

ANA CAROLINA DE ASSIS DANTAS

**IDENTIFICAÇÃO DE QTLs E HERANÇA DE
CARACTERES ASSOCIADOS À QUALIDADE
DE FRUTOS DO MELOEIRO**

MOSSORÓ-RN

2015

ANA CAROLINA DE ASSIS DANTAS

**ANÁLISE DE QTLs E HERANÇA DE CARACTERES ASSOCIADOS À
QUALIDADE DE MELÃO**

Tese apresentada à Universidade Federal Rural do
Semi-Árido, como parte das exigências do
Programa para obtenção do grau de Doutor em
Fitotecnia.

ORIENTADOR:
PROF. D. SC. GLAUBER HENRIQUE DE SOUSA NUNES

MOSSORÓ-RN

2015

Catálogo na Fonte
Catálogo de Publicação na Fonte. UFRSA BIBLIOTECA CENTRAL ORLANDO
TEIXEIRA - CAMPUS MOSSORÓ

Dantas, Ana Carolina de Assis.

Análise de QTLs e herança de caracteres associados à qualidade de melão / Ana Carolina de Assis Dantas. - Mossoró, 2015.
95f: il.

1. Melão. 2. Marcadores SSR. 3. Poligenes. 4. Frutos - qualidade.
5. Gene de efeito maior. I. Título

RN/UFRSA/BOT/685

CDD 635.11 D192a

ANA CAROLINA DE ASSIS DANTAS

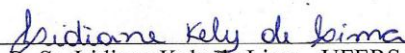
**IDENTIFICAÇÃO DE QTLs E HERANÇA DE CARACTERES ASSOCIADOS À
QUALIDADE DE FRUTOS DO MELOEIRO**

Tese apresentada a Universidade Federal Rural do
Semi-Árido, como parte das exigências do
Programa para obtenção do grau de Doutor em
Fitotecnia.

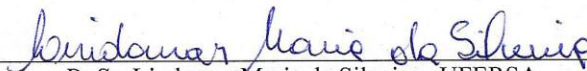
Aprovada em: 20/02/2015



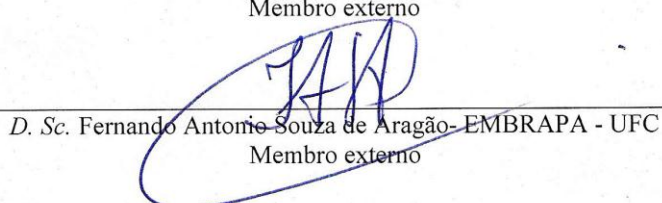
D. Sc. Glauber Henrique de Sousa Nunes – UFERSA
Orientador



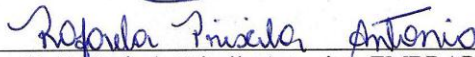
D. Sc. Lidiane Kely de Lima - UFERSA
Membro externo



D. Sc. Lindomar Maria da Silveira - UFERSA
Membro externo


D. Sc. Fernando Antonio Souza de Aragão- EMBRAPA - UFC

Membro externo



D. Sc. Rafaela Priscila Antonio – EMBRAPA -Semiárido
Co-orientadora

Aos meus pais, por todo o amor, incentivo, minha mãe, com suas orações; meu pai, com tanto orgulho dedicado; Minhas irmãs e meu sobrinho, por todo o carinho e incentivo. Ao meu esposo, por todo o amor, tanta atenção e apoio.

Dedico

A meus pais, que sempre com muito respeito, amor e cuidado, incentivaram e deram suporte para a realização dessa etapa da minha vida, das nossas vidas.

Ofereço

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela infinita graça, amor e misericórdia, me fortalecendo como pessoa, para vencer os obstáculos da vida;

À Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), pelas oportunidades de ensino e por toda a estrutura para realização de pesquisas científicas;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos e pela oportunidade de bolsa de doutorado sanduíche na Espanha;

À Pós-graduação em Fitotecnia, em especial a todos que compõem o corpo docente, pelos ensinamentos transmitidos durante o doutorado;

Ao meu orientador, Glauber Henrique de Sousa Nunes, pela orientação, atenção, conhecimentos transmitidos, pelo apoio no desenvolvimento da tese, por todo o cuidado e zelo na qualidade dos trabalhos;

Às minhas co-orientadoras, Ioná Santos Araújo, por todo incentivo e força em todos os momentos, e Rafaela Priscila, por todos os ensinamentos, incentivo e amizade;

A Maria Belén Picó Sirvent, Eva, Cristina Esteras e Alícia, pelos seus ensinamentos, apoio e colaboração durante minha permanência no COMAV (Centro Conservación y Mejora De La Agrobiodiversidad Valenciana), na Universidade Politécnica de Valencia;

Aos funcionários da horta didática, Seu Antônio, Alderi, Nanan e Josimar. Vocês foram muito importantes na execução deste trabalho;

Aos colegas das duas equipes, às meninas do laboratório que, sempre com muito carinho e dedicação, estavam prontas a ajudar e ao GERMEV, pela ajuda e trabalhos juntos, que seria impossível realizar os experimentos sem a ajuda deles. Agradecimento especial a José Maria (Dedé) e Anânkia por toda a amizade, cumplicidade e disponibilidade. A todos os que contribuíram direta e/ou indiretamente para a concretização deste trabalho;

Aos membros da Banca examinadora, pelas sugestões para aprimorar a qualidade da tese;

Aos meus amigos de curso, em especial a Rafaella, Paulinha, Thaíza, Saulo, Márcio, Thalita, Andréia, Dinara e aos meus vizinhos queridos, Marques Neto, Michelle, Angelina, Lurdinha, por toda a amizade e apoio;

À minha família, em especial meus pais João Dantas e Ana Maria e minhas irmãs Marianna e Julianna, pelo amor, compreensão e apoio nessa jornada. A meu marido, Richardson, por todo amor e paciência.

Muitíssimo Obrigada.

RESUMO

DANTAS, Ana Carolina de Assis. **Análise de QTLs e herança de caracteres associados à qualidade de melão.** 2015. 93p. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró-RN, 2014.

A qualidade dos frutos é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético do meloeiro. Um aspecto importante para o melhorista é conhecer a herança do caráter, de vez que auxilia o pesquisador na escolha da estratégia de melhoramento com economia de tempo e recursos. Além disso, o uso de ferramentas biotecnológicas auxilia no conhecimento da arquitetura dos caracteres e facilita o processo seletivo. Os objetivos do presente trabalho foram: identificar marcadores SSR ligados aos locos gênicos (*Quantitative Trait Loci* - QTLs) controladores de seis caracteres relacionados à qualidade de frutos de meloeiro e estudar o controle genético de caracteres relacionados à qualidade de frutos de melão por meio de estudo clássico de gerações envolvendo modelos mistos. Foram avaliadas 100 famílias $F_{2:3}$ do cruzamento entre os genitores ‘Hales Best Jumbo’ (HBJ), tipo *cantaloupensis* e ‘MR-1’, tipo *momordica*, nos anos de 2013 e 2014. Para a avaliação fenotípica das famílias, foram conduzidos dois experimentos, nos quais foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com três repetições. Cada parcela foi constituída por uma linha com cinco plantas, com espaçamento de 2,0 m entre as linhas e 0,3 m entre plantas. Foram avaliadas as características peso médio do fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza da polpa, sólidos solúveis e porcentagem de rachadura do fruto. Para genotipagem, foram utilizados os marcadores moleculares microssatélites ou SSR. Foi possível a identificação de marcadores moleculares estáveis ligados a caracteres de qualidade de frutos de melão pelo processo de regressão múltipla. Foram identificados marcadores associados aos caracteres peso médio do fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza da polpa, sólidos solúveis e porcentagem de rachadura do fruto. Os marcadores CMMS22-2, CMCTN4 e CMMS4-3 foram os mais estáveis nas duas avaliações. Os marcadores CMGAN3, CMAGN33, CMSTN4, CMMS4-3, CMMS22-2 são os mais promissores para seleção assistida, visando ao melhoramento da qualidade de frutos do meloeiro. Para o estudo de herança, foram avaliadas os genitores: OL, tipo *cantaloupensis*; PV, tipo não definido; A-16, tipo *acidulus*; as gerações F_1 , F_2 e os retrocruzamentos dos OL x A-16 e OL x PV em dois ensaios distintos conduzidos em blocos casualizados com três repetições no ano de 2012. Os caracteres avaliados foram: peso médio de fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza da polpa e sólidos solúveis. As análises foram feitas utilizando modelos mistos para estimar os parâmetros do modelo aditivo-dominante e os componentes de variância. Foram estimados os parâmetros de herdabilidades nos sentidos amplo e restrito e número de locos que controlam o caráter. Utilizaram-se testes de hipóteses de máxima verossimilhança de modelos genéticos hierárquicos para avaliar a presença de poligenes e gene de efeito maior no controle genético do caráter. Pelos resultados, conclui-se que a herança dos caracteres estudados é complexa, com a presença de gene de efeito maior e poligenes com efeitos aditivos e de dominância.

Palavras-chaves: *Cucumis melo* L, marcadores SSR, modelos mistos, poligenes, gene de efeito maior.

ABSTRACT

DANTAS, Ana Carolina de Assis. QTL analysis and inheritance of fruit quality traits in melon. 2015. 93 p. Thesis (Doctorate in Agronomy/Crop Science) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró-RN, 2014.

The quality of the melon is one of the main objectives of breeding programs. An important aspect for the breeder is to know its inheritance as it assists in choosing the breeding strategy with time and resource savings. In addition, the use of biotechnological tools to assist in the knowledge of architecture of the characters and facilitate the selection process may be useful. The objectives of this study were: to identify SSR markers linked to QTLs of six characters related to the quality of melon and to study the genetic control of traits related to fruit quality of melon through classic study of generations involving mixed models. Based on this, we evaluated 100 $F_{2:3}$ families of crossing between the parents 'Hales Best Jumbo' (HBJ) and 'MR-1', *momordica* type, in the years 2013 and 2014. For the phenotypic evaluation of the families, two experiments were carried out in randomized block design with three replications. Each plot consisted of a line with five plants, spaced 2.0 m between rows and 0.3 m between plants. The traits evaluated were: fruit weight, shape index, flesh thickness, flesh firmness, soluble solids and percentage of fruit cracking. From the results, the identification of stable molecular markers linked to quality traits of melon fruit through multiple regression procedure was possible. Using multiple regression process were identified markers associated to the average fruit weight characters, shape index, flesh thickness, firmness, soluble solids and percentage of fruit cracking. The CMMS22-2, CMCTN4 and CMMS4-3 markers were the most stable in both evaluations. The CMGAN3 markers, CMAGN33, CMSTN4, CMMS4-3, CMMS22-2 were those who stood out as the most promising for assisted selection to improve the melon quality. For the inheritance study, the generations F_1 , F_2 and backcross of crossings OL x A-16 and OL-PV were evaluated in two separate experiments carried out in randomized block design with three replications, in 2012. The traits evaluated were: average fruit weight, shape index, flesh thickness, flesh firmness and soluble solids. The analyses were performed using mixed models to estimate the parameters of the additive-dominant model and the variance components. The heritability in the narrow and broad sense and number of *loci* that control the character were estimated. Maximum likelihood hierarchical genetic models were used in tests of hypothesis in order to assess the presence of polygenes and major effect gene in the genetic control character. From the results, it is concluded that the inheritance of the studied characters is complex, with the presence of major gene and polygenes with additive and dominance effects.

Keywords: *Cucumis melo* L, SSR markers, inheritance, mixed models, polygenes, major gene.

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO I: Identificação de QTLs relacionados à qualidade de frutos de meloeiro

Tabela 1 - Médias das variáveis climáticas durante o período de realização dos dois experimentos. Mossoró-RN, 2015.	29
Tabela 2 - Deviance, média e estimativas de componentes de variância fenotípica (VFEN), genotípica (VGEN), da interação genótipos x ambiente (VGA) e residual (VE), herdabilidade média (h^2_m); acurácia seletiva (AGEN); CV genético (CVg); CV residual (CVe); coeficiente de variação relativa ($CV_r = CV_g/CV_e$), $rg_{(12)}$: correlação entre os ambientes e média de famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.....	33
Tabela 3 - Estimativas de ganho com a seleção (GS) para as características de qualidade de fruto avaliadas, nos anos 2013 e 2014. Mossoró-RN, 2015.....	38
Tabela 4 - Resumo das análises de regressão linear múltipla (<i>backward</i>) para peso médio do fruto melão avaliado em famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.....	39
Tabela 5 - Resumo das análises de regressão linear múltipla (<i>backward</i>) para índice de formato do fruto melão avaliado em famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.	40
Tabela 6 - Resumo das análises de regressão linear múltipla (<i>backward</i>) para espessura de polpa de melão avaliado em famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.	41
Tabela 7 - Resumo das análises de regressão linear múltipla (<i>backward</i>) para firmeza de polpa de melão avaliado em famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.	41
Tabela 8 - Resumo das análises de regressão linear múltipla (<i>backward</i>) para sólidos solúveis de melão avaliado em famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.	42
Tabela 9 - Resumo das análises de regressão linear múltipla (<i>backward</i>) para rachadura do fruto de melão avaliado em famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.	42
Tabela 10 - Direção do efeito dos marcadores SSR identificados em seis caracteres de melão avaliados em famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN. Mossoró-RN, 2015.....	43

CAPÍTULO II: Controle genético de caracteres relacionados à qualidade de frutos de meloeiro

Tabela 11 - Modelos lineares para médias, variâncias genéticas e variância total dentro de parcela para seis gerações para análises de médias de gerações do modelo aditivo-dominante (KEARSEY; POONI, 1996). Mossoró-RN, 2015.....	61
Tabela 12 - Modelos de herança utilizados pelo programa Monogen. Mossoró-RN, 2015.....	65
Tabela 13 - Média das gerações para cinco caracteres relacionados à qualidade do fruto de melão nos cruzamentos OL x A-16 e OL x PV. Mossoró-RN, 2015.....	66
Tabela 14 - Teste F (Wald) para o modelo aditivo-dominante para cinco caracteres relacionados à qualidade do fruto de melão nos cruzamentos OL x A-16 e OL x PV. Mossoró-RN, 2015.....	70
Tabela 15 - Estimativas de componentes de variância do modelo aditivo dominante para cinco caracteres relacionados à qualidade do fruto de melão nos cruzamentos OL x A-16 e OL x PV. Mossoró-RN, 2015.	71
Tabela 16 - Testes de modelos genéticos utilizando a função de máxima verossimilhança para cinco caracteres para cinco caracteres relacionados à qualidade do fruto de melão, no cruzamento OL x A-16 e no cruzamento OL x PV. Mossoró-RN, 2015.	74

LISTA DE FIGURAS

REFERENCIAL TEÓRICO

Figura 1 - Municípios do RN que possuem o selo de indicação de procedência. Mossoró-RN, 2015. (Fonte: MELO, adaptado de IBGE, 2014).	5
Figura 2 - -Genitores utilizados, 'MR-1' e 'Hales Best Jumb' (HBJ). Mossoró-RN, 2015.....	28
Figura 3 - Amostra de frutos representativos da variabilidade observada em frutos de famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.....	36
Figura 4 - Histograma com as frequências absolutas dos caracteres peso médio do fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza de polpa, sólidos solúveis e rachadura do fruto de famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Fa: Frequência absoluta. Mossoró-RN, 2015.	37
Figura 6 - Genitores utilizados no estudo de estudo da herança: A-16, PV, OL. Mossoró-RN, 2015.....	58
Figura 7 - Amostras de frutos da população F2 dos cruzamentos OL x A-16 e OL x PV. Mossoró-RN, 2015.....	67
Figura 8 - Histograma com as frequências absolutas dos caracteres peso médio do fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza de polpa, sólidos solúveis e rachadura do fruto de plantas F2 do cruzamento OL x A-16. Mossoró-RN, 2015.	68
Figura 9 - Histograma com as frequências absolutas dos caracteres peso médio do fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza de polpa, sólidos solúveis e rachadura do fruto de plantas F2 do cruzamento OL x PV. Mossoró-RN, 2015.	69

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO	4
2.1 Importância do meloeiro	4
2.2 Melhoramento para qualidade de melão	5
2.3 Análise de QTLs para caracteres relacionados à qualidade de melão	9
3 REFERÊNCIAS	13
CAPÍTULO I: Identificação de QTLs relacionados à qualidade de frutos do meloeiro	
1 INTRODUÇÃO	26
2 MATERIAL E MÉTODOS	28
2.1 Germoplasma	28
2.2 Fenotipagem das famílias $F_{2:3}$	29
2.3 Genotipagem das famílias $F_{2:3}$	30
2.3.1 Extração de DNA	30
2.4 Análises estatísticas	31
2.4.1 Fenotipagem das famílias $F_{2:3}$	31
2.4.4 Identificação de QTLs	32
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	33
3.1 Fenotipagem	33
3.2 Identificação de QTLs	39
4 CONCLUSÕES	47
5 REFERÊNCIAS	48
CAPÍTULO II: Controle genético de caracteres relacionados à qualidade de frutos de meloeiro	
1 INTRODUÇÃO	56
2 MATERIAL E MÉTODOS	58
2.1 Germoplasma	58
2.2 Fenotipagem	58
2.3 Análises Estatísticas	59
2.3.1 Análise de gerações por meio de modelos mistos	59
2.3.2 Determinação das herdabilidades no sentido amplo e restrito	62
2.3.3 Determinação do número de locos efetivos	62
2.3.4 Testes de modelos genéticos utilizando a verossimilhança	63
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	66
3.1 Análises de gerações	66

3.2 Testes de modelos genéticos utilizando a função de máxima verossimilhança.....	73
4 CONCLUSÃO	76
5 REFERÊNCIAS	77
APÊNDICE	80

1 INTRODUÇÃO GERAL

O melão (*Cucumis melo* L.) é a décima terceira fruta em produção e ocupa a primeira colocação entre as principais frutas frescas exportadas pelo Brasil em 2013, liderando a lista, com envios de 191.412,600 mil toneladas. Os embarques da fruta renderam US\$ 147,579 milhões em 2013 e em 2014 renderam US\$ 151.817,079 milhões, com envios de 196.850,024 mil toneladas, volume 2,76% superior ao exportado em 2013. A região Nordeste é a principal produtora de melão do país e responde por mais de 95% do produzido, tendo os Estados do Ceará e do Rio Grande do Norte como os maiores produtores e exportadores (IBGE, 2014). As principais razões do sucesso do melão no Nordeste são as condições climáticas e o emprego de alta tecnologia de produção, com grande aplicação de insumos, dentre estes o uso de sementes híbridas.

Nos últimos anos, a demanda por melão aumentou no Brasil, proporcionando um incremento da porcentagem de produção de melão destinada ao mercado interno. Os consumidores europeus são extremamente exigentes com relação à qualidade dos frutos do meloeiro. Além disso, a exigência do consumidor nacional cresceu, exigindo, por parte do produtor, maior dedicação na produção de frutos com elevada qualidade.

A definição de qualidade de fruto em melão é complexa e envolve muitos atributos relacionados ao tamanho, forma, cor, textura, aroma, doçura, conteúdo nutricional e vida pós-colheita, dentre outros. Assim, devido à elevada variabilidade morfológica da espécie, a qualidade do melão varia em função de cada tipo de cultivar. Por exemplo, aroma, rendilhamento e mudança de coloração externa são desejáveis em *C. melo* var. *cantaloupensis* Naud (grupo Cantaloupensis), mas não são para cultivares de melão Pele de Sapo [*C. melo* var. *inodorus* H. Jacq. (grupo Inodorus)] (OBANDO et al., 2008). Frutos de tamanho intermediário e arredondados são preferidos em melões do tipo Cantaloupe, ao passo que se valorizam melões ovais e grandes em Pele de Sapo (FERNANDEZ-SILVA et al., 2010).

Além disso, os consumidores de melão têm uma ampla faixa de interesses dependendo do segmento do agronegócio e cadeias alimentares (KADER, 2002). Assim sendo, o melão geralmente é colhido quando maduro com alto teor de açúcar e é consumido cru como sobremesas, aperitivos ou saladas. Alternativamente, alguns cultivares são colhidos imaturos, não doces e consumidos crus, cozinhados ou como picles. Alguns tipos de melão são utilizados como ornamentais no Japão e em outros países. Os melões doces são mais populares em praticamente todos os países, com um alto valor comercial e com muitos cultivares gerados pelas companhias sementeiras. Não obstante, os melões doces, consumidos em saladas em substituição ao pepino, são encontrados em mercados locais em países asiáticos e sudeste da Espanha (FERNANDEZ-TRUJILLO et al., 2011).

A qualidade do fruto é determinada por uma rede complexa de caminhos metabólicos durante o crescimento, desenvolvimento e maturação do fruto (KATZIR et al., 2008). O conhecimento do controle genético de caracteres relacionados à qualidade é de fundamental importância para o desenvolvimento de programas de melhoramento visando à produção de frutos de elevada qualidade. Não obstante, as informações sobre o controle genético dos principais atributos geralmente considerados no melhoramento, como sólidos solúveis, tamanho do fruto, forma do fruto, espessura da polpa, dentre outros, ainda são escassas. Portanto, estudos que forneçam maiores conhecimentos sobre a herança dos referidos atributos são necessários para orientar os pesquisadores no processo seletivo, auxiliando na escolha da estratégia de melhoramento.

A maioria dos caracteres relacionados à qualidade de melão tem herança poligênica, com forte influência ambiental (PÉRIN et al., 2002). Em razão disso, o uso de ferramentas biotecnológicas é cada vez mais necessário. Dentre elas, marcadores moleculares como os microssatélites e, mais recentemente, SNP (Polimorfismo de nucleotídeo único, em inglês *Single Nucleotide Polymorphism*) têm sido os mais utilizados. Nesse sentido, alguns estudos foram conduzidos com diferentes tipos de populações de mapeamento com F₂ e duplos haploides (MONFORTE et al., 2004), linhagens recombinantes (PÉRIN et al., 2002; PARIS et al., 2008) e linhagens quase isogênicas (EDUARDO et al., 2007; MORENO et al., 2008; FERNANDEZ-SILVA et al., 2009) para a detecção de QTL (*Quantitative Trait Loci*), que são locos que controlam caracteres quantitativos.

No caso de caracteres quantitativos, geralmente controlados por vários genes, cada unidade do genoma marcada é denominada de QTL. Cada QTL não significa necessariamente um poligene, pois ele pode estar representado por mais de um intimamente ligado ou um bloco gênico. A avaliação fenotípica, especialmente dos caracteres quantitativos, deve ser feita da forma mais precisa possível, pois ela determinará a precisão de identificação dos QTLs pelos marcadores. Por isso, a população segregante deve ser avaliada em experimentos com repetição e, se possível, em vários ambientes. Com o mapa molecular e a avaliação fenotípica da população segregante, procede-se à identificação dos QTLs. Atualmente, existem vários pacotes estatísticos (*softwares*) que realizam essa identificação. Além desses pacotes específicos, a identificação de QTLs também pode ser feita por meio da regressão linear múltipla, que utiliza vários procedimentos de seleção dos QTLs ligados aos marcadores. Vários pacotes estatísticos podem ser usados para esse fim, como o SAS (RAMALHO et al., 2012).

Basicamente, a análise de QTL se baseia na determinação estatística da associação de marcadores moleculares com QTL, bem como na quantificação do efeito do QTL sobre o caráter, sua posição genética e explicação na variação genética total. A identificação de marcadores moleculares de DNA que cossegrem com QTL de genes de interesse pode auxiliar na seleção de genótipos superiores por meio da Seleção Assistida por Marcadores

(SAM) (COLLARD et al., 2005). Nos estudos realizados com melão, foram identificados QTLs para o peso e formato do fruto (PÉRIN et al., 2002; MONFORTE et al., 2004), sólidos solúveis (PÉRIN et al., 2002; MONFORTE et al., 2004; PARIS et al., 2008; FERNANDEZ-SILVA et al., 2010), firmeza da polpa (OBANDO et al., 2008). Por outro lado, ainda não foram realizados estudos de identificação de QTLs nas condições do semiárido brasileiro, sendo necessários estudos dessa natureza para auxiliar os programas de melhoramento nessa região.

Diante do exposto, o presente trabalho tem como objetivos identificar QTLs e estudar a herança de caracteres associados à qualidade do melão.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância do meloeiro

O meloeiro é uma importante espécie da família Cucurbitácea comercializada internacionalmente e apreciada principalmente pelo seu *flavor* único (ALBUQUERQUE et al., 2006). Os frutos podem ser consumidos *in natura*, como ingrediente de saladas e na forma de suco (ROCHA et al., 2010). Aproximadamente 31 milhões de toneladas foram produzidas em todo o mundo, sendo a China e Turquia os maiores produtores da atualidade (FAO, 2014).

O cultivo de melão tem importante papel na fruticultura irrigada brasileira em razão do grande retorno econômico e da geração de divisas. Em 2013, foram produzidas 565.900 mil t, rendendo 501.652 milhões de reais (IBGE, 2014). Ressalta-se que o agronegócio do meloeiro não é importante apenas no aspecto econômico, como também para o fator social na região na qual está inserida, gerando emprego e renda, resultando na melhoria das vidas das pessoas.

Recentemente, os produtores conseguiram o direito de utilizar o selo de indicação de procedência, que se refere a produtos ou serviços que tenham uma origem geográfica específica. Seu registro reconhece reputação, qualidades e características que estão vinculadas ao local. Como resultado, elas comunicam ao mundo que certa região se especializou e tem capacidade de produzir um artigo diferenciado e de excelência (INPI, 2014). Acredita-se que a obtenção do selo proporcione maior visibilidade à cultura, permitindo o aumento das exportações e a conquista de novos compradores que reconhecem e valorizam os produtos com indicação geográfica, agregando valor ao melão produzido em Mossoró e nos demais municípios circunscritos (Figura 1). Os frutos produzidos no semiárido nordestino são destinados ao mercado interno, principalmente nos últimos anos, e a exportação para alguns países da Comunidade Europeia, Ásia, Estados Unidos e recentemente Chile.

A produção nordestina está concentrada nos estados do Ceará e do Rio Grande do Norte, que totalizaram mais de 95% da produção nacional nos últimos dez anos (ALICE WEB/MDIC, 2014). No Rio Grande do Norte, a produção está concentrada no Agropolo Mossoró-Assu, em especial nos municípios de Mossoró e Baraúna. No Ceará, a produção está concentrada no Vale do Baixo Jaguaribe e município de Icapuí.

