

VALADARES, RN; MELO, RA; SILVA, JAS; ARAÚJO, ALR; SILVA, FS; CARVALHO FILHO, JLS; MENEZES, D. 2017. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações em acessos de melão do grupo *momordica*. *Horticultura Brasileira* 35: 557-563. DOI - <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620170413>

Estimativas de parâmetros genéticos e correlações em acessos de melão do grupo *momordica*

Ricardo N Valadares¹; Roberto A Melo¹; Jordana Antônia S Silva¹; Ana Luisa R Araújo²; Fabian S Silva¹; José Luiz S Carvalho Filho¹; Dimas Menezes¹

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Recife-PE, Brasil; rnavaladares@yahoo.com.br (autor correspondente); robertoagronomo@yahoo.com.br; jord.antonio@hotmail.com; fabianufrpe@gmail.com; joseluiz.ufrpe@yahoo.com.br; dimasmenezes@superig.com.br; ²Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras-MG; Brasil; luisarodrigues21@gmail.com

RESUMO

Os melões do grupo *momordica* constituem uma importante hortaliça da família Curcubitaceae, cultivada em muitas cidades brasileiras, principalmente por pequenos agricultores do Nordeste e alguns do Sul do Brasil. Visto que são escassos ou inexistentes os estudos com esse grupo botânico, objetivou-se estimar os parâmetros genéticos e as correlações genéticas, fenotípicas e ambientais para os caracteres comerciais de 23 acessos de melão do grupo *momordica*, visando informações para uso em programas de melhoramento. Os dados foram obtidos de um experimento em delineamento de blocos casualizados e oito repetições, conduzido em casa de vegetação da Universidade Federal Rural de Pernambuco, entre os meses de abril e julho de 2013. De modo geral, os acessos avaliados apresentaram elevada variabilidade genética, com as estimativas de herdabilidade, coeficiente de variação genético e razão (CV_g/CV_v) ou índice *b* expressando valores de magnitude elevada para a maioria das características avaliadas. As correlações genéticas apresentaram sinais semelhantes e com valores superiores às suas respectivas correlações fenotípicas e ambientais para a maior parte dos pares avaliados, exceto para o par CFr (comprimento de fruto) x MFr (massa média de frutos). As correlações positivas e de alta magnitude foram obtidas para a associação entre a EPo (espessura de polpa) com as características TSo (teor de sólidos solúveis) e MFr, TSo x CMa (número de dias do florescimento à maturação), MFr x CMa, enquanto que a RFr (razão comprimento/largura do fruto) se correlacionou negativamente com a maioria das características avaliadas, indicando que a seleção deverá ser realizada visando frutos de formato mais arredondado, maior peso e espessura de polpa.

Palavras-chave: *Cucumis melo* var. *momordica*, snapmelon, variabilidade genética, correlações genéticas, herdabilidade.

ABSTRACT

Estimates of genetic parameters and correlations in melon accessions of the *momordica* group

The melons of *momordica* group constitute an important vegetable of the Curcubitaceae family, grown in many Brazilian cities, mainly by small farmers in the Northeast and some of southern Brazil. Since there are few or no studies about this botanical group, the authors aimed to estimate genetic parameters and genetic, phenotypic and environmental correlations of the commercial character of 23 melon accessions from the *momordica* group, seeking information to be used in breeding programs. Data were obtained from an experiment installed in randomized block design in eight replications, performed at the greenhouse of Rural Federal University of Pernambuco, between April and July 2013. In a general way, the assessed accessions showed high genetic variability, where the estimates of heritability, coefficient of genetic variation and reason (CV_g/CV_v) or index *b* expressing values of high magnitude for the major evaluated characteristics. The genetic correlations presented similar traces and superior values when compared with their phenotypic and environmental correlations for the most of the assessed pairs, except for the pair CFr (fruit length) x MFr (average fruit mass). Positive and high magnitude correlations were obtained for the association between Epo (pulp thickness) and Tso (solids soluble content) and MFr, Tso x CMa (number of days from flowering to maturation), MFr x CMa, while the RFr (length/width ratio of the fruit) is negatively correlated with the most features, indicating that the selection should be carried out to obtain more round and heavier fruits which show higher values of pulp thickness.

