, evidenciando a presença de poligenes no controle do caráter.

A herança do teor de sólidos solúveis é motivo de controvérsias entre autores: Kalb; Davis (1984); Singh; Randhawa (1990) não constataram predominância de efeitos não aditivos, ao passo que Barros et al. (2011) e Costa (2012) observaram efeitos aditivos e de dominância envolvidos na herança do referido caráter. Não foram encontrados artigos apontando a participação de epistasia na herança de sólidos solúveis em melão. Relatos discordantes na literatura podem ser explicados pelos diferentes genitores envolvidos nos estudos. A população segregante de cada cruzamento é função do *background* dos genitores, isto é, dos alelos constituintes de cada um deles. Além disso, as variações ambientais são marcantes em se tratando de caracteres muito influenciados pelo ambiente.

Para o cruzamento do presente trabalho, a melhor estratégia seria realizar a seleção recorrente para aumentar a frequência de alelos favoráveis continuamente até se atingir nível satisfatório de sólidos solúveis. Esse processo de melhoramento é demorado e exige mais esforço e cuidado do melhorista. As famílias que poderiam ser utilizadas podem ser meio-irmãos ou mesmo famílias endogâmicas. A intenção é realizar o melhoramento populacional para depois extrair linhagens da população melhorada, pois a probabilidade de se extrair linhagens com maior frequência de alelos favoráveis é maior (FEHR, 1987).

5 CONCLUSÕES

Na herança do teor de sacarose, existe um gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância, associado aos poligenes com efeitos aditivos;

A herança de sólidos solúveis envolve um gene maior com efeitos aditivos e de dominância associado aos poligenes com efeitos aditivos e a presença de epistasia.

REFERÊNCIAS

- BARROS, A. K. A.; NUNES, G. H. S.; QUEIRÓZ, M. A.; PEREIRA, E. W. L.; COSTA FILHO, J. H. Diallel analysis of yield and quality traits of melon fruits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, n. 4, p. 313-319, 2011.
- BURGER, Y.; SAAR, U.; KATZIR, N.; PARIS, H. S.; YESELSON, Y.; LEVIN, I.; SCHAFFER, A. A. A single recessive for sucrose accumulation in Cucumis melo Fruit, **The American Society for Horticultural Science**, n. 127, v. 6, p. 938-943, 2002.
- BURGER, Y.; SCHAFFER, A. A. The contribution of sucrose metabolism enzymes to sucrose accumulation in Cucumis melo. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, v. 132, n. 5, p. 704-712, 2007.
- BURGER, Y.; SHEN, S.; PETREIKOV, M.; SCHAFFER, A. A. The contribution of sucrose to total sugar content in melons. In: VII Eucarpia meeting on cucurbit genetics and breeding KATZIR; PARIS, H. S. (eds.). *Proceedings Cucurbitaceae. Acta Horticulture*, v. 510, p. 479-485, 2000.
- CARMO FILHO, F.; OLIVEIRA, O. F. **Mossoró: um município do semi-árido nordestino, caracterização climática e aspecto florístico**. Mossoró: ESAM, 1995. 62p. (Coleção Mossoroense, série B).
- CORRÊA, L. C.; RYBKA, A. C. P.; SILVA, P. T. S.; BIASOTO, A. C. T.; PEREIRA, G. E. **Determinação de açúcares em mosto, sucos de uva e vinho por cromatografia líquida de alta eficiência (CLAE)**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 2013. 15 p. (Embrapa Semiárido. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 112).
- COSTA, G. G. **Associação entre heterose e divergência genética estimada por caracteres morfológicos e marcadores SSR em meloeiro**. 2012. 66p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2012.
- DAI, N.; COHEN, S.; PORTNOY, V.; TZURI, G.; HAREL-BEJA, R.; POMPANLOTAN, M.; CARMÍ, N.; ZHANG, G.; DIBER, A.; POLLOCK, S.; KARCHI, H.; YESELSON, Y.; PETREIKOV, M.; SHEN, S.; SAHAR, U.; HOVAV, R.; LEWINSOHN, E.; TADMOR, Y.; GRANOT, D.; OPHIR, R.; SHERMAN, A.; FEI, Z.; GIOVANNONI, J.; BURGER, Y.; KATZIR, N.; SCHAFFER, A. A. Metabolism of soluble sugars in developing melon fruit: a global transcriptional view of the metabolic transition to sucrose accumulation. **Plant Molecular Biology**, v. 6, n. 1-2, p. 1-18, 2011.
- EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Embrapa Solos. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. Embrapa Solos, Brasília- DF. 3 ed., p342, 2013.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. Malasya: Longman, 464p., 1996.
- FEHR, W. R. Principles of cultivars development. New York: Mac Millan. 536p, 1987.

FREILICH, S. et al. Systems approach for exploring the intricate associations between sweetness, color and aroma in melon fruits. **BMC Plant Biology**, v. 15, n. 1, p. 1-16, 2015.

FRIEDMAN, M.; FITH, T. E.; YOKOYAMA, W. H. Lowering of plasma LDL cholesterol in hamsters by the tomato glycoalkaloid tomatine. **Food Chem. Toxicol.**, v. 38, p. 549 - 553, 2000.