A Região tem se destacado nas últimas três décadas como a maior produtora de melão do Brasil em razão das condições propícias para o desenvolvimento da cultura, como: alta temperatura (30°C) e baixa precipitação pluviométrica ($< 650 \text{ mm.ano}^{-1}$), aliadas aos altos investimentos do setor produtivo. A produção é altamente tecnológica em todo o processo, desde a produção de mudas até o manejo pós-colheita dos frutos. Como destaque, tem-se a irrigação por gotejamento, que proporciona maior economia de água, aplicação de adubos via

fertirrigação, uso de defensivos para combate aos principais patógenos e pragas e o uso de sementes melhoradas (híbridos simples) dos vários tipos de melão. Os tipos mais produzidos são: Amarelo, Pele de Sapo, Cantaloupe, Charentais e Galia (SALES JÚNIOR et al., 2011). Também merece destaque toda a estrutura existente para o tratamento dos frutos pós-colheita, visando a garantir a comercialização de frutos com alta qualidade. A proximidade dos portos de Natal, no Rio Grande do Norte, e do Pecém e Mucuripe, no Ceará, dos municípios produtores e toda a logística de exportação também reduzem os custos de produção.

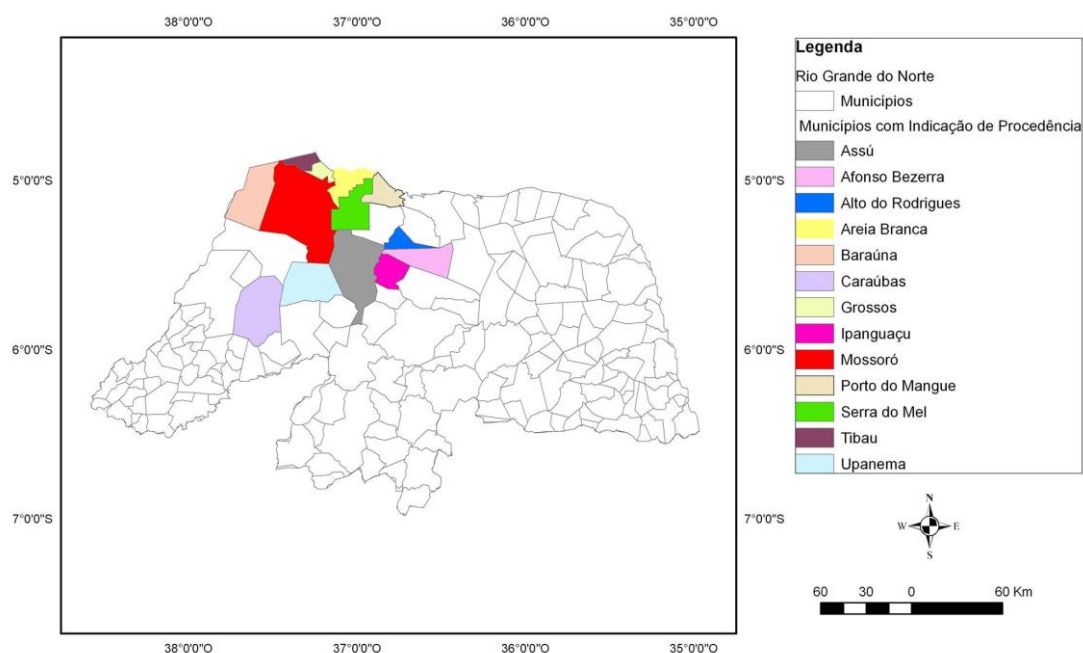


Figura 1 - Municípios do RN que possuem o selo de indicação de procedência. Mossoró-RN, 2015. (Fonte: MELO, adaptado de IBGE, 2014).

2.2 Melhoramento para qualidade de melão

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) pertence à família Cucurbitacea, a qual tem grande importância mundial. Sua região de origem ainda é tema de muitas discussões. A origem africana tem sido tradicionalmente advogada (ROBINSON; DECKER-WALTERS, 1997; KERJE; GRUM, 2000; LUAN et al., 2008). Contudo, estudos sistemáticos mais recentes apontam a Ásia como provável local de origem (SEBASTIAN et al., 2010; JOHN et al., 2012).

Deve ter sido primeiramente domesticado devido ao alto valor nutricional de suas sementes e posteriormente sofreu seleção para caracteres dos seus frutos (PITRAT, 2008). Provavelmente, a domesticação iniciou-se no Egito há três mil anos (PANGALO, 1929). Durante a domesticação e seleção, esta cultura esteve sujeita a um intenso processo de

diversificação. O centro primário de diversidade do meloeiro é citado na Ásia, compreendendo uma faixa extensa desde a região do Mar Mediterrâneo na Turquia, passando pela Ásia Central (Iran, Afeganistão e Uzbequistão), Índia e Ásia oriental (China) (ROBINSON; DECKER-WALTERS, 1997; RAGHAMI et al., 2014). A região mediterrânea ocidental (Espanha) e o extremo oriente são considerados centros secundários de diversidade (MONFORTE et al., 2003; BLANCA et al., 2012).

O meloeiro é a espécie mais polimórfica do gênero *Cucumis* (LUAN et al., 2010), sendo reportada ampla diversidade na folha, planta e frutos da espécie (STEPANSKY et al., 1999; ESTERAS et al., 2012). Naudin (1859), em seu trabalho clássico, subdividiu a espécie em nove tribos. O trabalho pioneiro de Naudin foi a base para classificações subsequentes (MUNGER; ROBINSON, 1991; PITRAT et al., 2000; NESOM, 2011). Atualmente, a classificação mais aceita é a subdivisão da espécie em duas subespécies, *melo* e *agrestis*, em função da pilosidade do ovário (JEFFREY, 1980). As subespécies estão divididas em diferentes variedades da seguinte maneira: a) subespécie *agrestis* contempla as variedades *momordica*, *conomon*, *makuwa*, *chinensis*, *acidulus* e *tibish* e b) subespécie *melo* contempla as variedades *chate*, *flexuosus*, *adana*, *ameri*, *chandalak*, *cantalupensis*, *reticulatus*, *inodorus* e *dudaim* (PITRAT, 2008; ESTERAS et al., 2013).

As variedades mais importantes do ponto de vista comercial são a *cantalupensis*, *reticulatus* e *inodorus*. Dentro das variedades, estão classificados os tipos de melão. Os tipos Amarelo, Honey Dew, Pele de sapo e Tendral verde pertencem à variedade *inodorus*. O tipo Charentais pertence à variedade *cantalupensis*, enquanto que Cantaloupe e Galia à variedade *reticulatus* (BURGUER et al., 2010). No Brasil, os tipos mais produzidos são: Amarelo, Cantaloupe, Pele de sapo, Charentais e Galia (SALES JUNIOR et al., 2006).

Pelo fato de o principal produto comercial do meloeiro ser seu fruto, os programas de melhoramento são necessariamente direcionados à sua qualidade em função dos tipos de cultivares existentes devido à diversidade. A definição da qualidade de fruto de melão é muito complexa, pois envolve uma complexa rede de caminhos metabólicos envolvida no amadurecimento do fruto (KATZIR et al., 2004). Por esse motivo, é mais fácil ver a qualidade do fruto como um fator crítico do ponto de vista mercadológico e que consiste de uma ampla e complexa faixa de caracteres externos (forma, tamanho, casca, rendilhamento, suturas, nervuras) e internas (cavidade da semente, espessura da polpa, sacarose, sólidos solúveis, acidez, pH, dentre outros) (SILVA et al., 2008). Portanto, o termo qualidade depende do tipo de cultivar a ser desenvolvido. Por exemplo, o rendilhamento em frutos do tipo Amarelo não é apreciado pelos consumidores como seria em um tipo Cantaloupe. Por outro lado, para melões pele de sapo, a presença de rendilhamento extremamente leve é um indicativo de qualidade do fruto (TAHA et al., 2003).

Um dos caracteres externos mais importantes contemplados em programas de melhoramento genético do meloeiro é o tamanho do fruto. É estudado pelo seu peso médio. O melão possui genótipos com frutos que pesam de algumas gramas (20-50g) como os frutos de melões silvestres coletados na África e Índia; frutos menores (200-300 g), frutos intermediários (1-2 kg) até maiores com mais de 5,0 kg (BURGER et al., 2010). O peso do fruto está sob controle poligênico principalmente recessivo (PITRAT, 2013). Na comercialização, o peso do fruto é utilizado como padrão de classificação, definido pelo mercado ao qual os frutos se destinam. A perda de massa, ocasionada principalmente pela transpiração, é um fator que causa prejuízo, de vez que o fruto é comercializado por unidade de peso (PEREIRA, 1997). Comercialmente, frutos com peso que varia de 1,0 a 1,5 kg são os preferidos, os tipos Amarelo, Honey Dew e Galia. Os frutos maiores, desvalorizados no mercado externo, são vendidos no mercado interno, comercializados em supermercados e feiras livres, os quais são valorizados, proporcionando baixas perdas por descarte em decorrência de tamanho de frutos (ARAÚJO NETO et al., 2003; MEDEIROS et al., 2011). O mercado externo, americano e europeu, prefere principalmente frutos menores, que possam ser consumidos de uma só vez, com maior espessura da polpa e maior teor de sólidos solúveis (GURGEL, 2000; ARAÚJO NETO et al., 2003; NUNES et al., 2008). Todavia, frutos de melão Pele de sapo com pesos superiores a 2,5 kg são bastante apreciados no mercado espanhol (ESTERAS et al., 2013).

Outro importante caráter externo de qualidade é a forma do fruto. O meloeiro tem frutos de vários formatos, desde redondos a extremamente alongados, como os frutos da variedade *flexuosus* (*snakemelons*) (PANDEY et al., 2010). É consenso entre os autores que a forma do fruto tem herança poligênica, mas sofre pouca ação ambiental, sendo, portanto, mais fácil de ser selecionado (PERIN et al., 2002; MONFORTE et al., 2004; FERNANDEZ-SILVA et al., 2009). A forma do fruto é medida pela relação do comprimento do fruto pela sua largura. De acordo com Paiva (2000), frutos com forma esférica têm índice de formato inferior ou igual a 1,0; com forma oval têm índice de formato entre 1,01-1,50 e compridos têm valor superior a 1,5. Estudos têm evidenciado que os frutos mais alongados são determinados basicamente pelo seu comprimento (MONFORTE et al., 2005). Além disso, tem-se observado que o formato do fruto é determinado antes da antese pelo fato de estar relacionado à forma do ovário (PERIN et al., 2002). A forma do fruto é importante na classificação e padronização, podendo determinar a aceitação, valorização e comercialização do produto para determinados mercados. Também define a embalagem e o arranjo dos frutos no seu interior. A seleção dos frutos para serem embalados é feita por meio do diâmetro do fruto, separando-se frutos arredondados dos ovalados (SOUSA et al., 1999).

A espessura da polpa é um atributo interno de qualidade de fundamental importância para o consumidor. Ademais, frutos com maior espessura de polpa têm menor cavidade interna, o que os torna mais resistentes ao manuseio e transporte (RIZZO; BRAZ, 2001). Essa

característica, juntamente com as cavidades internas longitudinal e transversal, permite estimar o rendimento de polpa do fruto, demonstrando maior aproveitamento da parte consumida. A maior espessura da polpa é desejável, pois indica maior parte comestível, de vez que a parte consumida é a polpa e aumenta a massa, refletindo diretamente no rendimento do fruto e, assim, melhorando sua qualidade (SANTOS, 2003; PADUAN et al., 2007). São raros os trabalhos contemplando estudo do controle genético da espessura da polpa. Barros et al. (2011) concluíram que na espessura da polpa estão envolvidos somente efeitos aditivos. Todavia, Costa (2012) constatou que tanto efeitos aditivos quanto de dominância controlam a referida característica.

A firmeza de polpa é um caráter interno da qualidade do fruto fundamental, de vez que está associado com textura/aroma (*flavor*), pois a liberação de compostos presentes no produto perceptíveis ao paladar está também relacionada à estrutura do tecido (MENEZES et al., 1998). Para o consumo, é ideal que o fruto tenha polpa suculenta e firme, todavia a firmeza não pode ser muito elevada, de vez que reduz a suculência (HARKER et al., 2003). A firmeza da polpa também está relacionada à vida útil pós-colheita e diretamente com as propriedades mecânicas de resistência fundamentais no manuseio, transporte, armazenamento e comercialização (BRUMMELL; HARPSTER, 2001). Assim, a firmeza da polpa é uma característica importante para a exportação dos frutos. Em melão, ocorre o amaciamento da polpa durante o amadurecimento e o armazenamento (MENEZES et al., 1997), sendo esse processo de especial interesse, pois melões mais firmes garantem maior resistência ao transporte e armazenamento. O controle genético da firmeza da polpa foi determinado por efeitos aditivos e de dominância (BARROS et al., 2011; COSTA, 2012).

O teor de sólidos solúveis, definido como a porcentagem de sólidos solúveis no suco extraído da polpa, é um fator tradicionalmente usado para definir a qualidade do melão, embora em alguns casos essa característica seja considerada um indicador de qualidade falho (ARTES et al., 1987). Segundo Yamaguchi et al. (1977), o teor de sólidos solúveis é considerado o principal fator na qualidade do fruto de melão. A maioria dos países utiliza os valores do conteúdo de sólidos solúveis como principal guia de mercado para a aceitação. O controle genético de sólidos solúveis é extremamente complexo e tem um efeito acentuado do ambiente. Alguns trabalhos apontam a herança determinada por efeitos aditivos e de dominância (KALB; DAVIS, 1984; CUARTERO et al., 1985; SINGH; RANDHAWA, 1990; MELO, 2010; BARROS et al., 2011; COSTA, 2012), ao passo que outros relatam apenas efeitos aditivos (LIPPERT; LEGG, 1972; ZALAPA et al., 2006; PARIS et al., 2008). Em um mesmo trabalho, Monforte et al. (2004) realizaram cruzamentos de diferentes acessos com um tipo comercial ‘Pele de Sapo’ e verificaram que a presença do efeito aditivo dependeu do cruzamento. O número de locos envolvidos no cruzamento entre uma linhagem Honey Dew (‘Orange Flesh’) e uma linhagem *conomon* (‘UFERSA-05’) para sólidos solúveis foi de aproximadamente 28

locos, sugerindo uma herança poligênica. A acumulação de açúcar em melão foi relatada como uma característica poligênica com baixa herdabilidade e alta interação ambiental (EDUARDO et al., 2007).

A rachadura do fruto é uma desordem importante, que pode causar grave perda de produtividade comercial do meloeiro. Os fatores fisiológicos e ambientais que causam rachaduras são pouco compreendidos. Embora seja geralmente considerado um distúrbio fisiológico causado por variações nas condições ambientais, a atual evidência indica que esta desordem também tem caráter genético, bem como um componente da interação genótipo x ambientes. Alguns cultivares são mais sensíveis do que outros, mas grandes variações de irrigação, temperatura e nutrição durante estágios de maturação tardia de frutos parecem predispor frutos a rachaduras (FERNÁNDEZ-TRUJILLO et al., 2013).

A rachadura do fruto tem efeito negativo sobre a aparência do fruto, podendo influenciar a qualidade organoléptica, particularmente acelerando o amadurecimento, devido à perda de água. A rachadura do fruto é uma porta de entrada preferencial para agentes patogênicos. Portanto, rachaduras na casca criam problemas em todo o mundo para várias culturas de frutos comerciais, podendo levar a perdas econômicas graves para os produtores de frutas (GIBERT et al., 2007). Segundo Jett (2005), a irrigação excessiva durante os últimos estágios de maturação do fruto pode diminuir os níveis de açúcar e causar rachaduras. Martinez et al. (2009) observaram que fruto com firmeza de polpa acima de 35 N nunca mostrou rachaduras nem sintomas de amadurecimento avançado. O autor também relata que estágio final da rachadura foi associado com a presença de comportamento climatérico, mas a rachadura do fruto inteiro foi aparentemente o resultado de uma interação genótipos x irrigações.

Acessos da variedade *momordica* como a linhagem ‘MR-1’ apresentam característica rachadura do fruto em quaisquer condições ambientais, evidenciando a presença de efeitos genéticos (DHILLON et al., 2007; DHILLON et al., 2012). Todavia, não há informações sobre o controle genético da rachadura do fruto em meloeiro.

2.3 Análise de QTLs para caracteres relacionados à qualidade de melão

O genoma do melão é relativamente pequeno, entre 450 a 500 Megabases -Mbp (~900 a 1200 centiMorgan - cM), cerca de três vezes o genoma da espécie modelo *Arabidopsis thaliana* L. (DÍAZ et al., 2011). O número de genes estimados no meloeiro é de 27.427 genes, semelhantemente a outras espécies de plantas (GARCIA-MAS et al., 2012).

Os marcadores moleculares de DNA são úteis para estudos de variabilidade existente, identificação de genótipos ou genes específicos, mapeamento de QTLs e consequente associação entre marcadores moleculares e características fenotípicas. Muitos tipos de marcadores foram desenvolvidos para meloeiro, como microsatélites ou SSR - *Single Sequence*

Repeated (DANING-POLEG et al., 2001; CHIBA et al., 2003; RITCHEL et al., 2004); *Single Nucleotide Polymorphism*-SNP (BLANCA et al., 2011, ESTERAS et al., 2013), *Expressed Sequence Tags*- EST, derivados de microssatélites (FERNANDEZ-SILVA et al., 2008) e de SNP (DELEU et al., 2009). Cada tipo apresenta suas características, suas vantagens e desvantagens. A utilização de um ou de outro vai depender do objetivo do estudo, pois cada marcador tem uma forma de detectar diferenças no DNA, habilidade de detectar diferenças entre indivíduos, consistência e repetibilidade, dependendo também dos recursos financeiros, da infraestrutura disponível e da disponibilidade de recursos humanos treinados.

Os microssatélites ou SSR correspondem a pequenas sequências de DNA com um a seis nucleotídeos repetidos em *tandem* (lado a lado). As sequências que flanqueiam essas regiões são conservadas dentro da mesma espécie, permitindo que se construam *primers* que amplifiquem, via PCR, o mesmo loco, em todos os indivíduos da espécie (CHIBA et al., 2003). Um microssatélite quando é individualmente amplificado, usando-se o par de *primers* complementares às sequências únicas que o flanqueiam, quase invariavelmente apresenta extensivo polimorfismo para tamanho de bandas. A limitação encontrada para o marcador SSR é que, por ser um marcador específico, necessita de uma biblioteca de fragmentos genômicos para o organismo de interesse, mas felizmente para a cultura do melão existem milhares de pares de *primers* (CAIXETA et al., 2006).

Os marcadores SNPs se baseiam na detecção de polimorfismo resultante da alteração de uma única base do genoma. Para que a variação seja considerada SNP, ela precisa ocorrer em ao menos 1% da população (CAIXETA et al., 2006). Esses marcadores são a forma mais abundante de variação do DNA em genomas e são preferidos em relação a outros marcadores genéticos, principalmente por seu grande número, sua estabilidade, reprodutibilidade, por causa da sua baixa taxa de mutação, facilidade de genotipagem e distribuição uniforme ao longo do genoma, tornando-os adequados a estudos de diversidade em escala genômica, construção de mapas genéticos de alta densidade e associação genética (BLANCA et al., 2010). Milhares de SNPs podem ser usados para cobrir o genoma de um organismo com marcadores que não estão a mais de 1cM (centiMorgan) um do outro no genoma inteiro (FALEIRO et al., 2011). A abundância de SNPs no genoma, aliada à diversidade de tecnologias para a realização de ensaios multiplex que podem variar de genotipagem de SNPs individuais de cada vez para mais de um milhão em paralelo (PERKEL, 2008), torna esse marcador uma ferramenta poderosa para o mapeamento genético e seleção assistida por marcador.

O mapeamento de QTLs consiste em se detectar uma associação entre o fenótipo em questão e os marcadores. Marcadores são utilizados para dividir a população de mapeamento em classes genotípicas diferentes de acordo com os genótipos do loco marcador. Em seguida, métodos estatísticos são utilizados para determinar se os indivíduos das diferentes classes

genotípicas diferem significativamente, com respeito à característica avaliada (TANKSLEY, 1993).

Se há diferenças significativas, considera-se que os genes que controlam a característica em questão estão ligados ao loco marcador. Os testes de significância desses parâmetros são, geralmente, feitos pela razão de verossimilhança (LR) ou por LOD score. Os valores de LR ou de LOD são estimados para cada posição do cromossomo e então plotados em figuras, para facilitar a visualização (SCHUSTER; CRUZ, 2008).

O primeiro mapa genético do melão foi construído em 1996 por Baudracco-Arnas e Pitrat (1996), usando principalmente marcadores polimorfismos de fragmentos de restrição (RFLP) e marcadores morfológicos, mas não foi possível cobrir os 12 cromossomos preditos do melão. Posteriormente, o primeiro mapa de ligação que posicionou os marcadores nos 12 grupos de ligação (GL) foi construído alguns anos mais tarde por Perin et al. (2002). No entanto, esse mapa tinha poucos marcadores em comum e diferentes nomenclaturas para os LG, impossibilitando o mapeamento comparativo. Mais recentemente, foram construídos mapas de ligação mais densos com os marcadores SSR (GONZALO et al., 2005; CUEVAS et al., 2008; FERNANDEZ-SILVA et al., 2008; FUKINO et al., 2008; CUEVAS et al., 2009) e SNP (DELEU et al., 2009; HAREL-BEJA et al., 2010).

A maioria dos mapas genéticos de melão disponível foi construída com o objetivo de mapear locos que controlam resistência a doenças, embora alguns progenitores segreguem também para características relacionadas à qualidade do fruto. Mais recentemente, alguns destes mapas de melão foram utilizados para identificação de QTLs relacionados com qualidade de fruto (PERIN et al., 2002; MONFORTE et al., 2004; EDUARDO et al., 2007; ZALAPA et al., 2007; MORENO et al., 2008; PARIS et al., 2008; OBANDO-ULLOA et al., 2009; HAREL-BEJA et al., 2010; DÍAZ et al., 2011).

Alguns trabalhos de identificação de QTLs associados à qualidade de fruto, como peso médio do fruto, formato do fruto, firmeza da polpa e sólidos solúveis em melão foram realizados em populações de diversos tipos. Com relação ao peso médio do fruto (fruit weight-fw), Monforte et al. (2004) identificaram seis QTLs (*fw3.1*, *fw4.1*, *fw5.1*, *fw5.2*, *fw12.1* e *fw12.1*) na população F₂ e duplo-haploides oriundos do cruzamento ‘Piel del Sapo’ x PI 161375 (‘Songwhan Charmi’). Estes QTLs explicaram de 8% (*fw4.1*) a 34,0% (*fw5.2*). Zalapa et al. (2007) identificaram os marcadores (*fw5.8*, *fw6.10*, *fw8.11* e *fw8.12*) em linhas recombinantes do cruzamento entre as linhagens cantaloupe ‘Top Mark’ e fractal USDA-846. Investigando a interação QTLs x backgrounds, Fernandez-Silva et al. (2010) identificaram três QTLs estáveis (*fw4.3*, *fw4.4* e *fw8.1*) para o peso médio do fruto. Destes, o mais importante foi o *fw4.4*, sendo sugerido estudos subsequentes.

Seis QTLs para o formato do fruto (fruit shape-fs, quais sejam: *fs1.1*, *fs 2.1*, *fs 8.1*, *fs 8.2*, *fs 11.1* e *fs 11.2*) foram detectados em cinco grupos ligação diferentes a partir de 110

linhagens recombinantes do cruzamento entre ‘Vendrantais’ e PI 161375. Cinco desses seis foram detectados em dois anos de avaliação, evidenciando menor influência ambiental para esse caráter (PERIN et al., 2002a). Os mesmos autores também identificaram dois QTLs (*fs1.1* e *fs2.2*) na população ‘Vendrantais’ e PI 414723. Segundo os autores, o formato do fruto é determinado por QTLs mais relacionados ao comprimento e não pelo diâmetro do fruto. Os autores concluíram que o controle genético da forma do fruto ocorre antes da antese e é dirigida por QTLs envolvidos no desenvolvimento precoce do ovário. Para o formato do fruto, Monforte et al. (2004) identificaram oito QTLs na população F₂ e duplo-haploides oriundos do cruzamento ‘Piel del Sapo’ x PI 161375 (‘Songwhan Charmi’).

Com relação à firmeza de polpa, Paris et al. (2008) identificaram três marcadores (*mp7.2*, *mp10.3* e *mplg7.5*) consistentes em dois ambientes avaliados. O primeiro marcador, localizado no grupo de ligação VII, explicou 20 e 8% da variação genética; o segundo, no grupo X, explicou 9% e 10% da variação e o terceiro, no grupo VII, explicou 12 e 6%. Esses QTLs foram identificados em 81 linhas recombinantes do cruzamento entre a linhagem cantaloupe ‘Top Mark’ e a linhagem USDA-846 *agrestis*. Trabalhando com 27 linhas quase isogênicas do cruzamento ‘Piel del Sapo’ x PI 161375 (‘Songwhan Charmi’), Moreno et al. (2008) identificaram quatro QTLs para a firmeza da polpa (flesh firmness-ff), sendo três deles estáveis em diferentes anos e locais. O QTL *ff10.2* no grupo de ligação X aumentou a firmeza da polpa. O QTL *ff3.5* no grupo III está relacionado com o QTL do etileno (ethylene-eth) *eth3.5*, que condiciona amolecimento do fruto. Os QTLs *ff8.2* e *ff8.4* foram mapeados no grupo de ligação VIII.

Para o teor de sólidos solúveis e acúmulo de açúcar, existem relatos de muitos QTLs. Monforte et al. (2004) identificaram cinco QTLs para sólidos solúveis na população F₂ e duplo-haploides oriundos do cruzamento ‘Piel del Sapo’ x PI 161375 (‘Songwhan Charmi’). Paris et al. (2008) identificaram dez QTLs para sólidos solúveis (soluble solids content- ssc), sendo dois estáveis (*ssc7.4* e *ssc10.8*). Obando et al. (2008) identificaram vinte QTLs para açúcares individuais, oito para equivalentes de sacarose, cinco para a proporção de glucose-a-frutose e sete para o teor total de açúcar. Argyris et al (2014) identificaram um QTL estável (*ssc5.1*) no GLV utilizando linhas quase-isogênicas.

3 REFERÊNCIAS

ALBUQUERQUE, B.; LINDON, F. C.; BARREIRO, M. G. A case study on flavor properties of melon (*Cucumis melo* L.) cultivars. **Fruits**, v. 61, n. 5, p. 333-339, 2006.

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: 13 mar. 2015.

ARAÚJO NETO, S. E.; GURGEL, F. L.; PEDROSA, J. F.; FERREIRA, R. L. F., ARAÚJO, A. P. Produtividade e qualidade de genótipos de melão-amarelo em quatro ambientes. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, SP, v. 25, n. 1, p. 104-107, abr. 2003.

ARGYRIS, J. M.; GARCIA-MAS, J.; JAHRMANN, T.; FERNANDEZ, M.; PICO, M.; GIBON, Y. Development of recombinant sub-NILs containing smaller introgressions of QTL ssc5.1 determined to be involved in the accumulation of sugar via MAS and high throughput SNP genotyping. Cucurbitaceae 2014, Bay Harbor, Michigan, USA.

ARTES, M. V.; ABADIA, J.; HERNANDES-PINA, S.; ALONSO-ALENDE, A.; NUEZ, F. Improving artificial pollination techniques for muskmelon. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, n. 10, p. 43-44, 1987.

BARROS, A. K. A.; NUNES, G. H. S.; QUEIROZ, 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.

BAUDRACCO-ARNAS, S.; PITRAT, M. A genetic map of melon (*Cucumis melo* L.) with RFLP, RAPD, isozyme, disease resistance and morphological markers. **Theor Appl Genet**, v. 93, p. 57-64, 1996

BLANCA, J.; GARCIA-MAS, J. Y.; PICÓ, B. 2010. Utilización de técnicas de secuenciación y genotipado masivo para el estudio y aprovechamiento de los recursos fitogenéticos. Capítulo 14. In: CARRILLO, J. M.; DÍEZ, M. J.; PÉREZ DE LA VEGA, M.; NUEZ, F. (org.). **Mejora Genética y recursos fitogenéticos: Nuevos avances en la conservación y utilización de los recursos fitogenéticos**, capítulo 14, Sociedad Española de Genética-Sociedad Española de Ciencias Hortícolas (Ministerio de Medio Ambiente y medio rural y marino).

BLANCA, J.; CANIZARES, J.; ZIARSOLO, P.; ESTERAS, C.; MIR, G.; NUEZ, F.; GARCIA-MAS, J.; PICÓ, B. Melon transcriptome characterization. SSRs and SNPs discovery for high throughput genotyping across the species. **Plant Genome**, n. 4, v. 2, p. 118-131, 2011.

BLANCA, J.; CANIZARES, J.; CORDERO, L.; PASCUAL, L.; DIEZ, M. J.; NUEZ, F. Variation revealed by SNP genotyping and morphology provides insight into the origin of the tomato. **PLOS One** 7, e48198. 2012.

BRUMMELL, D. A.; HARPSTER, M. H. Cell wall metabolism in fruit softening and quality and its manipulation in transgenic plants. **Plant Mol. Biol.**, v. 47, p. 311-340, 2001.

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.

CAIXETA, E. T.; OLIVEIRA, A. C. B.; BRITO, G. G.; SAKIYAMA, N. S. Tipos de marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. (org.). **Marcadores moleculares**. Viçosa: UFV, 2006. p. 9-78.

CHIBA, N.; SUWABE, K.; NUNOME, T.; HIRAI, M. Development of Microsatellite Markers in Melon (*Cucumis melo* L.) and Their Application to Major Cucurbit Crops. **Breeding Science**, n. 53, p. 21-27, 2003.

COSTA, N. D. **O cultivo do melão**. Disponível em: <<http://www.hortibrasil.org.br/jnw/images/stories/Melao/m.69.pdf>>. Acesso em: 24 fev. 2012.

COLLARD, B. C. Y.; JAHUFER, M. Z. Z.; BROUWER, J. B.; PANG, E. C. K. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: the basic concepts. **Euphytica**, v. 142, p. 169-196, 2005.

CUARTERO, J.; GAMEZ-GUILLAMON, M. L.; DIAZ, A. Catalog of collections of *Lycopersicon* from Peruvian central areas. **Tomato Genet. Coop. R.**, v. 35, p. 32-35, 1985.

CUEVAS, H. E.; STAUB, J. E.; SIMON, P.W.; ZALAPA, J. E.; McCREIGHT, J. D. Mapping of genetic loci that regulate quantity of beta-carotene in fruit of US Western Shipping melon (*Cucumis melo* L.). **Theor Appl Genet**, v. 117, p. 1345-1359, 2008.

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

DANING-POLEG, Y.; REIS, N.; TZURI, G.; KATZIR, N. Development and characterization of microsatellite markers in *Cucumis*. **Theor Appl Genet**, n. 102, p. 61-72, 2001.

DELEU, W.; ESTERAS, C.; ROIG, C.; GONZALEZ-TO, M.; FERNANDEZ-SILVA, I.; GONZALEZ-IBEAS, D.; BLANCA, J.; ARANDA, M. A.; ARUS, P.; NUEZ, F.; MONFORTE, A. J.; PICÓ, M. B.; GARCIA-MAS, J. A set of EST-SNPs for map saturation and cultivar identification in melon. **BMC Plant Biology**, v. 9, p. 90-99, 2009.

DÍAZ, A.; FERGANI, M.; FORMISANO, G.; ZIARSOLO, P.; BLANCA, J.; FEI, Z.; STAUB, J. E.; ZALAPA, J. E.; CUEVAS, H. E.; DACE, G.; OLIVER, M.; BOISSOT, N.; DOGIMONT, C.; PITRAT, M.; HOFSTEDE, R.; VAN KOERT, P.; HAREL-BEJA, R.; TZURI, G.;

PORTNOY, V.; COHEN, S.; SCHAFFER, A.; KATZIR, N.; XU, Y.; ZHANG, H.; FUKINO, N.; MATSUMOTO, S.; GARCIA-MAS, J.; MONFORTE, A. J. 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. 111-124, 2011.

DHILLON, N. P. S.; RANJANA, R.; SINGH, K.; EDUARDO, I.; MONFORTE, A. J.; PITRAT, M.; DHILLON, N. K.; SINGH, P. P. Diversity among landraces of Indian snapmelon (*Cucumis melo* var. *momordica*). **Genet Resour Crop Evol.**, v. 54, p. 1267–1283, 2007.

DHILLON, N. P. S.; MONFORTE, A. J.; PITRAT, M.; PANDEY, S.; SINGH KUMAR, P.; REITSMA, K. R.; GARCIA-MAS, J.; SHARMA, A.; MCCREIGHT, J. D. Melon landraces of India: contributions and importance. **Plant Breeding Reviews**, v. 35, p. 85-150, 2012.

EDUARDO, I.; ARUS, P.; MONFORTE, A. J.; OBANDO, J.; FERNANDEZ-TRUJILLO, J. P.; MARTINEZ, J. A.; ALARCON, A. L.; ALVAREZ, J. M.; VAN DER KNAAP, E. Estimating the genetic architecture of fruit quality traits in melon using a genomic library of near isogenic lines. **J Am Soc Hortic Sci**, v. 132, p. 80-89, 2007.

ESTERAS, C.; NUEZ, F.; PICÓ, B. Genetic diversity studies in Cucurbits using molecular tools. In: WANG, Y.; BEHERA, T. K. (org.). **Cucurbits: genetics, genomics and breeding of cucurbits**. New Hampshire: Science Publishers Inc, Enfield, 2012. p. 140-198.

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

FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M.; REIS JUNIOR, F. B. **Biotecnologia: Estado da arte e aplicações na agropecuária**. 1. Ed. Planaltina-DF: Embrapa Cerrados, 2011. 730 p.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION. **Base de Dados Agrícolas de FAOSTAT – Cultivos primários**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/567/default.aspx>>. Acesso em: 14 fev. 2015.

FERNANDEZ-SILVA, I.; EDUARDO, I.; BLANCA, J.; ESTERAS, C.; PICO, B.; NUEZ, F.; ARUS, P.; GARCIA-MAS, J.; MONFORTE, A. J. Bin mapping of genomic and EST-derived SSRs in melon (*Cucumis melo* L.). **Theor Appl Genet**, v. 118, p. 139-150, 2008.

FERNANDEZ-SILVA, I.; MORENO, E.; EDUARDO, I.; ARUS, P.; ALVAREZ, J. M.; MONFORTE, A. J. On the genetic control of heterosis for fruit shape in melon (*Cucumis melo* L.) **J. Hered**, v. 100, p. 229–235, 2009.

FERNANDEZ-SILVA, I.; MORENO, E.; ESSAFI, A.; FERGANY, M.; GARCIA-MAS, J.; MARTÍN-HERNANDEZ, A. M.; ÁLVAREZ, J. M.; MONFORTE, A. J. Shaping melons:

agronomic and genetic characterization of QTLs that modify melon fruit morphology. **Theor Appl Genet**, v. 121, p. 931–940, 2010.

FERNANDEZ-TRUJILLO, J. P.; PICÓ, B.; GARCIA-MAS, J.; ÁLVAREZ, J. M.; MONFORTE, A. J. Breeding for fruit quality in melón. In: JENKS, M. A.; BEBELI, P. J. (org.). **Breeding for fruit quality**. Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, Inc., 261–278, 2011.

FERNÁNDEZ-TRUJILLO, J. P.; LESTER, G. E.; DOS-SANTOS, N.; MARTÍNEZ, J. A.; ESTEVA, J.; JIFON, J. L.; VARÓ, P. Pre and Postharvest Muskmelon Fruit Cracking: Causes and Potential Remedies **HortTechnology**, 261–278, v. 23, n. 3, p. 266-275, 2013.

FUKINO, N.; YOSHIOKA, Y.; KUBO, N.; HIRAI, M.; SUGIYAMA, M.; SAKATA, Y.; MATSUMOTO, S. Identification of QTLs for resistance to powdery mildew and SSR markers diagnostic for powdery mildew resistance genes in melon (*Cucumis melo* L.). **Theor Appl Genet**, v. 118, p. 165-175, 2008.

GARCIA-MAS, J.; BENJAK, A.; SANSEVERINO, W.; BOURGEOIS, M.; MIR, G.; MIR, S.; GONZÁLEZ, V. M.; HÉNAFF, E.; CÂMARA, F.; COZZUTO, L.; LOWY, E.; ALIOTO, T.; CAPELLA-GUTIÉRREZ, S.; BLANCA, J.; CAÑIZARES, J.; ZIARSOLO, P.; GONZALEZ-IBEAS, D.; RODRÍGUEZ-MORENO, L.; DROEGE, M.; DU, L.; ALVAREZ-TEJADO, M.; LORENTE-GALDOS, B.; MELÉ, M.; YANG, L.; WENG, Y.; NAVARRO, A.; MARQUES-BONET, T.; ARANDA, M. A.; NUEZ, F.; PICÓ, B.; GABALDÓN, T.; ROMA, G.; GUIGÓ, R.; CASACUBERTA, J. M.; ARÚS, P.; PUIGDOMÈNECH, P. The genome of melon (*Cucumis melo* L.). **Proc Natl Acad Sci USA**, v. 109, p. 11872–11877, 2012.

GIBERT, C.; CHADOEUF, J.; VERCAMBRE, G.; GÉNARD, M.; LESCOURRET, F. Cuticular cracking on nectarine fruit surface: spatial distribution and development in relation to irrigation and thinning. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 132, p. 583-591. 2007

GONZALO, M. J.; OLIVER, M.; GARCIA-MAS, J.; MONFORT, A.; DOLCET-SANJUAN, R.; KATZIR, N.; ARUS, P.; MONFORTE, A. J. Simple-sequence repeat markers used in merging linkage maps of melon (*Cucumis melo* L.). **Theor Appl Genet**, v. 110, p. 802-811, 2005.

GURGEL, F. L. **Adaptabilidade e avaliação qualitativa de híbridos de melão amarelo**. 2000. 48p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Mossoró, Mossoró, RN, 2000.

HARKER, F. R.; LAU, K.; GUNSON, F. A. Juiciness of fresh fruit: A time intensity study. **Postharvest Biol. Technol**, v. 29, p. 55-60, 2003.

HAREL-BEJA, R.; TZURI, G.; PORTNOY, V.; LOTAN-POMPAN, M.; LEV, S.; COHEN, S.; DAI, N.; YESELSON, L.; MEIR, A.; LIBHABER, S. E.; AVISAR, E.; MELAME, T.; VAN KOERT, P.; VERBAKEL, H.; HOFSTEDE, R.; VOLPIN, H.; OLIVER, M.; FOUGEDOIRE,

A.; STALH, C.; FAUVE, J.; COPES, B.; FEI, Z.; GIOVANNONI, J.; ORI, N.; LEWINSOHN, E.; SHERMAN, A.; BURGER, J.; TADMOR, Y.; SCHAUER A. A.; KATZIR, N. A genetic map of melon highly enriched with fruit quality QTL and EST markers, including sugar and carotenoid metabolism genes. **Theor Appl Genet**, v. 121, p. 511-533, 2010.

IBGE, INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA, Produção Agrícola Municipal, 2013, Rio de Janeiro: IBGE, 2014.

JEFFREY, C. A review of the Cucurbitaceae. **Bot. J. Linn. Soc.**, v. 81, p. 233–247, 1980.

JETT, L. W. 2005. High tunnel melon production. Univ. of Missouri Extension Publication M173.

JONH, K. J.; SCARIAH, S.; NISSAR, V. A. M.; LATHA, M.; GOPALAKRISHNAN, S.; YADAV, S. R.; BHAT, K. V. On the occurrence, distribution, taxonomy and gene pool relationship of *cucumis callosus* (Rottler) Cogn., the wild progenitor of *cucumis melo* L. from India. **Genetics Resources Crop Evolution**, v. 59, p. 1-10, 2012.

KADER, A. A. **Postharvest technology of horticultural crops**. 3. ed. Oakland: University of California: Agriculture and Natural Resources, 2002. 580p.

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.

KATZIR, E.; LAGUNES, P. M.; RIOV, J.; WEISS, D.; GOLDSCHMIDT, E. E. Molecular and physiological evidence suggests the existence of a system II-like pathway of ethylene production in non-climacteric Citrus fruit. **Planta**, Berlin, v. 219, n. 2, p. 243-252, 2004.

KATZIR, N.; HAREL-BEJA, R.; PORTNOY, V.; TZURI, G.; KOREN, E.; LEV, S.; BAR, E.; TADMOR, Y.; BURGER, Y.; LEWINSOHN, E.; FEI, Z.; GIOVANNONI, J. J.; SCHAFFER, A. A. Melon fruit quality: A genomic approach. Cucurbitaceae 2008, Proceedings of the IXth EUCARPIA meeting on genetics and breeding of Cucurbitaceae (Pitrat M, ed), INRA, Avignon (France), May 21-24th, 2008.

KERJE, T.; GRUM, M. The origin of melon, *Cucumis melo*: a review of the literature. **Acta Hort**, v. 510, p. 37-44, 2000.

LIPPERT, F. L.; LEGG, P. D. Diallel analysis for yield and maturity characteristics in muskmelon cultivars. **Journal American Society Horticulture Science**, Alexandria, v. 97, n. 1, p. 87-90, 1972.

LUAN, F.; DELANNAY, I.; STAUB, J. E. Chinese melon (*Cucumis melo* L.) diversity analyses provide strategies for germplasm curation, genetic improvement, and evidentiary support of domestication patterns. **Euphytica**, v. 164, p. 445–461, 2008.

LUAN, F.; SHENG, Y.; WANG, Y.; STAUB, J. E. Performance of melon hybrids derived from parents of diverse geographic Origins. **Euphytica**, Wageningen, v. 173, n. 1, p. 1-16, 2010.

MARTINEZ, J. A.; JOWKAR, M. M.; OBANDO-ULLOA, J. M.; VARÓ, P.; MORENO, E.; MONFORTE, A. J.; FERNÁNDEZ-TRUJILLO, J. P. Uncommon disorders and decay in near-isogenic lines of melon and reference cultivars. **Horticultura Brasileira**, v. 27, p. 505-514. 2009.

MEDEIROS, D. C.; MEDEIROS, J. F.; PEREIRA, F. A. L.; SOUZA, R. O.; SOUZA, P. A. Produção e qualidade de melão Cantaloupe cultivado com água de diferentes níveis de salinidade. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 24, n. 1, p. 92- 98, jan.-mar. 2011.

MELO, D. R. M. **Avaliação de acessos e controle genético de sólidos solúveis em frutos de meloeiro**. 2010. 78f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia: Melhoramento genético) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, 2010.

MENEZES, J. B.; CHITARRA, A. B.; CHITARRA, M. I. F.; BICALHO, U. O. Modificações dos componentes de parede celular de melão tipo Gália durante a maturação. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, v. 17, n. 3, p. 301-308, 1997.

MENEZES, J. B.; CASTRO, E. B.; PRAÇA, E. F.; GRANGEIRO, L. C.; COSTA, L. B. A. Efeito do tempo de insolação pós-colheita sobre a qualidade do melão amarelo. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 16, n. 1, p. 80-81, 1998.

MONFORTE, A. J.; GARCIA-MAS, J.; ARÚS, P. Genetic variability in melon based on microsatellite variation. **Plant Breed.**, v. 122, p. 153–157, 2003.

MONFORTE, A. J.; OLIVER, M.; GONZALO, M. J.; ALVAREZ, J. M. Dolcet-Sanjuan R, Arus P: Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.). **Theor Appl Genet**, v. 108, p. 750-758, 2004.

MONFORTE, A. J.; EDUARDO, I.; ABAD, S.; ARUS, P. Inheritance mode of fruit traits in melon: heterosis for fruit shape and its correlation with genetic distance. **Euphytica**, v. 144, p. 31–38, 2005.

MORENO, E.; OBANDO, J. M.; DOS-SANTOS, N.; FERNANDEZ-TRUJILLO, J. P.; MONFORTE, A. J.; GARCIA-MAS, J. Candidate genes and QTL for fruit ripening and softening in melon. **Theor Appl Genet**, v. 116, p. 589-602, 2008.

MUNGER, H. M.; ROBINSON, R. W. Nomenclature of *Cucumis melo* L. **Cucurbit Genet Coop Rpt.**, v. 14, p. 43–44, 1991.

NAUDIN, C. V. Essais d'une monographie des espèces et des variétés du genre *Cucumis*. **Ann Sci Nat Bot Sér**, n. 4, v. 11, p. 5-87, 1859.

NESOM, G. L. Toward consistency of taxonomic rank in wild/domesticated Cucurbitaceae. **Phytoneuron**, v. 13, p. 1-33, 2011.

NUNES, G. H. S.; BARROS, A. K. A.; QUEIRÓZ, M. A.; SILVA, R. A.; LIMA, L. L. Correlações entre características de meloeiro. **Caatinga**, Mossoró, v. 21, p. 107-112, 2008.

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**, Brasília, v. 23, n. 1, p. 90-94, 2005.

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

OBANDO-ULLOA, J. M.; EDUARDO, I.; MONFORTE, A. J.; FERNANDEZ-TRUJILLO, J. P. Identification of QTL related to sugar and organic acid composition in melon using near-isogenic lines. **Sci Hortic**, v. 121, p. 425-433, 2009.

PADUAN, M. T.; CAMPOS, R. P.; CLEMENTE, E. Qualidade dos frutos de tipos de melão, produzidos em ambiente protegido. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, SP, v. 29, n. 3, 2007.

PANGALO, K. J. Critical review of the main literature on the taxonomy, geography and origin of cultivated and partially wild melons. **Trudy Prikl. Bot.**, v. 23, p. 397-442, 1929.

PANDEY, S.; DHILLON, N. P. S.; SUREJA, A. K.; SINGH, D.; MALIK, A. A. Hybridization for increased yield and nutritional content of snake melon (*Cucumis melo* L. var. *flexuosus*) **Plant Genetic Resources**, v. 8, p. 127-131, 2010.

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 3 elite US Western Shipping germplasm. **Mol Breeding**, v. 22, p. 405-419, 2008.

PAIVA, W. O.; NETO, H. S.; LOPES, A. G. S. Avaliação de linhagens de melão. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 18, n. 2, p. 109-114, 2000.

PEREIRA, A. J. **Produção e qualidade de melão Amarelo submetido a pulverização com duas fontes de cálcio**. 1997. 46p. Dissertação (Mestrado em Ciência dos Alimentos) – Universidade Federal de Lavras, 1997.

PERIN, C.; GOMEZ-JIMENEZ, M.; HAGEN, L.; DOGIMONT, C.; PECH, J. C.; LATCHE, A.; PITRAT, M.; LELIEVRE, J. M. Molecular and genetic characterization of a non-climacteric phenotype in melon reveals two loci conferring altered ethylene response in fruit. **Plant Physiol**, v. 129, p. 300-309, 2002.

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.). **Mol Genet Genom**, v. 266, p. 933-941, 2002a.

PERKEL, J. SNP genotyping: Six technologies that keyed a revolution. **Nature Methods**, v. 5, p. 447-453, 2008.

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

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.

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

RAGHAMI, M.; LÓPEZ-SESÉ, A. I.; HASANDOKHT, M. R.; ZAMANI, Z.; MOGHADAM, M. R. F.; KASHI, A. Genetic diversity among melon accessions from Iran and their relationships with melon germplasm of diverse origins using microsatellite markers. **Plant. Syst. Evol.**, v. 300, p. 139-151, 2014.

RAMALHO, M. A. P; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. Genética na Agropecuária. 5ª ed., Lavras-MG: Ed.UFLA, 2012, 566p.

RITSCHER, P. S.; LINS, T. C. L.; TRISTAN, R. L.; BUSO, G. S. C.; BUSO, A.; FERREIRA, M. E. Development of microsatellite markers from an enriched genomic library for genetic analysis of melon *Cucumis melo* L. Br. Med. Chem. **Plant Biol.**, n. 14, p. 1-14, 2004.

RIZZO, A. A. N.; BRAZ, L. T. Características de cultivares de melão rendilhado cultivadas em casa de vegetação. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 19, n. 3, p. 370-373, 2001.

ROBINSON, R. W.; DECKER-WALTER, D. S. **Cucurbits**. New York: CAB International, 1997, 225 p.

ROCHA, R. H. C.; SILVA, E. O. S.; SALOMÃO, L. C. C.; VENTRELLA, M. C. Caracterização morfoanatômica do melão gália no ponto de colheita. **Rev. Bras. Frutic.**, Jaboticabal - SP, v. 32, n. 2, p. 375-385, jun. 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.

SEBASTIAN, P. H.; SCHAEFER, P.; TELFORD, I. R. H.; RENNER, S. S. Cucumber and melon have numerous wild relatives in Asia and Australia and the sister species of melon is from Australia. **Proc. Natl. Acad. Sci.**, v. 107, p. 14269–14273, 2010.

SALES JÚNIOR, R.; NUNES, G. H. S.; MICHEREFF, S. J.; PEREIRA, E. W. L.; GUIMARÃES, I. M. Reaction of families and lines of melon to powdery mildew. **Horticultura Brasileira**, v. 29, n. 3, p. 382-386, 2011.

SANTOS, H. P. **Influência da sanificação sobre a qualidade de melão Amarelo (Cucumis melo L.) minimamente processado**. 2003, 80p. Dissertação (Mestrado em Ciência dos Alimentos) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2003.

SCHUSTER, I.; CRUZ, C. D. **Estatística genômica aplicada a populações derivadas de cruzamentos controlados**. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 2008. 568 p.

SILVA, F. N.; MAIA, S. S. S.; AQUINO, B. F.; HERNANDEZ, F. F. F. Rendimento de melão-amarelo em resposta à aplicação de diferentes fontes e doses de fósforo. **Revista Verde**, Cataguases, v. 5, n. 2, p. 213-221, 2010.

SILVA, J. R.; NUNES, G. H. S. Interação genótipo x ambiente em melancia no estado do Rio Grande do Norte. **Revista Caatinga**, v. 21, p. 95-100, 2008.

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.

SOUSA, V. F.; RODRIGUES, B. H. N.; ATHAYDE SOBRINHO, C.; COELHO, E. F.; VIANA, F. M. P.; SILVA, P. H. S. Cultivo do meloeiro sob fertirrigação por gotejamento no Meio-Norte do Brasil. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 1999. 68p. (Embrapa Meio-Norte. Circular Técnica, 21).

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

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

TANKSLEY, S. D. Mapping poligenes. **Annual Review of Genetics**, London, v. 27, p. 205-233, 1993.

ZALAPA, J. E.; STAUB, J. E.; MCCREIGHT, J. D. Generation means analysis of plant architectural traits and fruit yield in melon. **Plant Breed**, v. 125, p. 482–487, 2006.

YAMAGUCHI, M.; HUGHES, D. L.; YABUMOTO, K.; JENNINGS, W. C. Quality of cantaloupes: variability and attributes. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 6, p. 59-70, 1977.

CAPÍTULO I

Identificação de QTLs relacionados à qualidade de frutos de meloeiro

RESUMO

A identificação de marcadores moleculares ligados a genes controladores de características quantitativas (QTLs) no meloeiro pode auxiliar os programas de melhoramento, aumentando sua eficiência e agilidade. Desse modo, esse trabalho teve como objetivo identificar, em dois anos de avaliação, marcadores SSR ligados aos locos gênicos (QTLs) controladores de seis caracteres relacionados à qualidade de frutos do meloeiro. Foram avaliadas 100 famílias $F_{2:3}$ do cruzamento entre os genitores ‘Hales Best Jumbo’ (HBJ), tipo *cantalupensis* e ‘MR-1’, tipo *momordica*, nos anos de 2013 e 2014 em época tradicional de cultivo do meloeiro (julho a outubro), em Mossoró, RN. Para a avaliação fenotípica das famílias, foram conduzidos dois experimentos, nos quais foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com três repetições. Cada parcela foi constituída por uma linha com cinco plantas, com espaçamento de 2,0 m entre as linhas e 0,3 m entre plantas. Foram avaliadas as características peso médio do fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza da polpa, sólidos solúveis e porcentagem de rachadura do fruto. Para genotipagem, foram extraídos DNAs da F_2 , e feita análise com marcador microssatélites. Foi possível identificar marcadores moleculares estáveis ligados a caracteres de qualidade de fruto, pelo processo de regressão múltipla. Foram identificados marcadores associados aos caracteres peso médio do fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza da polpa, sólidos solúveis e porcentagem de rachadura do fruto. Os marcadores CMMS22-2, CMCTN4 e CMMS4-3 foram os mais estáveis nas duas avaliações e são os mais promissores para seleção assistida, visando ao melhoramento da qualidade de melão.