GUTHRIE, J. A.; LIEBENBERG, C. J.; WALSH, K. B. NIR model development and robustness in prediction of melon fruit total soluble solids. **Australian Journal of Agricultural Research**, v. 57, p. 411–418, 2006.

HAREL-BEJA, R.; TZURI, G.; PORTNOY, V. et al. A genetic map of melon highly enriched with fruit quality QTLs and EST markers, including sugar and carotenoid metabolism genes. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 121, n. 3, p. 511-533, 2010.

KALB, T. J.; DAVIS, D. W. Evaluations of combining ability, heterosis and genetic variance for fruit quality characteristics in bush muskmelon. **Journal American Society Horticulture Science**, Alexandria, v. 109, n. 3, p. 411-4115, 1984.

KEARSEY, M. J., POONI, H. S. **The genetical analysis of quantitative traits**. Chapman and Hall, London. p379, 1996.

LEVIN, I., GILBOA, N.; YESELSON, E.; SHEN, S.; SCHAFFER, A. A. Fgr, a major locus that modulates the fructose to glucose ratio in mature tomato fruits. **Theoretical Applied Genetic**, v. 100, p. 256-262, 2000.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Biometrical genetics**. 2nd ed. Chapman and Hall, London. p. 432. 1971.

MELO, D. R. M. ; GUIMARÃES, I. P. ; COSTA FILHO, J. H. ; SILVA, J. R. ; NUNES, G.H.S.; ARAGÃO, F.A.S. Controle genético da herança sólidos solúveis em frutos de meloeiro. **Journal of the Interamerican Society for Tropical Horticulture**, v. 54, p. 146-150, 2011.

MONFORTE, A. J., OLIVER, M., GONZALO, M. J., ALVAREZ, J. M., DOLCET-SANJUAN, R., ARÚS, P. Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.). **Theoretical Applied Genetics**, v. 108, n. 4, p. 750-758, 2004.

NUNES, G. H. S.; SANTOS JÚNIOR, H.; GRANGEIRO, L. C.; BEZERRA NETO, F.; DIAS, C. T. S.; Dantas, M.S.M. Phenotypic stability of hybrids of Galia melon in Rio Grande do Norte State, Brazil. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 83, n. 12, p. 1421-1434, 2011.

PARIS, M. K.; ZALAPA, J. E.; MCCREIGHT, J.D. AND STAUB, J.E. Genetic dissection of fruit quality components in melon (*Cucumis melo* L.) using a RIL population derived from exotic 9 elite US Western Shipping germplasm. **Molecular Breeding**, v. 22, p. 405-419, 2008.

PIEPHO, H.P.E; MOHRING, J. Generation Means Analysis Using Mixed Models. **Crop Science**, v. 50, n. 5, p. 1674-1680, 2010.

SALES JÚNIOR, R.; DANTAS, F.; SALVIANO, A. M.; NUNES, G. H. S. Aspectos qualitativos do melão exportado pelo porto de Natal-RN. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 2, p. 286-289, 2006.

SAS Institute Inc. 2006. Base SAS ® 9.1.3 **Procedures Guide**, 2 ed., v. 1, 2, 3, and 4. Cary, NC: SAS Institute Inc.

SCHAFFER, A. A.; BURGER, Y; ZHANG, G.; et al. Biochemistry of sugar accumulation in melons as related to the genetic improvement of fruit quality. In: Katzir N, Paris HS, editors. **Acta Horticulturae**. v. 510.; p. 449–453, 2000. Proceedings of Cucurbitaceae 2000, the 7th Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding.

SHIN, A. Y.; KIM, Y. M.; KOO, N.; SU, M. L.; NAHM, S.; KWON, S.Y. Transcriptome analysis of the oriental melon (*Cucumis melo* L. var. *makuwa*) during fruit development. **Peer J**, 2017.

SIDRA/IBGE - **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/>>. Acesso ago. 2015

SILVA, W. P. **Estimadores de máxima verossimilhança em misturas de densidades normais: uma aplicação em genética**. Dissertação (Mestrado em Estatística e Experimentação Agropecuária) - Universidade Federal de Lavras, Lavras. 60p., 2003.

SINCLAIR, J.M.; PARK, S.O.; LESTER, G.E., YOO, K.S.; CROSBY K.S. Identification and confirmation of RAPD markers and andromonoecious associated with QTL for sucrose in muskmelon. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v.131, n.6, 360-371, 2006.

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

STEPANSKY, A.; KOVALSKI, I.; SCHAFFER, A. A.; PERL-TTREVES, R. Variation in sugar levels and invertase activity in mature fruit representing a broad spectrum of *Cucumis melo* genotypes. Genetic. **Resources and Crop Evolution**, v. 46, n. 1, p. 53-62, 1999.

WRIGHT, S. The results of crosses between inbred strains of Guinea pigs, differing in number of digits. **Genetics**, v. 19, p. 537-551, 1934.

ZHANG, H.; WANG, H.; YI, H.; ZHAI, W.; WANG, G.; FU, Q. Transcriptome profiling of *Cucumis melo* fruit development and ripening. **Horticulture Research**. v. 3, article number 16014, 2016.