Palavras-chaves: *Cucumis melo* L, marcadores SSR, regressão múltipla, interação genótipos x ambientes.

ABSTRACT

The identification of molecular markers linked to genes controlling quantitative traits (QTL) in melon can assist breeding programs, increasing their efficiency and agility. Based on this, we carried out this study aiming to identify, in two assessments, SSR markers linked to gene loci (QTLs) controlling six characters related to quality of melon. We evaluated 100 F_{2:3} families from crossing between 'Hales Best Jumbo' (HBJ) and 'MR-1'. These lines were evaluated in 2013 and 2014 in traditional growing season melon (July-October), in Mossoró, Brazil. For the phenotypic evaluation of the families, two experiments were carried out in randomized block design with three replications. Each plot consisted of a line with five plants, spaced 2.0 m between rows and 0.3 m between plants. The characteristics average fruit weight were evaluated, shape index, flesh thickness, flesh firmness, soluble solids and percentage of fruit cracking. From the results, the identification of stable molecular markers linked to quality traits of melon fruit through multiple regression procedure was possible. Using multiple regression process, we identified markers associated to the average fruit weight characters, shape index, flesh thickness, firmness, soluble solids and percentage of fruit cracking. The CMMS22-2, CMCTN4 and CMMS4-3 markers were the most stable in both evaluations. The CMGAN3 markers, CMAGN33, CMSTN4, CMMS4-3, CMMS22-2 were those who stood out as the most promising for assisted selection, intended to improve the melon quality.

Keywords: *Cucumis melo* L, SSR markers, multiple regression, genotype x environment interaction, deviance.

1 INTRODUÇÃO

O meloeiro (*Cucumis melo* L) é uma das principais cucurbitáceas cultivadas no mundo. A produção brasileira está concentrada na região semiárida cujas características climáticas predominantes são: elevadas temperaturas durante todo o ano (27-35°C), baixa precipitação pluviométrica (< 600 mm ano⁻¹) e alta luminosidade (> 3.000 horas/ano) (NUNES et al., 2011a). As referidas condições climáticas são favoráveis ao crescimento e desenvolvimento da cultura e, associadas ao alto investimento do setor produtivo, proporcionaram uma posição de destaque dos estados do Ceará e do Rio Grande do Norte, com mais de 95% da produção brasileira nos últimos anos (IBGE, 2014).

Frutos são componentes essenciais na dieta alimentar humana. Por este motivo, o melhoramento da qualidade do fruto é um dos objetivos principais no melhoramento genético de muitas culturas. No caso do meloeiro, historicamente, os programas de melhoramento têm privilegiado as características de resistência às doenças, produção e qualidade do fruto, principalmente para maior conteúdo de açúcares e, conseqüentemente, do teor de sólidos solúveis totais.

Em melão, o termo qualidade está relacionado a diferentes fatores, dependendo do mercado consumidor, sendo as características mais estudadas a firmeza da polpa, o teor de sólidos solúveis. A avaliação subjetiva relacionada à aparência (externa e interna), ao conteúdo de açúcares solúveis (reduzidos, não-reduzidos e totais), bem como à perda de peso (MENEZES et al., 2001). Contudo, McCreight et al. (1993) dividem a qualidade do melão em quatro categorias: produção, aparência, polpa e conservação.

Geralmente, os caracteres mais importantes relacionados à qualidade do fruto, como peso médio, formato do fruto, espessura da polpa, firmeza da polpa e sólidos solúveis têm herança poligênica e forte influência ambiental (EDUARDO et al., 2007; FERNANDEZ-SILVA et al., 2008). De todo modo, os pesquisadores devem buscar ferramentas que proporcionem maior eficiência nos processos seletivos, reduzindo recursos, tempo e mão de obra.

As ferramentas biotecnológicas, em especial os marcadores de DNA, são úteis para o estudo da arquitetura dos caracteres quantitativos. Dentre os marcadores genéticos, os microsatélites (*Single Sequence Repeated* - SSR) têm características como alto polimorfismo, reprodutibilidade e fácil implementação, que o recomendam para vários tipos de estudos, como diversidade genética, identificação de cultivares, pureza genética, mapeamento genético e identificação de QTLs para promover a seleção assistida ou clonagem de genes de interesse econômico (COLLARD et al., 2005).

A análise de locos de características quantitativas (QTL - *Quantitative Trait Loci*) é utilizada para detectar regiões do genoma envolvidas na expressão de características quantitativas (TANKSLEY, 1993). Nesse sentido, alguns trabalhos utilizando vários tipos de marcadores de DNA identificaram QTLs de efeitos maiores e estáveis associados a caracteres de qualidade dos frutos de meloeiro (PERIN et al., 2002; MONFORTE et al., 2004; EDUARDO et al., 2007; ZALAPA et al., 2007; MORENO et al., 2008; PARIS et al., 2008; OBANDO-ULLOA et al., 2009; HAREL-BEJA et al., 2010; DÍAZ et al., 2011). Nesses trabalhos, os caracteres estudados variaram de atributos externos do fruto, como peso, forma, rendimento a atributos internos como sólidos solúveis, cavidade interna, firmeza da polpa, pH e acidez, bem como características bioquímicas, como produção de etileno.

Não obstante, não foram desenvolvidos estudos para identificar marcadores de DNA associados a caracteres de qualidade e, por consequência, informações sobre o efeito dos possíveis QTL e de sua interação com ambientes nas condições do Semiárido brasileiro não existem. Também não há relatos na literatura de estudos genéticos envolvendo a rachadura do fruto de melão, embora existam genótipos com esse fenótipo indesejável. Portanto, esse trabalho tem como objetivo de identificar marcadores microssatélites associados a QTLs de características de qualidade do fruto de meloeiro.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Germoplasma

Foram avaliadas 100 famílias $F_{2:3}$ oriundas do cruzamento entre as linhagens ‘MR-1’ e Hales Best Jumbo (HBJ). A linhagem MR-1 foi desenvolvida nos Estados Unidos a partir de um acesso de origem indiana, denominado PI 124111. É do grupo *momordica*, seus frutos são oblongos ou achatados, possui coloração de casca amarela com nervuras verde-escuras e polpa creme, caracterizando-se principalmente por possuir dois genes de efeitos complementares, denominados *Pc-1* e *Pc-2*, que conferem resistência a *Pseudoperonospora cubensis*, agente causal do míldio (THOMAS, 1996) (Figura 2). Os frutos possuem baixa qualidade, de vez que têm baixo valor de sólidos solúveis, baixa firmeza e espessura de mesocarpo, apresentando rachadura em sua casca. A linhagem Hale’s Best Jumbo (HBJ) foi desenvolvida por retrocruzamento em ID Hale na Califórnia, em 1923. É do grupo *cantalupensis*, seus frutos são ovais, possui casca rendilhada e polpa salmão bem aromática, espessa e firme, com alto valor de sólidos solúveis e não apresenta rachadura na casca (Figura 2).

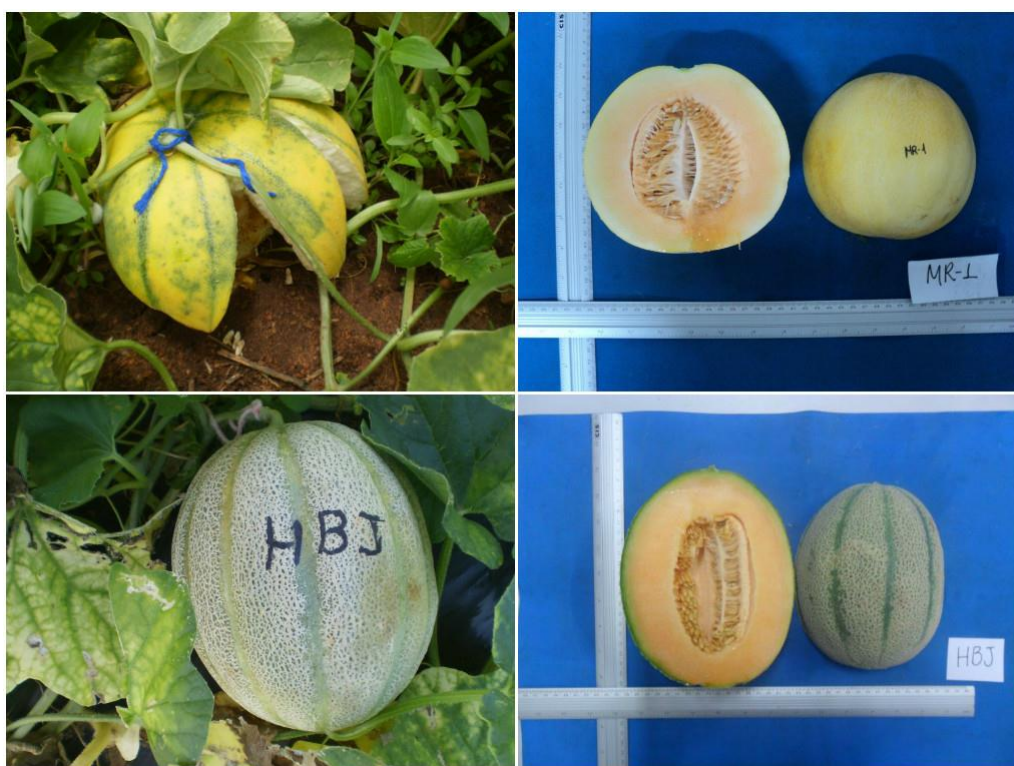


Figura 2 - -Genitores utilizados, ‘MR-1’ e ‘Hales Best Jumb’ (HBJ). Mossoró-RN, 2015.

2.2 Fenotipagem das famílias F_{2:3}

Os experimentos foram conduzidos na horta didática do Departamento de Ciências Vegetais da Universidade Federal Rural do Semi-Árido. No período de dezembro de 2011 a março de 2012, as linhagens foram cruzadas, obtendo-se a geração F₁. De abril a julho de 2012, foram realizadas autofecundações para obter a geração F₂ e nos meses de agosto a novembro para obter a geração F_{2:3}. Os experimentos para avaliação dos frutos se deram nos períodos de julho a outubro de 2013 e 2014. Os valores médios da temperatura máxima, temperatura mínima, umidade relativa do ar máxima, umidade relativa do ar mínima e precipitação pluviométrica durante o período de realização do trabalho encontram-se na Tabela 1.

Tabela 1 - Médias das variáveis climáticas durante o período de realização dos dois experimentos. Mossoró-RN, 2015.

Ano	T _{max} (°C)	T _{min} (°C)	UR _{Max} (%)	UR _{min} (%)	PP (mm)
2013	32	23	81	43	0
2014	32	23	77	43	10

T_{max}: temperatura máxima; T_{min}: temperatura mínima; UR: Umidade relativa; PP: precipitação pluviométrica. Dados: INMET, 2015.

O preparo do solo constou de uma aração e uma gradagem, seguida de sulcamento em linhas, espaçadas de 2,0 m com profundidade de aproximadamente 20 cm, onde foi realizada a adubação de fundação, utilizando-se 6,0 t ha⁻¹ de esterco bovino e 120 kg ha⁻¹ de P₂O₅. Os adubos foram aplicados nos sulcos de plantio e incorporados com enxada manual. Após a mistura do adubo na linha de plantio, foram estendidas manualmente as mangueiras e colocou-se o *mulching* preto/prata com 1,0 metro de largura. A irrigação foi realizada com uso de mangueiras com gotejadores de 1,6 L hora⁻¹ de vazão. A nutrição foi feita com base em diferentes concentrações da solução nutritiva proposta por Furlani (1999). O espaçamento adotado foi de 2,0 metros entre linhas e 0,3 m entre plantas.

As sementes das 100 famílias F_{2:3}, dos genitores ‘MR-1’ e Hales Best Jumbo e da geração F₁ foram colocadas uma por célula em bandejas de polietileno com 200 células, contendo substrato comercial, onde permaneceu por 15 dias. O transplantio foi realizado quando as mudas apresentavam a primeira folha definitiva expandida.

As colheitas foram realizadas manualmente no período de 16/09 a 11/10/2013 e 27/09 a 24/10 de 2014. Os frutos foram retirados das plantas com auxílio de canivetes, identificados com marcadores permanentes e transportados para o laboratório de pós-colheita para avaliação dos caracteres estudados.

Foram avaliados os seguintes caracteres: Peso Médio do Fruto (PMF), obtido pela razão de todos os frutos da parcela pelo número de frutos colhidos, em kg; Espessura da polpa (EP): medido na região equatorial, após seccionar o fruto no sentido longitudinal); Índice de Formato (IF): razão Comprimento/Diâmetro de fruto, medida na região seccionada (LOPES, 1982); Firmeza da polpa (FP): o fruto foi seccionado longitudinalmente, e em cada metade foi medida a resistência por meio de um penetrômetro com ponteira de 8 mm de diâmetro, na região mediana comestível de cada parte do fruto (duas leituras por fruto em regiões diferentes), equidistante em relação ao comprimento e à espessura do mesocarpo. Valor dado em libras e transformado em Newton, multiplicando-o por 4,4482, expresso em Newton (N); Sólidos solúveis (SS): determinado por meio de refratômetro digital modelo PR-100 Paletti, com compensação automática de temperatura, obtido pela retirada de uma fatia de cada um dos frutos, cortada longitudinalmente e retiradas algumas gotas para que fossem feitas duas leituras, por meio das quais se encontrou o valor médio do fruto, expresso em percentagem de °Brix; e porcentagem de rachadura do fruto medido pela razão de frutos com rachadura pelo número total de frutos, em percentagem.

2.3 Genotipagem das famílias F_{2:3}

2.3.1 Extração de DNA

O DNA genômico das plantas foi extraído pelo método CTAB (DOYLE; DOYLE, 1987), com mínimas modificações. Brevemente, às amostras maceradas de tecido foliar foi adicionado tampão de extração (1% CTAB; 50 mM Tris pH 8,0; 10 mM EDTA; 0,7 M NaCl; 0,1 %, 2-β mercaptoetanol) e a suspensão resultante foi extraída consecutivamente em clorofórmio: álcool iso-amílico (24:1). Ao sobrenadante, foi adicionado isopropanol. Os *pellets* foram lavados duas vezes com etanol 70% e em seguida em 1 mL de etanol absoluto durante dois a três minutos. O DNA foi seco e ressuspendido em T.E. (Tris 10mM, EDTA 1mM). A quantificação do DNA foi realizada em Nanodrop.

2.3.2. Marcadores microsatélites

O critério utilizado para seleção e escolha dos marcadores foi seu posicionamento nos 12 grupos de ligação. Os 70 marcadores microsatélites (Apêndice 1) foram selecionados a partir de trabalhos (PERIN et al., 2002; MONFORTE et al., 2004; EDUARDO et al., 2007; MORENO et al., 2008; PARIS et al., 2008; OBANDO-ULLOA et al., 2009; HAREL-BEJA et al., 2010; DOGIMONT, 2010-2011; DÍAZ et al., 2011) que observaram características relacionadas à qualidade de fruto utilizando marcadores SSR. As reações de amplificação foram

feitas em um volume total de 25 μ L, contendo 1x de tampão sem $MgCl_2$, 2,5 mM de $MgCl_2$ (50mM), 2,5mM de cada dNTP (10mM), 0,2 μ M de cada um dos diferentes *primers* (10 μ M) SSR, 0,75U de Taq DNA polimerase (5U/ μ l) e, aproximadamente, 10 ng de DNA. As amplificações foram realizadas em termociclador de acordo com o seguinte programa: 96°C por 4 min + 30 ciclos de 96°C por 30 seg, 53°C por 0:45 min, 72°C por 1 min, extensão final de 72°C por 5 min e redução a 10°C. Após a reação, foram adicionados 10 μ l de solução contendo 0,05% de azul de bromofenol, 0,05% de xileno cianol, EDTA 10mM e formamida 95%. Os fragmentos amplificados foram separados em eletroforese vertical em gel de poliacrilamida 6%, corados com nitrato de prata conforme Creste et al. (2003). O padrão de peso molecular de 50pb foi utilizado para identificar os pares de bases dos fragmentos amplificados.

2.4 Análises estatísticas

2.4.1 Fenotipagem das famílias F_{2:3}

Para avaliar o efeito da interação G x E, foi utilizado o modelo estatístico 54 do software Selegen-Reml/Blup (Resende, 2007), correspondente a $y = Xb + Zg + Wc + e$, em que y, b, g, c, e correspondem, respectivamente, aos vetores de dados de efeitos fixos (médias de blocos através dos ambientes), efeitos dos genótipos (aleatório), efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatório) e de erros aleatórios; e X, Z e W = matrizes de incidência para b, g e c, respectivamente.

A significância da diferença no ajuste dos modelos para os efeitos de famílias e da interação das famílias F_{2:3} x ambientes foi avaliada pelo Teste da Razão de Verossimilhança (LRT). O valor da LRT foi comparado à função densidade de probabilidade (Tabela de Qui-quadrado) com 1 grau de liberdade (RESENDE, 2007).

Realizou-se análise de deviance (ANADEV) (RESENDE, 2007), a qual substituiu o teste F de uma ANOVA nos casos de análise de modelos mistos. As deviances foram obtidas rodando-se o modelo com e sem os valores de h^2 (para famílias), em seguida, subtraindo-os e confrontando-os com o valor do Qui-quadrado com um grau de liberdade a 5% de probabilidade. O fator bloco foi considerado de efeito fixo.

A obtenção de estimadores e preditores em modelos mistos foi realizada por processos iterativos. Para se iniciar o processo iterativo, foi fornecido o valor inicial para h^2_g igual a 0,10, como sugerido por Resende (2007). Com o processamento, foram obtidos os resultados de componentes de variância genotípica e ambiental (V_{GEN} e V_E , respectivamente); variância fenotípica individual (V_{FEN}); herdabilidade (h^2_m); acurácia da seleção de famílias (A_{GEN}); Coeficiente de Variação genético (CV_g); Coeficiente de Variação ambiental (CV_e) e Coeficiente de Variação relativa ($CV_r = CV_g/CV_e$).

Com o objetivo de verificar a precisão experimental, procedeu-se ao cálculo da estimativa da acurácia seletiva, dada pela fórmula:

$$\hat{r}_{\hat{g}} = (1 - \text{PEV} / \sigma_g^2)^{1/2}$$

Onde, PEV: variância do erro de predição e σ_g^2 variação genotípica entre os tratamentos genéticos (RESENDE, 2002). Esta estimativa tem a função de informar sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico. A acurácia depende da proporção entre as variações de natureza genética e residual associadas ao caráter em avaliação, além do número de repetições.

2.4.4 Identificação de QTLs

Os fragmentos de DNA amplificados por cada par de *primer* foram identificados na progênie como: 1, para a banda proveniente do genitor ‘MR-1’, 2 para a banda proveniente do genitor HBJ e 0 (zero) para a progênie que possui as bandas dos dois genitores.

A regressão linear simples define uma relação linear entre a variável dependente, caracteres, e uma variável independente, marcadores. Quando se incorpora mais do que uma variável independente, tem-se a regressão linear múltipla.

A identificação foi realizada em duas etapas. Na primeira, foram considerados todos os marcadores segregantes obtidos. Nessa fase, a identificação de ligação entre QTLs e marcadores foi realizada utilizando o programa SAS[®], versão 9.2, a partir do procedimento *backward*. Por meio desse procedimento, todos os marcadores foram colocados no modelo inicialmente e o marcador de menor F e que não apresentou significância foi eliminado. Os marcadores remanescentes foram então submetidos ao mesmo processo de eliminação até que todos os marcadores do modelo apresentassem F parcial significativo (FERREIRA, 1995). Foram obtidas as estimativas de R² (coeficiente de determinação). O valor do coeficiente de determinação da regressão é a proporção da variação fenotípica da característica, explicada pelo marcador.

Nas análises de regressão, foram utilizadas as médias das características de qualidade de fruto, em cada ano, e também na conjunta, considerando todos os anos.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Fenotipagem

Apesar da utilização do CV_e como medida de precisão experimental, nos últimos anos, a acurácia tem sido bastante utilizada para avaliar a qualidade experimental (RESENDE; DUARTE, 2007). Sua vantagem é o fato de contemplar, além da magnitude do CV_e , as informações de repetição e variação genotípica. A acurácia evidencia alta precisão das inferências das médias genotípicas, pois, de acordo com Resende (2002), esta tem a propriedade de informar sobre o correto ordenamento das cultivares para fins de seleção e, também, sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico da família, sendo uma correlação entre os valores genotípicos preditos e os verdadeiros.

Tabela 2 - Deviance, média e estimativas de componentes de variância fenotípica (VFEN), genotípica (VGEN), da interação genótipos x ambiente (VGA) e residual (VE), herdabilidade média (h^2_m); acurácia seletiva (AGEN); CV genético (CVg); CV residual (CVe); coeficiente de variação relativa (CVr = CVg/CVe), $r_{g(12)}$: correlação entre os ambientes e média de famílias $F_{2:3}$ do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.

Efeito/Parâmetros	Deviance / (LTR – Qui-quadrado) – Caracteres					
	PMF	IF	EP	FP	SS	RAC
Modelo completo	7482,05	351,57	-386,54	1765,37	787,42	720,18
Genotípico	7519,11 (37,06 ^{**})	356,08 (4,51 [*])	-362,98 (23,56 ^{**})	1806,82 (41,45 ^{**})	804,81 (17,39 ^{**})	738,48 (18,3 ^{**})
G x A	7482,26 (0,21 ^{ns})	351,99 (0,42 ^{ns})	-385,91 (0,63 ^{ns})	1766,55 (1,81 ^{ns})	789,27 (1,85 ^{ns})	721,30 (1,12 ^{ns})
V_{FEN}	101950,06	0,64	0,21	8,05	1,42	532,40
V_{GEN}	30561,17	0,05	0,05	2,77	0,28	130,22
V_{GA}	1750,94	0,02	0,01	0,31	0,08	22,37
V_E (Resíduo)	69637,95	0,57	0,15	4,98	1,05	279,81
h^2_m (%)	70,99	33,84	62,46	73,74	56,72	30,12
A_{GEN}	0,84	0,58	0,79	0,86	0,75	0,55
CV_g (%)	26,13	20,70	11,6	21,75	7,64	16,12
CV_e (%)	39,43	67,32	20,75	29,17	14,71	73,95
CVr	0,66	0,31	0,56	0,75	0,52	0,22
$r_{g(12)}$	0,94 ^{**}	0,72 ^{**}	0,87 ^{**}	0,89 ^{**}	0,78 ^{**}	0,91 ^{**}
Média	669,15	1,12	1,87	7,65	6,98	10,73

PMF: Peso médio do fruto, em g; IF: índice de formato, EP: espessura da polpa, em cm; FP: firmeza da polpa, em N; SS: sólidos solúveis, em %; RAC: rachadura do fruto, em %. Valor entre parênteses corresponde ao valor da razão de verossimilhança (LTR). **, *: significância a 1% e 5%, respectivamente

pelo teste de Qui-quadrado com 1 grau de liberdade ou teste t de Student (para a correlação genética entre os ambientes). ^{ns}: não significativo.

Conforme Resende e Duarte (2007), a acurácia varia de 0 a 1, sendo que valores de acurácia de 0,9 a 1,0 indicam precisão experimental muito alta; valores de 0,7 a 0,89 indicam precisão alta; valores de 0,5 a 0,69 precisão moderada e valores de acurácia de 0,1 a 0,49 indicam precisão baixa. Assim sendo, pelos resultados da Tabela 2, as acurácias para o peso médio do fruto, espessura da polpa, firmeza da polpa e sólidos solúveis indicam precisão experimental elevada, ao passo que as acurácias para o índice de formato e rachadura do fruto indicam precisão experimental moderada.

Em qualquer ensaio de avaliação de cultivares ou seleção de genótipos superiores, é fundamental que o ensaio tenha elevada precisão. Tradicionalmente, o coeficiente de variação (CV_e) é a estatística utilizada para se verificar a qualidade experimental. As estimativas observadas no presente trabalho podem ser consideradas elevadas, indicando baixa precisão experimental, conforme a classificação sugerida por Lima et al. (2004).

A análise deviance evidenciou diferença significativa entre as famílias $F_{2:3}$ para todas as características avaliadas (Tabela 2), indicando variabilidade genética e potencial para realização da seleção. Essa variabilidade foi evidenciada pelos frutos colhidos de algumas famílias $F_{2:3}$ do cruzamento ‘HBJ’ x ‘MR-1’ avaliadas em Mossoró-RN em dois anos (Figura 3).

As estimativas de herdabilidade na média das famílias e do coeficiente de variação genética corroboram que há variabilidade genética entre as famílias (Tabela 2). A herdabilidade (h^2_m) é um dos mais importantes parâmetros para a atividade do melhorista. O referido parâmetro quantifica quanto da variação fenotípica é devida a causas genéticas. A herdabilidade varia de 0 a 1,0 e quanto maior a sua estimativa mais segurança tem o melhorista no processo seletivo. No presente trabalho, as estimativas para o peso médio do fruto, espessura da polpa e firmeza da polpa podem ser consideradas elevadas. Não há muitas estimativas de herdabilidade para as referidas características na literatura consultada. Silva et al. (2011), avaliando famílias de melão Galia em quatro municípios do Agropolo Mossoró-Assu, observaram valores de 30,22; 43,84 53,24% para o peso médio do fruto, espessura da polpa e firmeza da polpa, respectivamente. Aragão et al. (2015), avaliando famílias de meloeiro do cruzamento entre UFERSA-1, uma linhagem obtida por meio de três ciclos de autofecundação de um acesso do grupo *acidulus*, e a linhagem CNPH-5, uma linhagem elite do programa de melhoramento genético de melão da Embrapa, observaram estimativas inferiores para as três características avaliadas, fato também observado por Costa (2012) ao avaliar linhagens de melão Amarelo em quatro locais do Agropolo Mossoró-Assu. Sabe-se que a herdabilidade é um parâmetro genético relacionado à população e ao ambiente, motivo pelo qual é necessária prudência ao se fazer comparações. Um aspecto importante do presente trabalho em relação aos demais é que a

avaliação foi realizada no mesmo local e anos diferentes, diferentemente dos trabalhos citados, que contemplaram vários locais de avaliação. Associada à população, essa pode ser uma das razões para a não detecção da interação genótipos por ambientes, de vez que os experimentos foram conduzidos no mesmo tipo de solo, mesmo manejo e as médias das variáveis climáticas durante o período de realização dos dois experimentos serem próximas (Tabela 1), indicando que não houve muita variação ambiental.

Entende-se que a estimativa da herdabilidade para sólidos solúveis foi intermediária e tem magnitude semelhante àquelas observadas por Silva et al. (2011), Costa (2012) e Aragão et al. (2015). Trabalhos têm mostrado que sólidos solúveis possuem uma herança complexa, a qual envolve muitos locos e é muito influenciada pelo ambiente.

Com relação ao índice de formato e rachadura, as estimativas podem ser consideradas baixas, sugerindo forte influência ambiental (Tabela 2). Considerando que a forma do fruto dos dois genitores é diferente (Figura 2), era esperada variação genética para esta característica, como foi observado pelas estimativas da variância genética (Tabela 2) e na variação de frutos (Figura 3). Todavia, a estimativa da acurácia seletiva atesta a baixa precisão experimental decorrente também da grande variação no formato do fruto dentro das famílias. Com relação à porcentagem de rachadura, não foram encontrados relatos de estimativas de herdabilidade. Não obstante, é notório que o referido caráter é muito influenciado pelas condições ambientais, conforme relatam Fernandez-Trujillo et al. (2013).

Outra medida importante é o coeficiente de variação relativa (CV_r), dado pela relação entre o coeficiente de variação genética (CV_g) e o coeficiente de variação experimental (CV_e). O CV_g mede a quantidade de variação genética liberada, conforme afirmam Vencovsky e Barriga (1992). Para os referidos autores, a condição favorável para a seleção ocorre quando os valores de CV_r são próximos da unidade. No presente trabalho, a condição para a seleção foi favorável para o peso médio do fruto, a espessura da polpa, a firmeza da polpa e sólidos solúveis. Todavia, foi desfavorável para o índice de formato e a rachadura do fruto, corroborando com as medidas observadas para a precisão experimental (CV_e e acurácia) e variabilidade genética (V_g e h^2_m).



Figura 3 - Amostra de frutos representativos da variabilidade observada em frutos de famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.

Foi observada variação contínua e semelhante à distribuição normal, com exceção do índice de formato, com distribuição assimétrica à direita (Figura 4). Verificou-se maior porcentagem de famílias com peso médio do fruto entre 495 a 775g; para o índice de formato entre 1,0 a 1,2, apresentando, segundo Paiva et al. (2000), formatos esféricos a oblongos. A espessura da polpa variou de 1,5 a 2,8 cm; a firmeza da polpa de 4,1 a 13,2 libras; sólidos solúveis variaram de 5,1 a 12,9 °brix e a rachadura dos frutos, de 8,1 a 14,34%.

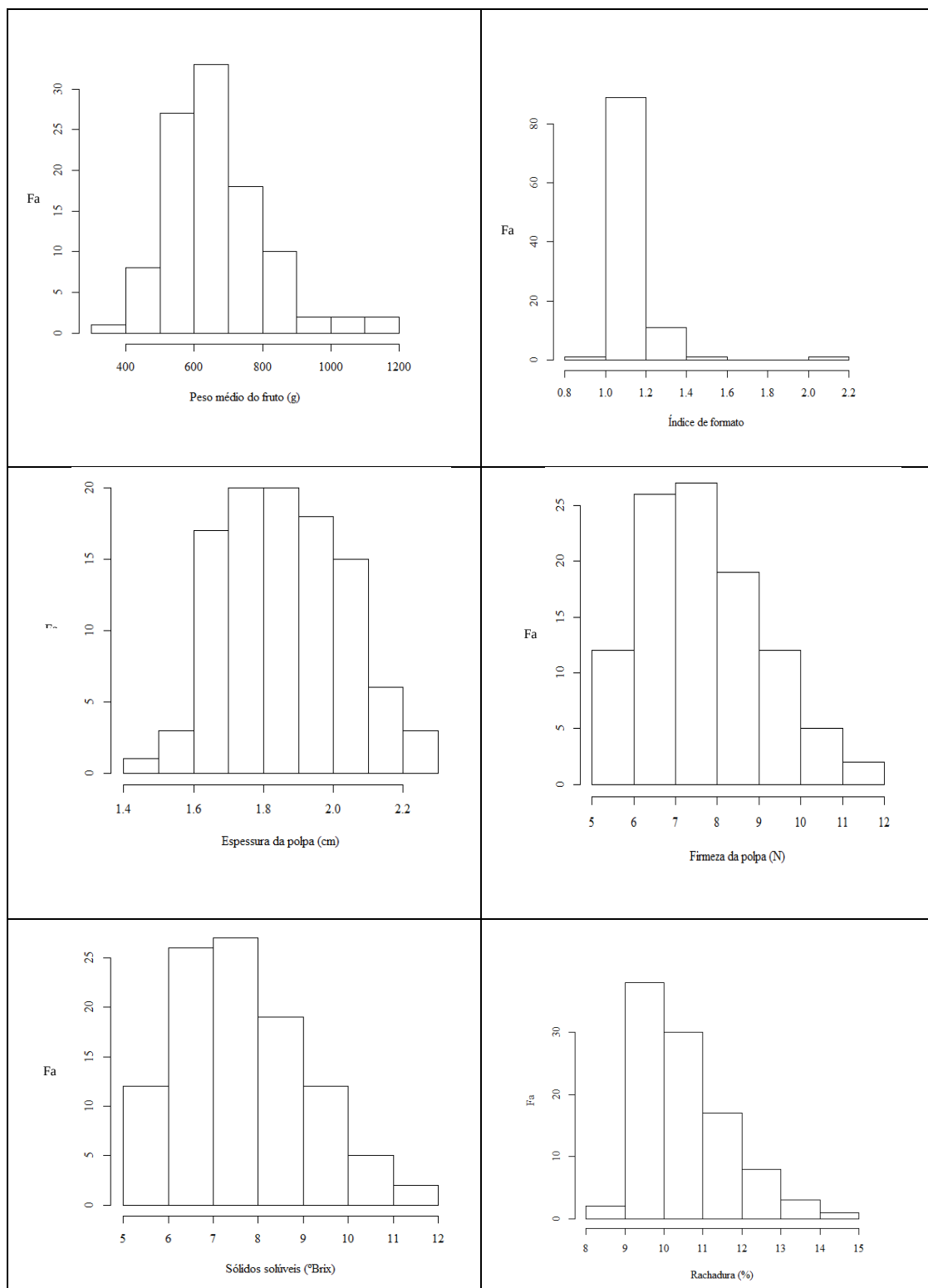


Figura 4 - Histograma com as frequências absolutas dos caracteres peso médio do fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza de polpa, sólidos solúveis e rachadura do fruto de famílias F2:3 do cruzamento ‘HBJ’ x ‘MR-1’ avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Fa: Frequência absoluta. Mossoró-RN, 2015.

Não foi detectado efeito da interação famílias por ambientes (ano) para todas as características avaliadas (Tabela 2), indicando que não houve comportamento diferencial das

famílias nos dois anos de avaliação. Este resultado não era esperado, de vez que a presença da interação genótipos por ambientes em ensaios de meloeiro tem sido fato comum nas avaliações de meloeiro no semiárido brasileiro (GURGEL et al., 2005; NUNES et al., 2006, 2011a, 2011b; SILVA et al., 2011; ARAGÃO et al., 2015).

A ausência da interação genótipos por ambientes ocorre quando a correlação entre os valores genotípicos nas duas avaliações é elevada, fato confirmado pelas elevadas e significativas ($>0,70$) estimativas para o referido parâmetro para todos os caracteres (Tabela 2). De acordo com esse estudo, a maior parte da interação para todas as características é de natureza simples, sendo, portanto, uma condição favorável para o trabalho do melhorista, seja na avaliação de cultivares ou seleção de famílias.

A interação genótipos por ambientes influencia diretamente os ganhos com a seleção, devido à falta de correlação existente entre as médias dos genótipos nos ambientes de avaliação (FERREIRA et al., 2006). Assim sendo, quando a seleção é feita em um ambiente e a resposta é observada em outro, o ganho esperado com a seleção, na presença de uma forte interação, é reduzido. Na Tabela 3, estão os ganhos diretos com a seleção, ou seja, quando a seleção é praticada em um ambiente e a resposta é observada nesse mesmo ambiente, bem como os ganhos indiretos, quando a seleção é praticada em um ambiente e a resposta verificada em outro. Observou-se que os ganhos diretos foram sempre superiores aos ganhos indiretos, em todas as situações e para todas os caracteres. Esse resultado reforça que mesmo na ausência da interação genótipos por ambientes os ganhos diretos são sempre maiores. Isso pode ser explicado pelo fato de que mesmo, em média, não ter sido detectada interação genótipos por ambientes, existe interação ao se compararem as famílias duas a duas. Todavia, ressalta-se que a diferença entre ganhos genéticos diretos e indiretos é mais acentuada na presença de interação do tipo complexa como foi verificado por Silva et al. (2011), Costa (2012), Aragão et al. (2015).

Tabela 3 - Estimativas de ganho com a seleção (GS) para as características de qualidade de fruto avaliadas, nos anos 2013 e 2014. Mossoró-RN, 2015.

Seleção	Ganho	Ganho com a Seleção (%)					
		PMF	IF	EP	FP	SS	RAC
2013	2013	32,61	-14,65	7,05	20,33	7,48	-39,7
	2014	17,26	-9,85	3,12	16,94	2,63	-14,79
2014	2013	25,21	-8,99	2,23	12,71	3,65	-18,25
	2014	26,55	-17,57	12,24	30,1	8,28	-37,95
Conjunta	2013	30,10	-13,10	5,61	16,93	5,74	-33,43
	2014	24,32	-15,56	9,72	28,52	7,51	-33,45
	Conjunta	32,33	-16,15	9,99	26,45	8,50	-43,15

PMF: Peso Médio dos Frutos; IF: Índice de Formato do Fruto; EP: Espessura de Polpa; FP: Firmeza de Polpa; SS: Sólidos Solúveis; RAC: Rachadura.

Vale ressaltar que para o índice de formato e porcentagem de rachadura os ganhos foram negativos. Para os referidos caracteres, a seleção foi praticada para a redução da média

genotípica. Isso é vantajoso, pois essas características são selecionadas para o decréscimo, ou seja, a menor nota é atribuída à melhor característica. Espera-se um fruto mais arredondado com o IF próximo ao valor 1 e para rachadura frutos que não apresentem rachadura do fruto.

3.2 Identificação de QTLs

Para o teste de polimorfismo dos *primers* SSR, foram utilizados os parentais ‘MR-1’ e ‘HBJ’. Foram testados 70 pares de *primers*, destes 19 foram polimórficos (CMGAN3, CMBR44, CMCT505, CMMS12-6, CMMS4-3, CMMS22-2, CMMS30-3, CMMS35-4, CMMS35-5, CMMS2-3, CMCTT144, CMCCA145, CMCTN4, CMCTN7, CMAGN33, CMAGN52, CMAGN73, CMAGN12, CMCTN71).

Ao se realizar o teste de Qui-quadrado (χ^2), verificou-se que dois dos 19 marcadores não apresentaram segregação mendeliana e, portanto, tiveram que ser descartados. Dos 17 marcadores (bandas) restantes, nenhum foi descartado, pois não apresentaram muitas informações perdidas. O aproveitamento dos marcadores se deveu a um rígido processo de seleção de *primers*, por meio de análises de regressão linear simples e regressão linear múltipla pelo método de *backward* para cada característica de qualidade de fruto avaliada (Tabela 4-9).

Para o peso médio do fruto, no ano de 2013, foram identificados seis marcadores que explicaram em conjunto 74,42% da variação genética do caráter, ou seja, explicaram a variação genética de aproximadamente três quartos da variação genética do peso médio do fruto. Harel-Beja et al. (2010), na população 414 x Dul RI (*Cucumis melo* var. *momordica* x *C. melo* var. *reticulatus*), identificaram dois QTLs que explicaram 84%, explicando a variação genética. Os marcadores que mais explicaram a variação genética foram CMCTN4, CMGAN3 e CMAGN33, com estimativas de coeficiente de determinação (R^2) de 26,26%, 12,08%, e 12,05%, respectivamente. No ano de 2014, somente dois marcadores foram detectados e explicaram 35,78% da variação genética. Os dois marcadores foram CMMS22-2 (20,13%) e CMCTN4 (15,65%). Para a análise conjunta, seis marcadores explicaram 80,88% da variação genética. Os marcadores com maior contribuição foram CMCTN4 (28,39%), CMMS22-2 (15,69%) e CMAGN33 (11,85%) (Tabela 4). Para característica de peso do fruto, Zalapa et al. (2007), trabalhando com RILs em F_6 , identificaram R^2 variando 7 a 43%.

Tabela 4 - Resumo das análises de regressão linear múltipla (*backward*) para peso médio do fruto melão avaliado em famílias F2:3 do cruzamento ‘HBJ’ x ‘MR-1’ avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.

Avaliação	Caráter					
	Peso médio do fruto (g)					
	Marcador	Efeito	EP	SQ	R^2	F
2013	Intercepto	890,07	121,81	2239413		53,4**
	CMGAN3	110,04	39,82	320217	12,08	7,64*
	CMMS22-2	-207,99	87,57	236569	8,93	5,64*

	CMMS35-5	-107,28	51,37	182934	6,90	4,36*
	CMCTN4	169,68	41,73	693424	26,16	16,53**
	CMCTN7	108,14	47,19	220219	8,31	5,25*
	CMAGN33	-127,69	46,28	319256	12,05	7,61*
	TOTAL			2650500	74,42	
2014	Intercepto	736,96	88,66	1805246		69,1**
	CMMS22-2	-202,05	65,39	249477	20,13	9,55**
	CMCTN4	88,22	32,38	193913	15,65	7,42*
	TOTAL			1239106	35,78	
Conjunta	Intercepto	828,65	87,23	1941003		90,24**
	CMGAN3	683,98	28,52	123713	7,86	5,75*
	CMMS22-2	-212,53	62,71	247018	15,69	11,48**
	CMMS35-5	-92,74	36,78	136701	8,68	6,36*
	CMCTN4	136,22	29,88	446912	28,39	20,78**
	CMCTN7	83,86	33,79	132412	8,41	6,16*
	CMAGN33	-97,62	33,14	186612	11,85	8,68**
	TOTAL			1574244	80,88	

***: Significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F de Snedecor, respectivamente; EP.: Estimativas de Parâmetros; SQ: Soma dos Quadrados do Tipo II; R²: Coeficiente de determinação.

Oito marcadores moleculares foram identificados para o índice de formato do fruto, explicando conjuntamente praticamente toda a variação genética observada (87,85%), em 2013 (Tabela 5). Dentre estes, destacaram-se CMAGN12 com 27,13%, CMCTT144 com 13,36% e CMAGN52 com 12,55% da variação genética. Em 2014, foram identificados os marcadores CMMS12-6 (16,52%), CMMS4-3 (10,00%) e CMCTN4 (12,17%), totalizando 38,70% da variação genética. Na análise conjunta, foram identificados sete marcadores que explicaram 74,36% da variação genética. Os marcadores de maior relevância foram CMAGN12 (13,33%), CMCTN4 (12,82%), CMAGN33 (11,28%) e CMMS4-3 (11,28%) da variação genética.

Tabela 5 - Resumo das análises de regressão linear múltipla (*backward*) para índice de formato do fruto melão avaliado em famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.

Índice de formato						
2013	Intercepto	1,14	0,19	0,92		34,61**
	CMMS4-3	-0,12	0,05	0,19	7,69	7,18ns
	CMMS35-5	-0,12	0,04	0,21	8,50	7,89**
	CMCTT144	0,14	0,04	0,33	13,36	12,36**
	CMCCA145	0,13	0,06	0,13	5,26	4,97*
	CMCTN4	0,07	0,04	0,12	4,86	4,44*
	CMAGN33	0,11	0,04	0,21	8,50	7,85**
	CMAGN52	-0,19	0,05	0,31	12,55	11,62**
	CMAGN12	-0,2	0,04	0,67	27,13	25,06**
	TOTAL			2,47	87,85	
2014	Intercepto	1,06	0,09	7,81		140,23**
	CMMS12-6	0,13	0,05	0,38	16,52	7,22*
	CMMS4-3	-0,13	0,06	0,23	10,00	4,45*
	CMCTN4	0,11	0,05	0,28	12,17	5,29*
	TOTAL			2,3	38,70	
Conjunta	Intercepto	1,09	0,19	0,94		31,59**
	CMMS4-3	-0,13	0,05	0,22	11,28	7,44*
	CMMS35-5	-0,11	0,04	0,18	9,23	5,93*

CMCTT144	0,09	0,04	0,15	7,69	5,12*
CMCTN4	0,11	0,04	0,25	12,82	8,29**
CMAGN33	0,11	0,04	0,22	11,28	7,25*
CMAGN52	-0,14	0,06	0,17	8,72	5,86*
CMAGN12	-0,13	0,04	0,26	13,33	8,62**
TOTAL			1,95	74,36	

***: Significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F de Snedecor, respectivamente; EP.: Estimativas de Parâmetros; SQ: Soma dos Quadrados do Tipo II; R²: Coeficiente de determinação.

Para a espessura da polpa, em 2013, foram detectados três marcadores que explicaram em conjunto 48,61% da variação genética. Os marcadores identificados foram CMGAN3, CMCTN4, CMMS22-2, com R² de 19,91%, 17,11%, 11,59%, respectivamente. Em 2014, na análise conjunta somente um marcador (CMMS22-2) foi detectado na explicação de 18,63 e 16,61% da variação genética, respectivamente (Tabela 6).

Tabela 6 - Resumo das análises de regressão linear múltipla (*backward*) para espessura de polpa de melão avaliado em famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.

		Espessura de Polpa (cm)				
2013	Intercepto	2,00	0,12	12,49		259,17**
	CMGAN3	0,13	0,05	0,47	19,91	9,81**
	CMMS22-2	-0,22	0,09	0,27	11,59	5,71*
	CMCTN4	0,13	0,04	0,41	17,11	8,43**
	TOTAL			2,37	48,61	
2014	Intercepto	2,13	0,16	16,24		170,36**
	CMMS22-2	-0,34	0,12	0,69	18,63	7,32*
	TOTAL			3,75	18,63	
Conjunta	Intercepto	2,15	0,12	16,60		296,38**
	CMMS22-2	-0,24	0,09	0,36	16,61	6,37*
	TOTAL			2,15	16,61	

***: Significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F de Snedecor, respectivamente; EP.: Estimativas de Parâmetros; SQ: Soma dos Quadrados do Tipo II; R²: Coeficiente de determinação.

Em 2013, os marcadores CMGAN3 (12,90%) e CMMS30-3 (11,37%) explicaram 24,29% da variação genética da firmeza da polpa. Todavia, em 2014, somente o marcador CMMS4-3 foi identificado, explicando 12,03% da variação genética. Não foi identificado nenhum marcador para a análise conjunta (Tabela 7).

Tabela 7 - Resumo das análises de regressão linear múltipla (*backward*) para firmeza de polpa de melão avaliado em famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.

		Firmeza de polpa (N)				
2013	Intercepto	6,87	0,71	275,20		94,38**
	CMGAN3	0,76	0,35	14,09	12,90	4,83*
	CMMS30-3	0,81	0,39	12,42	11,37	4,26*
	TOTAL			109,25	24,26	
2014	Intercepto	7,57	0,65	465,99		134,47**
	CMMS4-3	-0,99	0,47	15	12,03	4,38*
	TOTAL			126,06	12,03	
Conjunta	Intercepto	7,44	0,28	1,88		705,94**

TOTAL

88,82

***: Significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F de Snedecor, respectivamente; EP.: Estimativas de Parâmetros; SQ: Soma dos Quadrados do Tipo II; R²: Coeficiente de determinação.

Seis marcadores foram relacionados com a variação genética dos sólidos solúveis, explicando 69,35% em 2013. Todavia, em 2014 e na análise conjunta, não foram identificados marcadores relacionados ao referido caráter (Tabela 8).

Tabela 8 - Resumo das análises de regressão linear múltipla (*backward*) para sólidos solúveis de melão avaliado em famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.

Sólidos solúveis (°Brix)						
2013	Intercepto	8,51	0,43	134,48		383,03**
	CMGAN3	0,30	0,11	2,52	13,71	7,19*
	CMBR44	0,26	0,13	1,53	8,30	4,35*
	CMMS4-3	-0,40	0,16	2,31	12,57	6,59*
	CMMS22-2	-0,74	0,26	2,91	15,83	8,3**
	CMCTT144	-0,31	0,13	1,94	10,56	5,54*
	CMAGN33	-0,29	0,14	1,54	8,38	4,4**
	TOTAL			18,41	69,35	
2014	Intercepto	689618	0,14	161,69		2541,88**
	TOTAL			20,99		
Conjunta	Intercepto	7,01	0,11	1672,7		3999,8**
	TOTAL			13,80		

***: Significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F de Snedecor, respectivamente; EP.: Estimativas de Parâmetros; SQ: Soma dos Quadrados do Tipo II; R²: Coeficiente de determinação.

Para a porcentagem de rachadura do fruto, foram identificados os marcadores CMBR44, CMCT505, CMS22-2 e CMAGN52, que explicaram em conjunto 63,47% da variação genética. Destes, os marcadores CMS22-2, com 22,43%, e CMCT505, com 19,95%, foram os mais relevantes. Não foram identificados marcadores para o ano de 2014 e na análise conjunta (Tabela 9).

Tabela 9 - Resumo das análises de regressão linear múltipla (*backward*) para rachadura do fruto de melão avaliado em famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN em dois anos. Mossoró-RN, 2015.

Rachadura do fruto (%)						
2013	Intercepto	4,28	0,26	27,37		251,66**
	CMBR44	-0,16	0,07	0,55	11,21	5,09*
	CMCT505	-0,38	0,12	0,98	19,95	9,06**
	CMMS22-2	0,48	0,15	1,11	22,43	10,19**
	CMAGN52	-0,23	0,11	0,49	9,87	4,49*
	TOTAL			4,94	63,47	
2014	Intercepto	3,97	0,03	536,02		18225**
	TOTAL			0,97		
Conjunta	Intercepto	3,88	0,06	512		4791,6**
	TOTAL			3,53		

***: Significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F de Snedecor, respectivamente; EP.: Estimativas de Parâmetros; SQ: Soma dos Quadrados do Tipo II; R²: Coeficiente de determinação.

Monforte et al. (2004), trabalhando com F₂ e linhas duplo haplóides (Pele de Sapo x PI 161375), identificaram para Peso do Médio do Fruto estimativas de coeficiente de determinação de 8 a 34%, para índice de formato variando de 8 a 33% e para Sólidos Solúveis variando de 7 a 30%, dados superiores aos encontrados nesse trabalho.

O marcador CMGAN3 está envolvido com os caracteres peso médio do fruto, espessura da polpa, firmeza da polpa e sólidos solúveis, no ano de 2013, e peso médio do fruto na análise conjunta, sempre com efeito positivo para o aumento do peso do fruto (Tabela 10). Variando as estimativas do coeficiente de determinação de 7,89 a 19,91% (Tabela 4, 6, 7, 8).

Tabela 10 - Direção do efeito dos marcadores SSR identificados em seis caracteres de melão avaliados em famílias F2:3 do cruzamento 'HBJ' x 'MR-1' avaliadas em Mossoró-RN. Mossoró-RN, 2015.

Marcador	PMF			IF			EP			FP			SS			RAC		
	I	II	C	I	II	C	I	II	C	I	II	C	I	II	C	I	II	C
CMGAN3	+		+				+			+			+					
CMMS22-2	-	-	-				-	-	-				-				+	
CMCTN4	+	+	+	+	+	+	+											
CMMS4-3				-	-	-				-			-					
CMMS35-5	-		-	-		-												
CMBR44													+				-	
CMCTT144				+		+							-					
CMAGN33				+		+							-					
CMGN52				-		-											-	
CMCTN7	+		+															
CMAGN33	-		-															
CMCCA145				+														
CMMS12-6					+													
CMAGN12				-		-												
CMCT505																	-	

I: Ano 2013; II: Ano 2014; C: Conjunta. PMF: Peso Médio dos Frutos; IF: Índice de Formato do Fruto; EP: Espessura de Polpa; FP: Firmeza de Polpa; SS: Sólidos Solúveis; RAC: Rachadura do fruto.

Outro marcador de destaque foi o CMMS22-2, identificado no ano de 2013 para o peso médio do fruto, espessura da polpa, sólidos solúveis e porcentagem de rachadura e, no ano 2014 e na análise conjunta, para os dois primeiros caracteres citados (Tabela 10). O efeito deste marcador sempre foi no sentido de reduzir o valor genotípico do caráter, com exceção da rachadura do fruto (Tabela 10). As respectivas estimativas do coeficiente de determinação variaram de 8,93 a 22,43% (Tabela 4, 6, 8, 9).

O marcador CMCTN4 está envolvido com os caracteres peso médio do fruto e índice de formato em todas as avaliações (2013, 2014 e conjunta) e com a espessura da polpa no ano de 2013 (Tabela 10). O efeito foi sempre positivo (Tabela 10) para os referidos caracteres e os valores de R² foram de 4,86 a 28,39% (Tabela 4, 5, 6).

O marcador CMMS4-3 está envolvido na variação genética dos caracteres índice de formato (2013, 2014 e conjunta), firmeza de polpa (2014) e sólidos solúveis (2013), sempre no sentido de reduzir o valor genotípico do caráter (Tabela 10). As estimativas de R² foram de 7,69 a 12,57% (Tabela 5, 7, 8)

O marcador CMMS35-5 explicou o peso médio do fruto e o índice de formato, em 2013 e na análise conjunta, sempre no sentido de redução do valor genotípico dos caracteres (Tabela 10). A menor estimativa de R^2 para o referido marcador foi de 6,90% para o peso médio do fruto em 2013 e a maior foi de 9,23% para o índice de formato na análise conjunta (Tabela 4 e 5).

O marcador CMBR44 explicou uma parte da variação genética observada em sólidos solúveis e porcentagem de rachadura, em 2013. O marcador teve efeito negativo sobre sólidos solúveis e positivo sobre a rachadura de fruto (Tabela 10). Os valores de R^2 para sólidos solúveis e porcentagem de rachadura do fruto foram 8,3% e 11,21%, respectivamente (Tabela 8 e 9).

Os marcadores CMCTT144 e CMAGN33 explicaram uma parte da variação genética dos caracteres índice de formato (2013 e conjunta) e sólidos solúveis em 2013 (Tabela 10). Para o marcador CMCTT144, os valores de R^2 variaram de 7,69% (índice de formato) e 10,56% (sólidos solúveis), ao passo que para o marcador CMAGN33 os valores variaram de 8,38% (sólidos solúveis) e 11,28% (índice de formato) (Tabela 5 e 8).

O marcador CMGN52 esteve envolvido no índice de formato (2013 e conjunta) e na porcentagem de rachadura no sentido de reduzir o valor genotípico (Tabela 10). Os valores de R^2 para este marcador foram 8,72% (mínimo) e 12,55% (máximo) para o índice de formato (Tabela 5).

Os marcadores CMCTN7 e CMAGN33 explicaram o peso médio do fruto, em 2013. O primeiro marcador contribuiu para aumentar o valor genotípico, ao passo que o segundo o reduziu (Tabela 10). Os valores de R^2 máximo e mínimo para CMCTN7 foram 8,31 e 8,41%, respectivamente. Para CMAGN33, o menor e o maior valor de R^2 foram 11,85 e 12,05%, respectivamente (Tabela 4).

Os marcadores CMCCA145 e CMAGN12 estão envolvidos na variação genética do índice de formato em 2013, sendo que o primeiro contribuiu para aumentar o valor genotípico e o segundo para diminuí-lo (Tabela 10). Os valores de R^2 foram 5,26 e 8,91 para os marcadores CMCCA145 e CMAGN12, respectivamente (Tabela 5). Em 2014, o marcador CMMS12-6 contribuiu para aumentar o índice de formato com R^2 de 16,52%. Por outro lado, o marcador CMAGN12 contribuiu para reduzir o índice de formato na análise conjunta (Tabela 5).

O marcador CMCT505 contribuiu para reduzir a porcentagem de rachadura na avaliação de 2014 (Tabela 10), com coeficiente de determinação de 19,95% (Tabela 9). O marcador CMGAN3 destacou-se por estar relacionado com peso médio do fruto, espessura da polpa, firmeza da polpa e sólidos solúveis (Tabelas 10). Este marcador foi reportado no grupo de ligação LGV ligado à firmeza da polpa do mapa de ligação construído a partir de linhagens duplo-haploides oriundas do cruzamento entre ‘Piel del Sapo’ x PI 161375 (‘Songwhan Charmi’). Por outro lado, esteve ligado aos sólidos solúveis em uma população de linhas quase-

isogênicas do cruzamento ‘Piel del Sapo’ x PI 161375 (‘Songwhan Charmi’) (OBANDO-ULLOA et al., 2009).

No presente estudo, o marcador CMCTN4 explicou parte da variação genética do peso médio do fruto e do índice de formato nos dois anos de avaliação, mostrando sua estabilidade (Tabelas 10). O referido marcador também esteve associado à espessura da polpa em 2013, explicando 17,14% da variação genética (Tabela 6). Segundo Moreno et al. (2008), o referido marcador situa-se no grupo de ligação I do mapa de ligação do cruzamento entre ‘Piel del Sapo’ x PI 163775 (‘Songwhan Charmi’). Diferenças e inconsistências se devem principalmente às diferentes populações utilizadas e condições ambientais.

O marcador CMMS22-2, gerado por Chiba et al. (2003) e localizado no grupo de ligação I do mapa gerado pelo cruzamento do ‘Védrantais’ x PI 414723, também se destacou no presente trabalho, porém no sentido de reduzir o valor genotípico do peso médio do fruto, o índice de formato e firmeza da polpa e aumentar a porcentagem de rachadura. Este marcador seria utilizado na seleção para redução na firmeza e aumento da rachadura, fenótipos não desejáveis em melão, de vez que a firmeza da polpa no momento da colheita deve ser adequada para consumo imediato e após a navegação para mercados distantes, seja no exterior ou no país, e os frutos não devem apresentar rachadura. Para o caso do tamanho de fruto, a direção do melhoramento genético é selecionar frutos com tamanho (peso médio) em função do tipo de melão. Frutos menores (1,5 a 1,8 kg) para cultivares Galia e Charenthais, frutos de tamanho intermediário (2,0 a 2,5 kg) para tipos Amarelo e Cantaloupe e frutos maiores para melão do tipo pele de sapo. O mesmo comentário pode ser feito para o melhoramento para o formato do fruto, pois o fenótipo desejado está em função do tipo de melão. Para esses dois caracteres, o marcador pode ter maior utilidade. Esse foi o primeiro relato da associação do marcador CMMS22-2 com caracteres relacionados à qualidade do melão.

Espera-se que a maioria dos QTLs sofra o efeito da interação genótipos por ambientes e só se expresse em condições específicas. No entanto, existem alguns QTLs que podem manter seus efeitos significativos na maioria dos ambientes. Esses são os mais interessantes de serem identificados por ligação a um marcador molecular. Entretanto, eles devem ser a minoria, por causa da variação ambiental na avaliação das famílias. Portanto, tais QTLs devem ser difíceis de serem identificados por meio de marcadores moleculares, a menos que o mapa de ligação dos marcadores seja altamente saturado (TANKSLEY, 1993), o que aumenta as chances de encontrar um marcador ligado a esse QTL, aparentemente tão raro.

Todavia, neste trabalho conseguiu-se identificar alguns marcadores ligados a QTLs estáveis. A utilização desses marcadores no processo seletivo pode auxiliar na identificação de fenótipos desejáveis, e que se expressam na maioria dos ambientes, contribuindo, assim, para o aumento da eficiência dos programas de melhoramento genético do meloeiro. O marcador CMMS22-2 para o peso médio do fruto e firmeza da polpa, bem como CMCTN4 para o peso

médio do fruto e índice de formato, além do marcador CMMS4-3 para o índice de formato, se repetiram nas duas avaliações, sugerindo que os referidos marcadores podem estar ligados a um QTL mais estável. O marcador CMGAN3, associado a quatro caracteres, só foi detectado na avaliação de 2013 (Tabela 10).

Com efeito, considerando que a execução do presente trabalho foi motivada com o objetivo de identificar QTLs associados a caracteres relacionados à qualidade de fruto, os resultados obtidos são promissores para uma futura utilização dos marcadores identificados, de vez que neste trabalho conseguiu-se identificar alguns marcadores ligados a QTLs estáveis. A utilização desses marcadores no processo seletivo pode auxiliar na identificação de genótipos com fenótipos desejáveis, e que se expressam na maioria dos ambientes, contribuindo, assim, para o aumento da eficiência dos programas de melhoramento genético do meloeiro.

4 CONCLUSÕES

- Foram identificados marcadores associados aos caracteres peso médio do fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza da polpa, sólidos solúveis e porcentagem de rachadura do fruto;
- Foi possível a identificação de marcadores SSR estáveis ligados a caracteres de qualidade de frutos de melão. Para peso médio do fruto, os marcadores CMMS22-2 e CMCTN4; para índice de formato, os marcadores CMCTN4 e CMMS4-3 e para espessura de polpa do fruto o marcador CMMS22-2 foram os mais estáveis nas duas avaliações, sendo os mais promissores para seleção assistida, visando ao melhoramento da qualidade de melão.

5 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: 02 nov. 2014.

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

CHIBA, N.; SUWABE, K.; NUNOME, T.; HIRAI, M. Development of Microsatellite Markers in Melon (*Cucumis melo* L.) and Their Application to Major Cucurbit Crops. **Breeding Science**, n. 53, p. 21-27, 2003.

COLLARD, B. C. Y.; JAHUFER, M. Z. Z.; BROUWER, J. B.; PANG, E. C. K. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. **Euphytica**, v. 142, p. 169-196, 2005.

CRESTE, S.; TULMANN NETO, A.; SILVA, S. O.; FIGUEIRA, A. Genetic characterization of banana cultivars (*Musa* spp.) from Brazil using microsatellite markers. **Euphytica**, n. 132, p. 259-268, 2003.

DÍAZ, A.; FERGANI, M.; FORMISANO, G.; ZIARSOLO, P.; BLANCA, J.; FEI, Z.; STAUB, J. E.; ZALAPA, J. E.; CUEVAS, H. E.; DACE, G.; OLIVER, M.; BOISSOT, N.; DOGIMONT, C.; PITRAT, M.; HOFSTEDE, R.; VAN KOERT, P.; HAREL-BEJA, R.; TZURI, G.; PORTNOY, V.; COHEN, S.; SCHAFFER, A.; KATZIR, N.; XU, Y.; ZHANG, H.; FUKINO, N.; MATSUMOTO, S.; GARCIA-MAS, J.; MONFORTE, A. J. 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. 111-124, 2011.

DOGIMONT, C. Gene List 2011 for Melon. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**, v. 33-34, p. 104-133, 2010-2011.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochemical Bulletin**, v. 19, p. 11-15, 1987.

EDUARDO, I.; ARUS, P.; MONFORTE, A. J.; OBANDO, J.; FERNANDEZ-TRUJILLO, J. P.; MARTINEZ, J. A.; ALARCON, A. L.; ALVAREZ, J. M.; VAN DER KNAAP, E. Estimating the genetic architecture of fruit quality traits in melon using a genomic library of near isogenic lines. **J Am Soc Hortic Sci**, v. 132, p. 80-89, 2007.

FERNANDEZ-SILVA, I.; EDUARDO, I.; BLANCA, J.; ESTERAS, C.; PICO, B.; NUEZ, F.; ARUS, P.; GARCIA-MAS, J.; MONFORTE, A. J. Bin mapping of genomic and EST-derived SSRs in melon (*Cucumis melo* L.). **Theor Appl Genet**, v. 118, p. 139-150, 2008.

FERNÁNDEZ-TRUJILLO, J. P.; LESTER, G. E.; DOS-SANTOS, N.; MARTÍNEZ, J. A.; ESTEVA, J.; JIFON, J. L.; VARÓ, P. Pre- and Postharvest Muskmelon Fruit Cracking: Causes and Potential Remedies. **Hort Technology**, v. 23, n. 3, p. 266-275, 2013.

FERREIRA, D. F. **Eficiência de métodos de mapeamento de locos quantitativos (QTLs) e da seleção assistida por marcadores moleculares através de simulação**. 1995. 210 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 1995.

FERREIRA, D. F.; DEMÉTRIO, C. G. B.; MANLY, B. F. J.; MACHADO, A. A.; VENCOVSKY, R. Statistical models in agriculture: biometrical methods for evaluating phenotypic stability in plant breeding. **Cerne**, v. 12, n. 4, p. 378-388, 2006.

FURLANI, P. R. Hydroponic vegetable production in Brasil. **Acta Horticulturae**, v. 481, p. 777-778, 1999.

COSTA, G. G. **Associação entre heterose e divergência genética estimada por caracteres morfológicos e marcadores SSR em meloeiro**. 2012, 74f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia. Área de concentração: Melhoramento Vegetal.) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, 2012.

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

HAREL-BEJA, R.; TZURI, G.; PORTNOY, V.; LOTAN-POMPAN, M.; LEV, S.; COHEN, S.; DAI, N.; YESELSON, L.; MEIR, A.; LIBHABER, S. E.; AVISAR, E.; MELAME, T.; VAN KOERT, P.; VERBAKEL, H.; HOFSTEDE, R.; VOLPIN, H.; OLIVER, M.; FOUGEDOIRE, A.; STALH, C.; FAUVE, J.; COPES, B.; FEI, Z.; GIOVANNONI, J.; ORI, N.; LEWINSOHN, E.; SHERMAN, A.; BURGER, J.; TADMOR, Y.; SCHAUVER, A. A.; KATZIR, N. A genetic map of melon highly enriched with fruit quality QTL and EST markers, including sugar and carotenoid metabolism genes. **Theoretical Applied Genetic**, v. 121, p. 511-533, 2010.

IBGE, INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA, Produção Agrícola Municipal, 2013, Rio de Janeiro: IBGE, 2014.

INMET- Instituto Nacional de Meteorologia. Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=home/page&page=rede_estacoes_auto_graf>. Acesso em: 01 fev. 2015.

INPI – Instituto Nacional de Propriedade Industrial. Indicação Geográfica. Disponível em: <http://www.inpi.gov.br/portal/acessoainformacao/artigo/indicacao_geografica_1351692102723>. Acesso em: 14 mar. 2014.

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

LOPES, J. F. Melhoramento genético (chuchu, melancia, melão e pepino). **Informe Agropecuário**, v. 8, n. 85, p. 61-64, 1982.

McCREIGHT, J. D.; NERSON, H.; GRUMET, R. Melon. In: KALLOO, G.; BERGH, B. O. (org.). **Genetic improvement of vegetable crops**. Oxford: Pergamon Press, 1993. p. 267-294.

MENEZES, J. B.; CHITARRA, A. B.; CHITARRA, M. I. F.; BICALHO, U. O. Caracterização do melão tipo Gália durante a maturação. **Horticultura Brasileira**, v. 16 n. 2, p. 123-127, 1998.

MENEZES, J. B.; GOMES JUNIOR, J.; ARAÚJO NETO, S. E.; SIMÕES, A. N. Armazenamento de dois genótipos de melão-amarelo sob condições ambiente. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 19, n. 1, p. 42-49, 2001

MONFORTE, A. J.; OLIVER, M.; GONZALO, M. J. Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.). **Theoretical Applied Genetic**, Berlim, v. 108, n. 2, p. 750-758, 2004.

MORENO, E.; OBANDO, J. M.; DOS-SANTOS, N.; FERNANDEZ-TRUJILLO, J. P.; MONFORTE, A. J.; GARCIA-MAS, J. Candidate genes and QTL for fruit ripening and softening in melon. **Theor Appl Genet**, v. 116, p. 589-602, 2008.

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

NUNES, G. H. S.; MELO, D. R. M.; DANTAS, D. J.; ARAGÃO, F. A. S.; NUNES, E. W. L. P. Divergência genética entre linhagens de melão do grupo inodorus. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 3, p. 448-456, 2011a.

NUNES, G. H. S.; ANDRADE NETO, R. C.; COSTA FILHO, J. H.; MELO, S. B. Influência de variáveis ambientais sobre a interação genótipos x ambientes em meloeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, p. 1194-1199, 2011b.

OBANDO-ULLOA, J. M.; EDUARDO, I.; MONFORTE, A. J.; FERNÁNDEZ-TRUJILLO, J. P. Identification of QTLs related to sugar and organic acid composition in melon using near-isogenic lines. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 121, n. 4, p. 425-433, ago. 2009.

PAIVA, W. O.; NETO, H. S.; LOPES, A. G. S. Avaliação de linhagens de melão. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 18, n. 2, p. 109-114, 2000.

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 3 elite US Western Shipping germplasm. **Mol Breeding**, v. 22, p. 405–419, 2008.

PÉRIN, C.; GOMEZ-JIMENEZ, M.C.; HAGEN, L.; DOGIMONT, C.; PECH, J.C.; LATCHÉ, A.; PITRAT, M.; LELIÈVRE, J. M. Molecular and genetic characterization of a non-climacteric phenotype in melon reveals two loci conferring altered ethylene response in fruit. **Plant Physiol**, v. 129, p. 300-309, 2002.

RESENDE, M. D. V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101p. (Documentos 47).

RESENDE, M. D. V. Software SELEGEN - REML/BLUP. EMBRAPA, Colombo, novembro, 2002.

RESENDE, M. D. V. SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 359 p.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V.; OLIVEIRA, E. B. Sistema "SELEGEN" – Seleção Genética Computadorizada para o Melhoramento de Espécies Perenes. Revista PAB, Colombo, n. 32. V. 9. Setembro, 1997.

SILVA, J. M.; NUNES, G. H. S.; COSTA, G. G.; ARAGÃO, F. A. S.; MAIA, L. K. R. Implicações da interação genótipos x ambientes por ganho de seleção em meloeiro. *Ciência Rural*, v. 41, n. 1, p. 51-56, 2011.

TANKSLEY, S. D. Mapping polygenes. **Annual Review of Genetic**, Palo Alto, v. 27, n. 1, p. 205-233, jan. 1993.

THOMAS, C. E. Downy and powdery mildew resistant muskmelon breeding line MR-1. **HortScience**, v. 21, n. 2, p. 329, 1986.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

ZALAPA, J. E.; STAUB, J. E.; MCCREIGHT, J. D.; CHUNG, S. M.; CUEVAS, H. Detection of QTL for yield-related traits using recombinant inbred lines derived from exotic and elite US Western hiping melon germplasm. **Theor Appl Genet**, v. 114, p. 1185–1201, 2007.

CAPÍTULO II

Controle genético de caracteres relacionados à qualidade de frutos de
meloeiro

RESUMO

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 o controle genético de caracteres relacionados à qualidade de frutos de meloeiro. Foram avaliadas as gerações F_1 , F_2 , RC_1 , RC_2 dos cruzamentos OL x A-16 e OL x PV em dois ensaios separados conduzidos em blocos casualizados com três repetições no ano de 2012. Os caracteres avaliados foram: peso médio de fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza da polpa, sólidos solúveis e porcentagem de rachadura. As análises foram feitas por meio de estudo clássico de gerações envolvendo modelos mistos, para estimar os parâmetros do modelo aditivo-dominante e os componentes de variância. Foram estimados os parâmetros de herdabilidades nos sentidos amplo e restrito e número de locos que controlam o caráter. Utilizaram-se testes de hipóteses de máxima verossimilhança de modelos genéticos hierárquicos para avaliar a presença de poligenes e gene de efeito maior no controle genético do caráter. Conclui-se que a herança dos caracteres estudados é complexa, com a presença de gene de efeito maior e poligenes com efeitos aditivos e de dominância.

Palavras-chaves: *Cucumis melo* L, herança, modelos mistos, poligenes, gene de efeito maior.

ABSTRACT

The heritage knowledge of trait helps the researcher in the choice of breeding strategy, providing greater security in the selection process and allowing greater genotypic values can be identified and selected with time and resource savings. The aim of this work was to study the genetic control of traits related to fruit quality of melon through classic study of generations involving mixed models. The generations F_1 , F_2 and backcross from crossings OL x A-16 and OL-PV were evaluated in two separate experiments carried out in randomized block design with three replications in 2012. The traits evaluated were: average fruit weight, shape index, flesh thickness, flesh firmness and soluble solids. The analyses were performed using mixed models to estimate the parameters of the additive-dominant model and the variance components. The heritability in the narrow and broad sense and number of *loci* that control the character were estimated. Maximum likelihood hierarchical genetic models were used in tests of hypothesis to assess the presence of polygenes and major effect gene in the genetic control character. From the results, it is concluded that the inheritance of the studied characters is complex with the presence of major gene and polygenes with additive and dominance effects.

Keywords: *Cucumis melo* L, inheritance, mixed models, polygenes, major gene.

1 INTRODUÇÃO

A região semiárida do Brasil tem condições climáticas favoráveis ao cultivo de diferentes produtos hortícolas e frutas tropicais, entre os quais o melão (*Cucumis melo*) é um dos mais importantes. A expansão das lavouras de melão no Nordeste do Brasil foi responsável por 96,4% da produção nacional da fruta em 2013, com destaque para os estados do Ceará e do Rio Grande do Norte (IBGE, 2014). Além do rendimento e contribuição considerável para a economia nacional, em 2014 foi de US\$ 151.817.079 com exportação (ALICE WEB/ MDIC, 2015), o agronegócio do melão desempenha importante papel social, empregando grande contingente de trabalhadores.

Essa situação leva a um maior interesse em se estudar e tentar sanar os problemas que acometem a cultura, como, por exemplo, melhorar a qualidade dos frutos, pois o principal objetivo dos programas de melhoramento genético é obter cultivares produtivas e com frutos de alta qualidade. Em relação à qualidade, o teor de sólidos solúveis é considerado o principal fator na qualidade dos frutos de melão (YAMAGUCHI et al., 1977). Porém, características como firmeza de polpa, peso do fruto, formato do fruto, espessura da polpa e resistência da casca também são fundamentais, principalmente quando se observa a comercialização.

A facilidade ou dificuldade para promover o melhoramento genético de determinado caráter depende, dentre outros fatores, do conhecimento do seu controle genético. O conhecimento sobre a 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 realmente ser identificados e selecionados, para atingir em menor espaço de tempo e com economia de mão de obra e recursos o objetivo estabelecido (ZALAPA et al., 2006).

Fernandez-Trujillo et al. (2011) mostram que o controle genético para caracteres da qualidade de fruto geralmente envolve múltiplos genes, que sofrem interferência do ambiente. Zalapa et al. (2006, 2008), estudando a herança do tamanho do fruto do meloeiro, observaram a presença de efeitos aditivos e de dominância no controle genético do caráter. Os autores não determinaram o número de genes que governavam o caráter em questão. Para este mesmo caráter, Monforte et al. (2004) e Paris et al. (2008), utilizando marcadores moleculares, verificaram controle poligênico. Para o formato do fruto, também se observou herança poligênica (PERIN et al., 2002; MONFORTE et al., 2004; PARIS et al., 2008).

Barros et al. (2011) observaram que a espessura da polpa é controlada por efeito aditivos, porém Costa (2012) concluiu que a referida característica é controlada por efeitos aditivos e de dominância. A firmeza da polpa é governada por efeitos aditivos e não aditivos. No entanto, a herança da espessura e firmeza de polpa por estudos clássicos e o número de

genes envolvidos no controle genético ainda são desconhecidos pelos pesquisadores (FERNANDEZ-TRUJILLO et al., 2011).

Com relação a características relacionadas ao teor de açúcar do melão, Burger et al. (2002) estudaram a herança de sacarose em melão e foi identificado um loco de dominância completa, no qual o alelo recessivo que acumula açúcar foi chamado de *suc*; em um segundo cruzamento, concluiu-se que havia herança poligênica, ou seja, mais de um gene é responsável por esta característica. Eduardo et al. (2007) observaram que o acúmulo de açúcar em melão é uma característica poligênica com baixa herdabilidade. O número de locos envolvidos no cruzamento entre uma linhagem Honey Dew ('Orange Flesh') e uma linhagem *conomon* ('UFERSA-05') para sólidos solúveis foi aproximadamente 28, sugerindo uma herança poligênica.

Os estudos de herança são importantes porque fornecem informações sobre: (i) ação gênica; (2) estimativas de componentes de variância; (3) estimativas de herdabilidades nos sentidos amplo e restrito e cálculo do número de genes que governam o caráter (ZALAPA et al., 2006). Tradicionalmente, os estudos de herança são realizados com sucesso pela metodologia de análise de gerações (MATHER; JINKS, 1982) pela avaliação dos genitores e as gerações F_1 , F_2 e os dois retrocruzamentos relativos a cada genitor.

Geralmente nesses estudos, as gerações são avaliadas em delineamento inteiramente casualizado ou em blocos casualizados, e para cada geração uma parcela é composta de várias plantas, sendo a avaliação feita ao nível de planta. O tamanho da amostra varia em função da base genética de cada geração. Essa amostra deve ser representativa para otimizar o processo de estimação das variâncias genéticas associadas a cada geração. Geralmente, as informações da variância dentro de cada geração são ignoradas, resultando em testes estatísticos mais liberais. Uma alternativa que corrige em grande parte essa limitação foi apresentada por Piepho e Möhring (2010). Os autores sugerem o uso de modelos mistos para avaliação de dados de plantas levando em conta todas as informações genéticas e ambientais presentes em cada uma das gerações. Embora muito promissora, ainda são raros os trabalhos que utilizam a metodologia empregada pelos referidos autores no estudo das gerações.

O objetivo do presente trabalho foi estudar o controle genético de caracteres relacionados à qualidade de frutos de meloeiro.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Germoplasma

Foram utilizados como genitores as linhagens A-16, PV e OL (Figura 5). Todas as linhagens têm expressão sexual andromonóica, pertencentes à coleção de trabalho de melão da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA).

A linhagem A-16 pertence ao grupo botânico *acidulus*, seus frutos são ovais, possuem mesocarpo de coloração branca, firme e pouco espessa, com baixo teor de sólidos solúveis, exocarpo de coloração amarela. A linhagem PV não tem grupo botânico definido, seus frutos são compridos, têm mesocarpo verde, baixa firmeza e espessura, com valor intermediário de sólidos solúveis e exocarpo verde. A linhagem OL pertence ao grupo botânico *cantaloupensis*, tipo cantaloupe, seus frutos são ovais, possuem mesocarpo com coloração salmão (laranja), bem aromática, espessa e firme, com alto valor de sólidos solúveis, exocarpo verde e rendilhado.



Figura 5 - Genitores utilizados no estudo de estudo da herança: A-16, PV, OL. Mossoró-RN, 2015.

2.2 Fenotipagem

Os experimentos foram conduzidos na horta didática do Departamento de Ciências Vegetais da Universidade Federal Rural do Semi-Árido. No ano de 2012, as linhagens foram cruzadas obtendo-se a geração filial F_1 . No período de fevereiro a maio de 2013, foi obtida a geração F_2 . O experimento para avaliação dos frutos foi desenvolvido no período de março a junho de 2013. Os valores médios das temperaturas máxima e mínima foram 32°C e 23°C, respectivamente, umidade relativa do ar máxima e umidade relativa do ar mínima foram 83% e 45%, respectivamente, e precipitação pluviométrica de 19 mm (INMET, 2015) durante o período de realização do trabalho.

O preparo do solo constou de uma aração e uma gradagem, seguida de sulcamento em linhas, espaçadas de 2,0 m com profundidade de aproximadamente 20 cm, onde foi realizada a adubação de fundação, utilizando-se 6,0 t ha⁻¹ de esterco bovino e 120 kg ha⁻¹ de P₂O₅. Os adubos foram aplicados nos sulcos de plantio e incorporados com enxada manual. Após a

mistura do adubo na linha de plantio, foram estendidas manualmente as mangueiras e colocou-se o *mulching* preto/prata com 1,0 metro de largura. A irrigação foi realizada com uso de mangueiras com gotejadores de 1,6 L hora⁻¹ de vazão. A nutrição foi feita com base em diferentes concentrações da solução nutritiva proposta por Furlani (1999). O espaçamento adotado foi de 2,0 metros entre linha e 0,3 metros entre plantas.

As sementes dos materiais foram colocadas uma por célula em bandejas de polietileno com 200 células, contendo substrato comercial, onde permaneceu por 15 dias. O transplântio foi realizado quando as mudas apresentavam a primeira folha definitiva expandida.

Foram avaliadas em blocos casualizados com três repetições as seguintes gerações: três genitores, 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: 15 plantas (genitores e 15F₁), 120 plantas (geração F₂) e 60 (de cada retrocruzamento).

As colheitas foram realizadas manualmente. Os frutos foram retirados das plantas com auxílio de canivetes, identificados com marcadores permanentes e transportados para o Laboratório de Pós-colheita para avaliação dos caracteres estudados.

Foram avaliados os seguintes caracteres: Peso Médio do Fruto (PMF), obtido pela razão de todos os frutos da parcela pelo número de frutos colhidos, em kg; Espessura da polpa (EP): medida na região equatorial, depois de seccionar o fruto no sentido longitudinal); Índice de Formato (IF): razão Comprimento/Diâmetro de fruto, medida na região seccionada (LOPES, 1982); Firmeza da polpa (FP): o fruto foi seccionado longitudinalmente, e em cada metade foi medida a resistência por meio de um penetrômetro com ponteira de 8 mm de diâmetro, na região mediana comestível de cada parte do fruto (duas leituras por fruto em regiões diferentes), equidistante em relação ao comprimento e à espessura do mesocarpo. Valor dado em libras e transformado em Newton, multiplicando-o por 4,4482, expresso em Newton (N); Sólidos solúveis (SS): determinado por meio de refratômetro digital modelo PR-100 Paletti, com compensação automática de temperatura, obtido pela retirada de uma fatia de cada um dos frutos, cortada longitudinalmente e retiradas algumas gotas para que fossem feitas duas leituras, por meio das quais se encontrou o valor médio do fruto, expresso em percentagem de °Brix.

2.3 Análises Estatísticas

2.3.1 Análise de gerações por meio de modelos mistos

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 pela a adição do efeito relacionado à falta de ajuste (λ_i) ao modelo apresentado por Kearsey; Pooni (1996), conforme a expressão a seguir:

$$\mu_i = m + [a]x_{i1} + [d]x_{i2} + \lambda_i \quad (1)$$

Onde:

μ_i : valor da i-ésima geração sob modelo aditivo-dominante, sendo $i=1, \dots, G$;

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.

O teste F (Wald) possibilitou o teste do efeito de ausência de ajuste (λ_i), metodologia essencialmente equivalente ao teste de escala conjunta descrita por Mather; Jinks (1982). A única diferença é que o uso de modelos mistos pode se dar pelo fato de os componentes de variâncias necessitarem ser estimados, ao passo que a metodologia de Mather; Jinks (1982) usa um teste de Qui-quadrado que considera os componentes de variância estimados como quantidades conhecidas, o que constitui uma aproximação.

Como as gerações foram avaliadas em um delineamento em blocos casualizados, o modelo para planta k avaliada na parcela i no bloco j é o seguinte:

$$y_{ijk} = b_j + \mu_i + p_{ij} + g_{ijk} + e_{ijk} \quad (2)$$

Onde 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 é modelada pelo efeito genético g_{ijk} ao nível de planta-específica que possui a estrutura de variância (Tabela 11).

Tabela 11 - Modelos lineares para médias, variâncias genéticas e variância total dentro de parcela para seis gerações para análises de médias de gerações do modelo aditivo-dominante (KEARSEY; POONI, 1996). Mossoró-RN, 2015.

Geração	Componentes de média		Componentes de variância			
	[a]	[d]	σ^2_A	σ^2_D	σ^2_{AD}	Variância dentro da parcela
	(coeficiente x_{i1})	(coeficiente x_{i2})				$\text{var}(f_{ijk}) = \text{var}(g_{ijk} + e_{ijk})$
P ₁	1	0	0	0	0	$\sigma^2_1 = \sigma^2_e$
P ₂	-1	0	0	0	0	$\sigma^2_1 = \sigma^2_e$
F ₁	0	1	0	0	0	$\sigma^2_1 = \sigma^2_e$
F ₂	0	0,5	1	1	0	$\sigma^2_2 = \sigma^2_e + \sigma^2_A + \sigma^2_D$
RC ₁	0,5	0,5	0,5	1	-1	$\sigma^2_3 = \sigma^2_e + 0,5(\sigma^2_A) + \sigma^2_D - \sigma^2_{AD}$
RC ₂	0,5	0,5	0,5	1	1	$\sigma^2_4 = \sigma^2_e + 0,5(\sigma^2_A) + \sigma^2_D + \sigma^2_{AD}$

O ajuste da estrutura de variância genética foi realizado pelo procedimento MIXED no programa SAS[®] Versão 9.2 (SAS INSTITUTE, 2006). Para a implementação, é conveniente definir uma estrutura de variância genética linear de dimensão G x G para as G gerações na seguinte forma:

$$\Sigma = V_A \sigma^2_A + V_D \sigma^2_D + V_{AD} \sigma^2_{AD} \quad (3)$$

Onde V_A é uma matriz diagonal com coeficientes na diagonal correspondentes à geração i para a variância aditiva, conforme detalhado na Tabela 11. As matrizes V_D e V_{AD} são definidas da mesma maneira. Assim sendo, as referidas matrizes V_A , V_D e V_{AD} são as seguintes:

$$V_A = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{2} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{1}{2} \end{pmatrix} \quad V_D = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \quad V_{AD} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

A estrutura de variância-covariância da expressão (3) foi ajustada para o efeito genético g_{ijk} do modelo (2), definindo o efeito da interação gerações x plantas e considerando plantas individuais como unidades independentes na terminologia de análises de medidas longitudinais (medidas repetidas). Para isso, utilizou-se no PROC MIXED a estrutura de variância TYPE=LIN(3).

O código SAS, adaptado de Piepho; Möhring (2010), para a execução da análise de gerações incluindo o teste para ausência de ajuste foi o seguinte:

```
proc mixed;
class gen block plant plot lackfit;
```

```

model ss=block a d lackfit/htype=1 ddfm=kr;
random gen/subject=plant*plot type=lin(3) ldata=varpva;
random int/sub=plot;
run;
proc mixed;
class gen block plant plot lackfit;
model ss=block gen/htype=1 ddfm=kr;
random gen/subject=plant*plot type=lin(3) ldata=varpva;
random int/sub=plot;
lsmeans gen/pdiff;
run;

```

Para maiores detalhes do código implementado para a referida análise SAS, consultar o artigo de Piepho; Möhring (2010).

2.3.2 Determinação das herdabilidades no sentido amplo e restrito

As herdabilidades nos sentidos amplo e restrito foram obtidas pelas expressões (4) e (5), a seguir:

$$h_r^2 = \sigma_A^2 / \sigma_{FEN}^2 \quad (4)$$

$$h_a^2 = \sigma_G^2 / \sigma_{FEN}^2 \quad (5)$$

Onde:

h_r^2 : herdabilidade no sentido restrito;

h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo;

σ_A^2 : variância aditiva;

σ_G^2 : variância genética;

σ_{FEN}^2 : variância fenotípica

2.3.3 Determinação do número de locos efetivos

O número de genes foi determinado pela seguinte expressão (CRUZ, 2006):

$$\eta = R^2 (1 + 0,5 \text{ GMD}^2) / 8\sigma^2g \quad (6)$$

Em que:

η : número de locos;

R^2 : amplitude total da geração F_2 ;

GMD: grau médio de dominância

σ_{GEN}^2 : variância genética.

O grau médio de dominância foi calculado pela seguinte expressão:

$$\text{GMD} = (2 \sigma_D^2 / \sigma_A^2) \quad (7)$$

2.3.4 Testes de modelos genéticos utilizando a verossimilhança

Foram utilizadas as seguintes equações para cada população envolvida no estudo da herança:

$$P_1 : f_1(y_{i1}) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} \exp \left\{ -\frac{(y_{i1} - \mu + [a] + A)^2}{2\sigma^2} \right\} \quad (8)$$

$$P_2 : f_2(y_{i2}) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} \exp \left\{ -\frac{(y_{i2} - \mu - [a] - A)^2}{2\sigma^2} \right\} \quad (9)$$

$$F_1 : f_3(y_{i3}) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} \exp \left\{ -\frac{(y_{i3} - \mu - [a] - D)^2}{2\sigma^2} \right\} \quad (10)$$

$$\begin{aligned} RC_{11} : f_4(y_{i4}) = & \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}}} \exp \left\{ -\frac{(y_{i4} - \mu - \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + A)^2}{2(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD})} \right\} + \\ & \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}}} \exp \left\{ -\frac{(y_{i4} - \mu + \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + D)^2}{2(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD})} \right\} \end{aligned} \quad (11)$$

$$\begin{aligned}
RC_{12} : f_5(y_{i5}) &= \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D + S_{AD}}} \exp \left\{ -\frac{(y_{i5} - \mu - \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + A)^2}{2(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD})} \right\} + \\
&+ \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}}} \exp \left\{ -\frac{(y_{i5} - \mu + \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + D)^2}{2(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD})} \right\} \quad (12) \\
F_2 : f_6(y_{i6}) &= \frac{1}{4} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + V_A + V_D}} \exp \left\{ -\frac{(y_{i6} - \mu - \frac{[d]}{2} + A)^2}{2(\sigma^2 + V_A + V_D)} \right\} + \\
&\frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + V_A + V_D}} \exp \left\{ -\frac{(y_{i6} - \mu - \frac{[d]}{2} - D)^2}{2(\sigma^2 + V_A + V_D)} \right\} + \frac{1}{4} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + V_A + V_D}} \\
&\exp \left\{ -\frac{(y_{i6} - \mu - \frac{[d]}{2} - A)^2}{2(\sigma^2 + V_A + V_D)} \right\} \quad (13)
\end{aligned}$$

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_1 e RC_2 são constituídas pela mistura de duas densidades normais e F_2 por uma mistura de três distribuições normais, sendo que em cada componente da mistura os componentes de média e de variância dos poligenes não mudam, mudando apenas os efeitos do gene de efeito maior.

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 12). 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:

$$LR = -2 \ln \frac{L(M_i)}{L(M_j)} \quad (14)$$

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, desenvolvido por Silva (2003).

Tabela 12 - Modelos de herança utilizados pelo programa Monogen. Mossoró-RN, 2015.

Modelo	Parâmetros
1- gene maior com efeitos aditivo e de dominância + poligenes com efeitos aditivos e de 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 - apenas efeito do ambiente	μ, σ^2

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Análises de gerações

A linhagem OL apresentou peso médio do fruto próximo a 1,0 kg nos dois cruzamentos e foi superior à linhagem A-16 e inferior à linhagem PV (Tabela 13). A referida linhagem apresentou frutos esféricos ($IF \sim 1,0$), com maior espessura de polpa e doces ($SS > 9,0$ °Brix), contrastando com os frutos mais alongados ($IF > 1,5$) e não doces ($SS < 6,0$ °Brix) dos genitores A-16 e PV. Por outro lado, apresentou menor firmeza de polpa em relação ao genitor A-16 e firmeza superior ao genitor PV.

Tabela 13 - Média das gerações para cinco caracteres relacionados à qualidade do fruto de melão nos cruzamentos OL x A-16 e OL x PV. Mossoró-RN, 2015.

Geração	Estimativas - Caracteres				
	PMF (g)	IF	EP (cm)	FP (libras)	SS (°Brix)
Cruzamento OL x A-16					
OL	904,70	0,98	5,36	1,39	9,1
A-16	303,53	1,47	1,58	6,14	3,9
F ₁	953,22	1,42	4,89	6,35	8,9
F ₂	584,97	1,22	2,76	4,54	6,4
RC ₁	1091,73	1,22	2,91	1,69	7,3
RC ₂	567,78	1,25	2,02	4,17	5,8
Cruzamento OL x PV					
OL	921,27	1,03	5,41	3,51	9,6
PV	1640,70	1,66	3,39	1,32	6,2
F ₁	1717,94	1,76	4,45	3,15	8,8
F ₂	832,22	1,46	3,54	2,19	6,8
RC ₁	723,97	1,41	4,19	2,30	6,9
RC ₂	833,66	1,51	3,08	1,41	6,92

PMF: Peso Médio dos Frutos; IF: Índice de Formato do Fruto; EP: Espessura de Polpa; FP: Firmeza de Polpa; SS: Sólidos Solúveis.

As médias da geração F₁ foram superiores às médias dos genitores em todas as características, indicando a presença de heterose em diferentes magnitudes (Tabela 13).

Observou-se grande variação para caracteres dos frutos na geração F₂ em todas as populações, conforme pode ser observado na Figura 6. A variação na geração F₂ pode ser visualizada em maiores detalhes pela distribuição de frequência dos histogramas (Figura 7 e 8). A distribuição das médias aproximou-se da curva normal, com uma assimetria à direita no peso médio do fruto nos cruzamentos OLxA-16 e OL x PV e assimetria à direita no índice de formato no cruzamento OL x PV (Figura 8).

Cruzamento OL x A-16



Cruzamento OL x PV



Figura 6 - Amostras de frutos da população F2 dos cruzamentos OL x A-16 e OL x PV. Mossoró-RN, 2015.

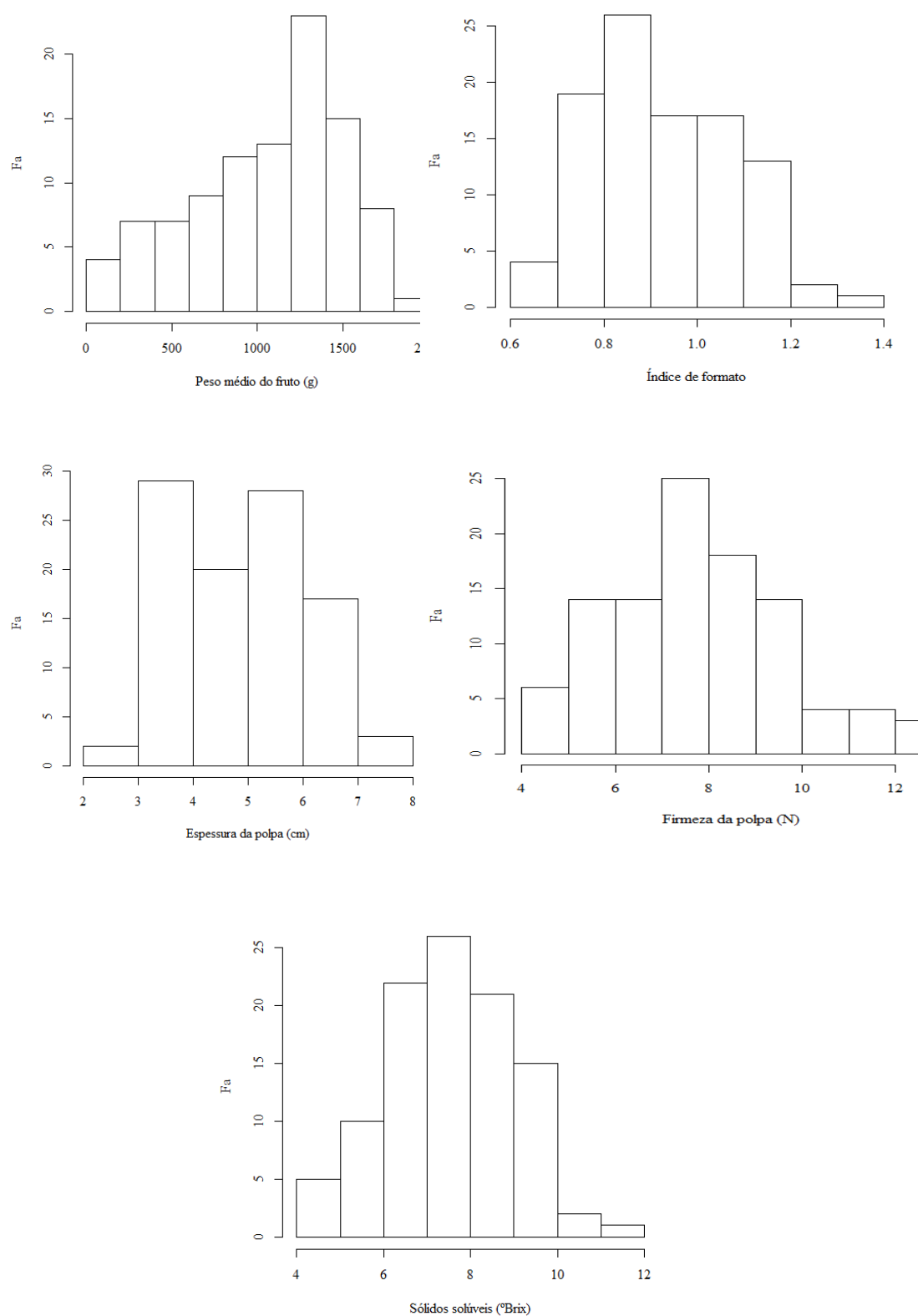


Figura 7 - Histograma com as frequências absolutas dos caracteres peso médio do fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza de polpa, sólidos solúveis e rachadura do fruto de plantas F2 do cruzamento OL x A-16. Mossoró-RN, 2015.

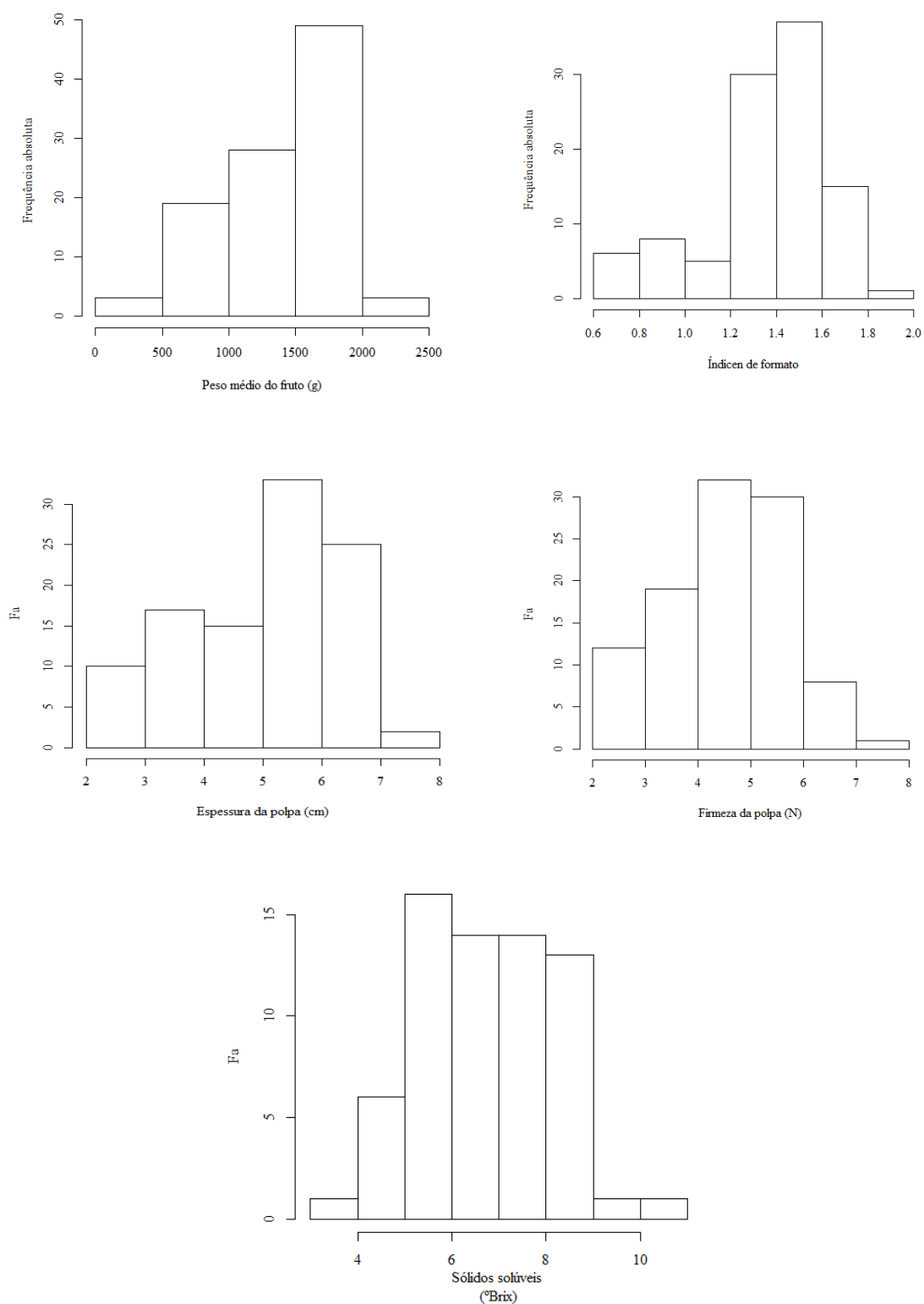


Figura 8 - Histograma com as frequências absolutas dos caracteres peso médio do fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza de polpa, sólidos solúveis e rachadura do fruto de plantas F2 do cruzamento OL x PV. Mossoró-RN, 2015.

Observou-se significância para blocos, efeitos aditivos e de dominância para todos os caracteres nos dois cruzamentos (Tabela 14). Em todas as situações, o efeito aditivo explicou

mais da variação em relação ao efeito de dominância. A falta de ajuste foi não significativa em todas as situações, evidenciando que o modelo aditivo dominante sem a presença da epistasia e realizado em blocos casualizados foi adequado.

Tabela 14- Teste F (Wald) para o modelo aditivo-dominante para cinco caracteres relacionados à qualidade do fruto de melão nos cruzamentos OL x A-16 e OL x PV. Mossoró-RN, 2015.

FV	Gl	F (Wald) – Caracteres				
		PMF	IF	EP	FP	SS
		(g)		(cm)	(N)	(°Brix)
Cruzamento OL x A-16						
Bloco	7,34	9,32**	8,98**	8,52**	29,28**	12,92**
[a]	18,9	142,80**	42,21**	210,86**	166,62**	174,79**
[d]	5,55	62,77**	10,40**	48,82**	35,85**	49,76**
Não ajuste	14,4	1,77 ^{ns}	2,29 ^{ns}	1,48 ^{ns}	0,59 ^{ns}	0,53 ^{ns}
Cruzamento OL x PV						
Bloco	7,34	14,43**	17,42**	6,34**	3,62**	4,12**
[a]	18,9	28,75**	228,45**	10,34**	26,53**	16,03**
[d]	5,55	22,43**	27,32**	10,22**	16,96**	10,91**
Não ajuste	14,4	0,16 ^{ns}	0,02 ^{ns}	1,61 ^{ns}	0,34 ^{ns}	0,20 ^{ns}

^{**}: Significativo a $p < 0,01$ pelo teste F de Wald. ns: não significativo. PMF: Peso Médio dos Frutos; IF: Índice de Formato do Fruto; EP: Espessura de Polpa; FP: Firmeza de Polpa; SS: Sólidos Solúveis.

A herança do peso médio do fruto do meloeiro tem presença de efeitos aditivos e de dominância no controle genético do caráter segundo Zalapa (2005). O autor não determinou o número de genes que governavam o caráter em questão. Para este mesmo caráter, Monforte et al. (2004) e Paris et al. (2008), utilizando marcadores moleculares, verificaram controle poligênico. Para o formato do fruto, também se observou herança poligênica (PERIN et al., 2002; MONFORTE et al., 2004; PARIS et al., 2008).

Barros et al. (2011) concluíram que a espessura da polpa é controlada somente por efeito aditivos, porém Costa (2012) concluiu que a referida característica é controlada por efeitos aditivos e de dominância.

A firmeza da polpa é governada por efeitos aditivos e não aditivos. No entanto, a herança da espessura e firmeza de polpa por estudos clássicos e o número de genes envolvidos no controle genético ainda são desconhecidos pelos pesquisadores (FERNANDEZ-TRUJILLO et al., 2011).

Para o teor de sólidos solúveis, existem controvérsias em relação ao controle genético. Enquanto Kalb e Davis (1984), Singh e Randhawa (1990) e Lopes (1991) constataram predominância de efeitos aditivos; Lippert e Legg (1972), Kalb e Davis (1984), Rizzo (1999), Barros et al. (2011) e Costa (2012) detectaram efeitos aditivos e de dominância (não aditivos) envolvidos na herança do referido caráter.

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.

As estimativas da variância aditiva foram superiores àquelas da variância de dominância para todos os caracteres (Tabela 15). A variância aditiva-dominante foi praticamente nula em todas as situações, com exceção do índice de formato e firmeza da polpa no cruzamento OL x A-16 e sólidos solúveis no cruzamento OL x PV.

Tabela 15 - Estimativas de componentes de variância do modelo aditivo dominante para cinco caracteres relacionados à qualidade do fruto de melão nos cruzamentos OL x A-16 e OL x PV. Mossoró-RN, 2015.

Componente	Estimativas - Caracteres				
	PMF (g)	IF	EP (cm)	FP (N)	SS (°Brix)
Cruzamento OL x A-16					
σ^2_A	28007,00	0,008	1,808	5,864	4,695
σ^2_D	16474,00	0,006	0,765	2,706	1,575
σ^2_{AD}	0,00	0,003	0,00	0,181	0,00
σ^2_p	1718,88	0,001	0,547	0,105	0,00
σ^2_e	9023,29	0,019	0,006	0,855	0,973
h^2_r (%)	0,51	0,22	0,58	0,60	0,65
h^2_a (%)	0,81	0,46	0,82	0,90	0,87
GMD	1,08	1,22	0,92	0,96	0,82
η	24,46	14,29	5,74	6,31	5,20
Cruzamento OL x PV					
σ^2_A	94935,00	0,013	0,073	0,507	1,650
σ^2_D	49518,00	0,008	0,044	0,217	1,006
σ^2_{AD}	0,00	0,00	0,00	0,0	0,238
σ^2_p	3468,74	0,00	0,028	0,317	0,166
σ^2_e	78836,00	0,011	0,346	0,389	1,408
h^2_r (%)	0,42	0,41	0,15	0,42	0,37
h^2_a (%)	0,64	0,66	0,24	0,43	0,65
GMD	1,02	1,11	1,10	0,93	1,10
η	9,35	13,28	21,21	8,01	7,76

σ^2_A : Variância aditiva; σ^2_D : Variância de dominância; σ^2_{AD} : Variância aditivo-dominante; 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. PMF: Peso Médio dos Frutos; IF: Índice de Formato do Fruto; EP: Espessura de Polpa; FP: Firmeza de Polpa; SS: Sólidos Solúveis. GMD: grau médio de dominância; η : número de locos.

As herdabilidades no sentido restrito, no cruzamento OL x A-16, foram intermediárias para todas as características, com exceção do índice de formato, que foi reduzida (Tabela 15). As herdabilidades no sentido amplo foram elevadas para todas as características no referido cruzamento, com exceção do índice de formato, que teve herdabilidade intermediária.

No cruzamento OL x PV, as herdabilidades no sentido restrito foram intermediárias para todas as características, com exceção da espessura da polpa, com uma estimativa reduzida de herdabilidade. As herdabilidades no sentido amplo foram elevadas para todas as características, com exceção do valor reduzido para a espessura da polpa e do valor intermediário para a firmeza da polpa (Tabela 15). As herdabilidades obtidas no presente trabalho para o peso médio

do fruto, formato de fruto e sólidos solúveis estão próximas das estimativas observadas no meloeiro por Zalapa (2005) e por Melo (2010).

A herdabilidade ampla mede quanto da variância fenotípica é devido a causas genéticas (aditivas e não-aditivas), ao passo que a herdabilidade no sentido restrito mede quanto da variância fenotípica é devido às causas genéticas aditivas, herdáveis. Os valores reduzidos dificultam o processo seletivo, de vez que quanto mais próxima de 100% for a estimativa da herdabilidade, maior será a segurança em selecionar genótipos superiores (FALCONER; MACKAY, 1996). Ressalta-se que a comparação de herdabilidade entre trabalhos deve ser feita com ressalvas, pois a herdabilidade é intrínseca da população e do ambiente no qual a população foi avaliada.

A rigor, valores acima da unidade para o grau médio de dominância indicam sobredominância do caráter. Para o peso médio do fruto e índice de formato, nos dois cruzamentos, e para a espessura da polpa e sólidos solúveis para o cruzamento OL x PV, o valor indica sobredominância (Tabela 15). Para a espessura da polpa, firmeza de polpa e sólidos solúveis no cruzamento OL x A-16 e firmeza da polpa no cruzamento OL x PV, o valor do grau médio indica dominância parcial. Todavia, pode-se interpretar que grau médio de dominância próximos de 1,0 indica a presença de dominância para todos os caracteres. Considerando que as cultivares utilizados no Agropolo Mossoró-Assu são híbridos simples e que há sobredominância, a heterose pode ser explorada para todos os caracteres estudados.

O número de locos estimados para cada caráter variou entre os cruzamentos (Tabela 15). Com relação ao peso médio do fruto, os dados foram discrepantes com estimativas de aproximadamente 25 locos para o cruzamento OL x A-16 e 10 locos para o cruzamento OL x PV.

Considerando que o grau médio de dominância, que foi o mesmo nos dois cruzamentos, o que determinou a distinção acentuada foi a amplitude e variância de médias na geração F_2 . Para o índice de formato, foram estimados valores de 12 e 14 locos, para sólidos solúveis 6 e 8 locos, respectivamente, para os cruzamentos OL x A-16 e OL x PV (Tabela 5). Não foram encontradas na literatura estimativas para os caracteres peso médio do fruto, formato do fruto, espessura da polpa e firmeza da polpa. Todavia, há concordância entre os autores de que ambos os caracteres têm herança poligênica (MONFORTE et al., 2004; EDUARDO et al., 2007). Ressalta-se que o índice de formato, mesmo tendo controle poligênico, é considerado um caráter pouco influenciado pelas condições ambientais (PÉRIN et al., 2002; EDUARDO et al., 2007; FERNANDEZ-SILVA et al., 2009). Todas as investigações com QTLs pesquisadas indicaram que ao menos cinco marcadores SSR estejam envolvidos com o peso médio do fruto (MONFORTE et al., 2004; EDUARDO et al., 2007; PARIS et al., 2008; FERNANDEZ-SILVA et al., 2010) e forma do fruto (PÉRIN et al., 2002; MONFORTE et al., 2004; PARIS et al., 2008; FERNANDEZ-SILVA et al. 2009). Nesse sentido, os resultados observados neste

trabalho concordam em parte com os relatos na literatura, sugerindo que vários locos estão envolvidos na herança do peso e a forma do fruto.

Também foram verificados valores mais distintos para a espessura da polpa. Verificou-se maior estimativa no cruzamento OL x PV (~ 22 locos) em relação ao cruzamento OL x A-16 (~ 5,74 locos). Não há registros do número de locos envolvidos no controle genético deste caráter. Os resultados do presente trabalho apontam que o processo de melhoramento desta cultura possui relativa dificuldade por ser oligo/poligênica e sofrer efeito ambiental.

Com relação à firmeza da polpa, foram estimados 6 e 8 locos nos cruzamentos OL x A-16 e OL x PV, respectivamente (Tabela 15). Também não há estimativas do número de genes para este caráter. Todavia, o trabalho realizado por Moreno et al. (2008) identificou que quatro QTLs estavam envolvidos com a firmeza da polpa, valores próximos aos obtidos no presente trabalho.

No que concerne aos sólidos solúveis, o único relato registrado foi obtido por Melo (2010) ao avaliar a geração F_2 e os retrocruzamentos da população gerada por uma linhagem *inodorus* do tipo Honey Dew, com elevado sólidos solúveis e uma linhagem *conomon* com baixo teor de sólidos solúveis. Na ocasião, os autores obtiveram uma estimativa de 28 locos. Burger et al. (2002) estudaram a herança de sacarose em melão, identificando um loco de dominância completa, em que o alelo recessivo que acumula açúcar foi chamado de *suc* e em um segundo cruzamento, concluiu-se que a herança é poligênica, ou seja, mais de um gene é responsável por esta característica. Eduardo et al. (2007) observaram que a acumulação de açúcar em melão é uma característica poligênica com baixa herdabilidade. Sabe-se que o teor de sólidos solúveis envolve processos metabólicos complexos. E espera-se que muitos locos estejam envolvidos na herança dessa característica (GAO et al., 2004). Além disso, fatores ambientais como temperatura, radiação e nutrição são muito importantes na determinação desse caráter.

3.2 Testes de modelos genéticos utilizando a função de máxima verossimilhança

No estudo de modelos genéticos utilizando a função de máxima verossimilhança, os testes essenciais são aqueles do modelo 1 (modelo completo) com o modelo 7 (modelo com gene maior com efeitos aditivo e de dominância) e o teste do modelo 1 com o modelo 5 (poligenes com efeitos aditivos e de dominância). Ambos os testes foram significativos (Tabela 16) para todas as características, indicando que sua herança é governada por um gene de efeito maior com efeito aditivo e de dominância e poligenes com efeitos aditivos e de dominância. Esses resultados corroboram com as estimativas de número de genes obtidas na análise clássica de gerações (Tabela 15).

Tabela 16 - Testes de modelos genéticos utilizando a função de máxima verossimilhança para cinco caracteres para cinco caracteres relacionados à qualidade do fruto de melão, no cruzamento OL x A-16 e no cruzamento OL x PV. Mossoró-RN, 2015.

Testes entre modelos	gl	χ^2_c				
		PMF(g)	IF	EP(cm)	FP(N)	SS(°Brix)
Cruzamento OL x A-16						
1 vs 2	3	23,08**	7,46**	44,16**	7,29**	6,46**
1 vs 3	1	15,54**	1,76 ^{ns}	6,98**	0,34 ^{ns}	5,76*
1 vs 4	4	97,93**	13,96**	61,51**	33,74**	43,24**
1 vs 5	5	16,39**	12,00**	7,49**	17,22**	43,24**
1 vs. 6	5	97,93**	13,96*	61,51**	33,74**	43,28**
1 vs. 7	5	110,64**	16,53**	119,46**	37,47**	45,55**
1 vs. 8	6	112,65**	17,31**	73,85**	45,75**	46,97**
1 vs. 9	7	197,39**	52,54**	125,46**	120,04**	124,05**
Cruzamento OL x PV						
1 vs 2	3	33,43**	12,43**	41,24**	15,87**	12,34**
1 vs 3	1	23,23**	17,23**	18,34**	32,23**	12,54**
1 vs 4	4	11,23**	18,70**	29,32**	17,98**	13,76**
1 vs 5	5	12,32**	13,43**	11,43**	16,32**	21,23**
1 vs. 6	5	3,27 ^{ns}	0,70 ^{ns}	9,49 ^{ns}	18,64**	1,47 ^{ns}
1 vs. 7	5	8,75 ^{ns}	14,76**	9,22*	10,65**	9,81**
1 vs. 8	6	8,90 ^{ns}	70,04**	9,69 ^{ns}	21,42**	1,51 ^{ns}
1 vs. 9	7	9,39 ^{ns}	0,42 ^{ns}	26,75**	25,88**	3,09 ^{ns}

PMF: Peso Médio dos Frutos; IF: Índice de Formato do Fruto; EP: Espessura de Polpa; FP: Firmeza de Polpa; SS: Sólidos Solúveis. **, *: Significativo a 1 e 5% pelo teste de Qui-quadrado.

A adequação ao modelo aditivo-dominante foi observada em razão da não significância da estimativa de Qui-quadrado (χ^2) (Tabela 16), indicando que os desvios são devido ao acaso.

A constatação da presença de efeitos aditivos e de dominância é importante informação para o melhorista. Como o efeito não aditivo está presente na genética do caráter avaliado, é preferível sua exploração pela geração de híbridos. A principal vantagem associada à adoção de híbridos é a uniformidade dos frutos. É notório que nos campos de meloeiro dos pólos agrícolas Mossoró-Assu e do Vale do Jaguaribe as cultivares utilizadas são híbridos simples de alto

rendimento e qualidade do fruto (NUNES et al., 2005). Esse quadro também é encontrado nos Estados Unidos e Europa (GUSMINI; WEHNER, 2008).

4 CONCLUSÃO

A herança dos caracteres peso médio do fruto, índice de formato, espessura da polpa, firmeza da polpa e sólidos solúveis é complexa, com a presença de um gene de efeito maior e poligenes com efeitos aditivos e de dominância.

5 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.

COSTA, N. D. **O cultivo do melão**. Disponível em: <<http://www.hortibrasil.org.br/jnw/images/stories/Melao/m.69.pdf>>. Acesso em: 24 fev. 2012.

EDUARDO, I.; ARUS, P.; MONFORTE, A. J.; OBANDO, J.; FERNANDEZ-TRUJILLO, J. P.; MARTINEZ, J. A.; ALARCON, A. L.; ALVAREZ, J. M.; VAN DER KNAAP, E. Estimating the genetic architecture of fruit quality traits in melon using a genomic library of near isogenic lines, **J Am Soc Hortic Sci**, v. 132, p. 80-89, 2007.

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

FERNANDEZ-SILVA, I.; MORENO, E.; EDUARDO, I.; ARUS, P.; ALVAREZ, J. M.; MONFORTE, A. J. On the genetic control of heterosis for fruit shape in melon (*Cucumis melo* L.) **J. Hered**, v. 100, p. 229–235, 2009.

FERNANDEZ-SILVA, I.; MORENO, E.; ESSAFI, A.; FERGANY, M.; GARCIA-MAS, J.; MARTÍ-N-HERNANDEZ, A. M.; ÁLVAREZ, J. M.; MONFORTE, A. J. Shaping melons: agronomic and genetic characterization of QTLs that modify melon fruit morphology. **Theor Appl Genet**, v. 121, p. 931–940, 2010.

FERNANDEZ-TRUJILLO, J. P.; PICÓ, B.; GARCIA-MAS, J.; ÁLVAREZ, J. M.; MONFORTE, A. J. Breeding for fruit quality in melón. In: JENKS, M. A.; BEBELI, P. J. (org.). **Breeding for fruit quality**. Hoboken, NJ, USA: John Wiley & Sons, Inc., 261–278, 2011.

FURLANI, P. R. Hydroponic vegetable production in Brasil. **Acta Horticulturae**, v. 481, p. 777-778, 1999.

GAO, Z.; PETREIKOV, M.; BURGER, Y.; SEHN, S.; SCHAFFER, A.A. Stachyose to sucrose metabolism in sweet melon (*Cucumis melo*) fruit mesocarp during the sucrose accumulation stage, p. 471–475, 2004. In: Lebeda, A.; Paris, H.S. (org.). Progress in cucurbit genetics breeding research. Palacký University in Olomouc, Olomouc, Czech Republic. 2004.

GUSMINI, G.; WEHNER, T. C. Fifty-five years of yield improvement for cucumber, melon, and watermelon in the United States. **Hort Technology**, v. 18, p. 9-12, 2008.
IBGE, INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA, Produção Agrícola Municipal, 2013, Rio de Janeiro: IBGE, 2014.

INMET- Instituto Nacional de Meteorologia, Disponível em: <http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=home/page&page=rede_estacoes_auto_graf>. Acesso em: 01 fev. 2015.

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, 1996.

LIPPERT, F. L.; LEGG, P. D. Diallel analysis for yield and maturity characteristics in muskmelon cultivars. **Journal American Society Horticulture Science**, Alexandria, v. 97, n. 1, p. 87-90, 1972.

LOPES, M. M. **Caracteres descritivos e estimativas de parâmetros genéticos de cruzamento dialélico parcial entre cinco cultivares de melão (Cucumis melo L.)**. 1991, 45f. Dissertação (Mestrado Fitotecnia) Escola Superior de Agricultura de Mossoró, Mossoró, 1991.

LYNCH, M.; WALSH, J. B. **Genetics and Analysis of Quantitative Traits**. Sunderland: Sinauer Associates, 1998.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Biometrical genetics**. London: Chapman and Hall, 1982. 382p.

MELO, D. R. M. **Avaliação de acessos e controle genético de sólidos solúveis em frutos de meloeiro**. 2010, 78f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia: Melhoramento genético) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, 2010.

MONFORTE, A. J.; OLIVER, M.; GONZALO, M. J.; ALVAREZ, J. M. Dolcet-Sanjuan R, Arus P: Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (Cucumis melo L.), **Theor Appl Genet**, v. 108, p. 750-758, 2004.

MORENO, E.; OBANDO, J. M.; DOS-SANTOS, N.; FERNANDEZ-TRUJILLO, J. P.; MONFORTE, A. J.; GARCIA-MAS, J. Candidate genes and QTL for fruit ripening and softening in melon. **Theor Appl Genet**, v. 116, p. 589-602, 2008.

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**, Brasília, v. 23, n. 1. p. 90-94, 2005.

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 3 elite US Western Shipping germplasm, **Mol Breeding**, v, 22, p, 405–419, 2008.

PERIN, C.; GOMEZ-JIMENEZ, M.; HAGEN, L.; DOGIMONT, C.; PECH, J. C.; LATCHE, A.; PITRAT, M.; LELIEVRE, J. M. Molecular and genetic characterization of a non-climacteric phenotype in melon reveals two loci conferring altered ethylene response in fruit, **Plant Physiol**, v. 129, p. 300-309, 2002.

PIEPHO, H. P. E.; MOHRING, J. Generation Means Analysis Using Mixed Models. **CROP SCIENCE**, v. 50, p. 1674-1680, set.–out. 2010

RIZZO, A. A. N. **Avaliação de caracteres agrônômicos e qualitativos de cinco cultivares de melão rendilhado (*Cucumis melo* var. *reticulatus* Naud.) e da heterose em seus híbridos F1**. 1999. 56f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.

SAS Institute. SAS Technical report SAS/STAT Software. Version 9.2. Cary Nc: SAS Institute, 2006.

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.

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

YAMAGUCHI, M.; HUGHES, D. L.; YABUMOTO, K.; JENNINGS, W. C. Quality of cantaloupes: variability and attributes, **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 6, p. 59-70, 1977.

ZALAPA, J. E. **Inheritance and mapping of plant architecture and fruit yield in melon (*Cucumis melo* L.)** 2005, 23p. Tese (Doctor of Philosophy (Plant Breeding and Plant Genetics). University of Wisconsin, Madison. 2005.

ZALAPA, J.E.; STAUB, J.E.; MCCREIGHT, J.D. Generation means analysis of plant architectural traits and fruit yield in melon. **Plant Breed**, v. 125, p. 482–487, 2006.

ZALAPA, J. E.; STAUB, J. E.; MCCREIGHT, J. D. Variance component analysis of plant architectural traits and fruit yield in melon. **Euphytica**, v. 162, p. 129–143, 2008.

APÊNDICE

Apêndice 1: *Primers* Microssatélites (SSR) selecionados para avaliação de qualidade de fruto em melão, com suas respectivas sequências de bases, temperatura de anelamento ajustadas, tamanho esperado para o fragmento em pares de bases (pb) e os Grupos de Ligação onde estão inseridos.

Primer	Sequencia forward 5'-3'	Sequencia reversa 5'-3'	T.A	T. E. (pb)	LG
CMGA128	ATGAAGAAGGGATATTCAAAG	ACTCCATTGTTGCTAACCTTT	50	-	III
CMGA127	GAACTAAGACTCTCCAATTAA	ATGTCCCTAACTGCCAAACATA	50	-	V
CMAG59	TTGGGTGGCAATGAGGAA	ATATGATCTTCCATTTCCA	45	-	VIII
CMTC13	TGGATGGATAAGGTGGTAAG	TTCCCTAGTCGCTCTCT	45	-	VIII
CMCTT144	CAAAAGGTTTCGATTGGTGGG	AAATGGTGGGGTTGAATAGG	55	192	VIII
CMCT44	TCAACTGTCCATTTCTCGCTG	CCGTAAAGACGAAAACCCTTC	53	104	II
CMTC47	GCATAAAAGAATTTGCAGAC	AGAATTGAGAAGAGATAGAG	38	168	IX
CMCCA145	GAGGGAAGGCAGAAACCAAAG	GCTACTTTTGTGGTGGTGG	53	142	I
CMTC168	ATCATTGGATGTGGGATTCTC	ACAGATGGATGAAACCTTAGG	50	200	IV
CMTC123	CGGATTGTACTTATTGCCAAG	CATGTGCATGTGTGCATGTAC	50	106	VI
CMGT108	CTCCTTCAAACATTGTGTGTG	GAGATAGGTATAGTATAGGGG	50	187	II
CMCTN2	CTGAAAGCAGTTTGTGTGCA	AAAGAAGGAAGAGGCTGAGA	50	172	V
CMCTN4	AAAACAAAAGCTCTCCACGA	CTTTCCTTTATTATGCCTACG	50	126	I
CMCTN5	CACCTTAAAGTTTAGCCCC	AAAAATGCAATGAACTGAGCGC	53	211	III
CMTCN6	GCATTGCTCGATCAGTTTAC	ACTCCGTCAAGATCCCCAAA	50	151	IV
CMCTN7	AATGACACTGCCCACATTCT	AGGTTTTTCAATGGAGGGGA	53	130	IX
CMTCN8	CCTCCGCCACATATTACAAT	TTCATCTTGACACGTAAGAG	50	164	X
CMGAN12	TTTTTGTCGTTATATGAGGG	GTTGCATAATGCTAATTTGG	58	179	XI
CMCTN19	GAATGATTGGAGCAACCAGT	GCTTTTTGAATTTGTGCAGGG	53	103	X
CMGAN25	AGCCAATGTGAAGGATGAACA	TGCAATTAGCCTCTTCTCTA	53	164	VIII
CMAGN33	CTGTCTGCTATTCTCCACTTGG	TGTATGCCACGTAGCGAAAC	53	122	XII
CMCTN35	CCAATAATGTAATCGTCTTGG	GTTCCAAACTTTCTACCAATCA	60	186	V

CMCTN38	TAAAACACTCTCGTGACTCC	GATCTGAGGTTGAAGCAAAG	58	141	VI
CMTCN41	CCCCAAGATTCGTATTAATC	TGGTAGTAGAGATGATATAC	58	129	VI
CMAGN52	CCACCAACATAACACACAAC	CTCTCACACTGTTGGGAAGA	50	135	V
CMTCN56	CTTTTCTCTTCTTCTATTCTC	ATCCAAAAGGAATCGGAAAG	50	96	VIII
CMTCN62	AAGATCGCCTCTATCACAG	ATTTGTACTCCCAACGCATC	50	145	XI
CMCTN65	TTAGGTGTATTTGATCTC	AATTTTATGGCTCAAGGTTT	45	119	X
CMTCN67	TCTCTTACAACCTCTTTGTCTG	GGTTCAAGGATTCATCGTTG	58	145	X
CMCTN71	TCAATTTTTGCCAAACAAGC	CAAGGACACAGATTTAATAC	50	160	V, X
CMAGN73	ATCCAACCTCGACCAAGAAAC	CAGCTCTACAACAACATCTC	50	130	IV
CMAGN79	CTTCACTAAAACCTACAAGAG	TTCCAACCTATTCATCCAC	45	153	IV
CSWCT33	ATCTACCATATTCCAACCTAAACA	GTGGCTTTTGTGGAAAGCATCTTC	53	218	VIII
CSWTA05	GCATGAGCTCGAGCTGGTGTAGTG	CGCCTGTTTTTCATTTTGATTGGTT	60	278	XII
CMMS14-1	CATTGCTACTATTGTCGTCGTTGCT	TTTCTTTCTTTTCCGTATCCATTTT	62	400	VIII
CMMS27-1	TCCATGAATTTATCGGGACTTACCA	TTGCCTCATTACTCAACTGTATTTT	62	263	I
CMMS35-3	CGGAGAAGAAGGAAGGGTTTTAAGA	ATTCGTAGTTTCATACTCTCTTTCTC	65	312	I
CMBR75	TCACATGGTGGTGAATGTTTTT	TCCATCTTCTGTTGTGTTAAGATT	53	119	VIII
CMBR88	CCACTAAAGTTTCCTTATGTTTTGG	TGGTTGAGGAAGACTACCATCC	58	148	VIII
CMBR139	AAACGCATCTTTCCAGTTAGGA	TCCAAACCCATCTCCATTTT	53	199	VI
CMBR143	ACAAACCGCATCTTCCATTC	TCCAAAAAGGCTAAATCACAAA	53	229	VI
CMBR125	AATCCCCACTTGTTGGTTTG	GCATGTTTTACAAATATTGTGTGG	53	126	VI
CMBR2	TGCAAATATTGTGAAGGCGA	AATCCCCACTTGTTGGTTTG	53	114	VI
CMBR39	CtGTATTGCCACGTGTCCC	GGCAAAGAAGAAGGAAGAGTGA	58	171	VI
CMBR108	TGTATTGCCACCGTGTCC	GGCAAAGAAGAAGGAAGAGTGA	53	171	VI
CMTCN56	CTTTTCTCTTCTTCTATTCTC	ATCCAAAAGGAATCGGAAAG	50	96	VIII
TJ2	GAGGAATCCGAGACCACAAC	GCCAAGTGTGTGTTGGAAAA	53	152	VIII
CMBR O3	TGCAACCGTTACAGAAGTGC	CGAGTCTCATTTTAGAATCTTCTGTT	53	187	XI
CMAGN 45	CCCACAAGAGAGAGAGAGAG	GTGTGACAGGTAGATTGTTGG	58	100	XI
CMGA 104	TTACTGGGTTTTGCCGATTT	AATTCCGTATTCAACTCTCC	53	125	XI

CMCT160a+b	GTCTCTCTCCCTTATCTTCCA	GATGGTGCCTTAGTTGTTCCG	53	215	XI
CMBR 7	AAAATGAATGGGAGTGCGTG	GCCTTCCTTTTCACCATCAA	53	122	VIII
CMBR 109	TGGAATGTACCGTGATGGGT	ATACAGCAGATCCACAGGGG	53	148	VIII
CMACC 146	CAACCACCGACTACTAAGTC	CGACCAAACCCATCCGATAA	53	152	VIII
CMAGN 68	GGAAGGAAATTAGCATGCAC	GCCACTCTGTCTTTCTTCC	55	190	II
CMGA 165	CTTGTTTCGAGACTATGGTG	TTCAACTACAGCAAGGTCAGC	50	97	X
CMTAAN 100	CGAATCTCCGGAACAGACAC	CCGTCTACAAGCGTGACTGTC	53	175	V
CMTAA 166	GGAACAGACACCTCTTCTGAG	TCCGTCTACAAGCGTGACTGT	53	167	V
CMTCN 14	TATATTGGCTTTGGCTCTCG	GATTTCGTTATCTCGACCAAC	59	165	XII
CMMS2-3	ATCACCCACCCCACTGCCAAAA	CCTTGAAAAACCAACATAACAC	60	213	V
CMMS4-3	ACCGAAATCATAAGGAACATAAGAG	TATGAGCTGTGTTGTGTATGAAAAC	60	292	I
CMMS12-6	AACATGATGTGTTTACCAACTTTTT	GGTTAAGGGAAAGTGAAGAGATGGT	60	174	
CMMS22-2	CGTTATACAAGATAGAGATAGAGAG	TTCAACTAATCCCCAAGACAAACAA	60	178	I
CMMS30-3	TTCCCACCAGCCCAACGGACACACT	GAGATACAGAAACGACGACTAACCT	60	271	VII
CMMS35-4	ACGGATACATCGAGGAGACTTCATG	GTCAGCTTCAACCCTTTACTTTTTTC	60	174	XII
CMMS35-5	AACGGGATTTTGGAGGCATATTCGG	CTCCCCAGTGTATCAGCCAAATCTC	60	105	IX
CMCT505	GACAGTAATCACCTCATCAAC	GGGAATGTAAATTGGATATG	42	219	I
CMBR44	AACAAGTCTGTGTGTGTGTGAGA	ACCATTTGAAAAGAGGCAGGA	56	108	II
CMGAN3	GTAAAGGCTATGGTATAGAAC	AGAATAAGGTCCACATAAGG	42	203	V

T.A.: Temperatura Ajustada (°C), T. E: Tamanho esperado para o fragmento em pares de bases (PB)