Keywords: *Cucumis melo* var. *momordica*, genetic diversity, genetic correlations, *snap melon*, heritability.

(Recebido para publicação em 5 de maio de 2016; aceito em 23 de março de 2017)
(Received on May 5, 2016; accepted on March 23, 2017)

O melão, (*Cucumis melo*) é uma cucurbitácea cujo centro de origem envolve as regiões tropicais e subtropicais da África (Akashi *et al.*, 2001). Destaca-se como uma das hortaliças de grande expressão econômica e social da família cucurbitácea no Brasil e no

mundo.

Ao longo dos tempos, diversas classificações intraespecíficas foram propostas para a espécie *C. melo*, tendo em vista sua imensa variabilidade genética para diversas características. Uma delas propôs a divisão da espécie em

seis grupos botânicos: *cantaloupensis*, *inodorus*, *conomon*, *dudaim*, *flexuosus* e *momordica* (Robinson & Decker-Walters, 1997).

Entretanto, apenas dois destes grupos botânicos têm sido considerados os mais importantes do ponto de vista

comercial e social: o *inodorus* e o *cantaloupensis*, ambos concentram juntos os tipos varietais de melões mais cultivados e comercializados no Brasil, entre eles, os tipos amarelo, pele de sapo e cantaloupe (Aragão, 2011).

De toda a produção nacional de melão cultivado, cerca de 95% estão concentrados nas regiões semiáridas do nordeste, mais precisamente nos agropólos Mossoró-Assu-RN e Baixo Jaguaribe-CE, que juntos respondem aproximadamente por 80% de toda produção nacional, seguidos dos estados da Bahia e Pernambuco, terceiro e quarto maiores produtores respectivamente, com a produção concentrada no Submédio do São Francisco (IBGE, 2014).

Por outro lado, tem se observado o cultivo de melões crioulos ao longo dos tempos, na sua maioria em pequenas propriedades rurais. Um exemplo são os melões do grupo *momordica*, cujos frutos são poucos expressivos para o comércio, porém com alguma importância econômica, ainda restrita a áreas específicas da região nordeste e sul do país (Valadares, 2014).

A característica mais peculiar dos melões do grupo *momordica* é a rachadura nos frutos maduros, além de baixo teor de sólidos solúveis, baixa conservação pós-colheita e baixa resistência ao transporte e aroma suave, semelhante aos melões do grupo *cantalupensis* (Dhillon, 2008; Valadares, 2014).

Estes frutos são consumidos frescos e, por apresentarem sabor de polpa insípido, são consumidos com açúcar, mel ou adoçantes. Também são usados para o preparo de refrescos e conservas quando maduros, e cozidos quando imaturos (Valadares, 2014).

Estudos realizados com cultivares de melão do grupo *momordica* coletados na Índia, têm mostrado acessos com resistência genética a várias pragas e doenças, entre elas, as fúngicas, *Fusarium oxysporum*, *Podosphaera xanthii*, *Myrothecium roridum* (Nascimento *et al.*, 2012), o nematoide *Meloidogyne incognita*, o vírus PRSV (*Papaya Ring Spot Virus*) (Dhillon *et al.*, 2007), a mosca *Liriomyza trifolii* e o piolho *Aphis gossypii* (Fergany *et al.*, 2010).

Os melões do grupo *momordica* po-

dem constituir em uma importante fonte de alelos para uso em programas de melhoramento. No entanto, são poucas ou inexistentes as informações acerca desse grupo botânico presentes na literatura e que poderiam gerar informações para utilização nos processos seletivo de genótipos. Nesse sentido é viável e necessário que sejam realizados trabalhos envolvendo esses tipos de melões, como os estudos de caracterização morfológica, parâmetros genéticos e correlações genéticas.

Informações geradas pelos estudos de parâmetros genéticos são de fundamental importância nos processos seletivos, visto que fornecem dados de herdabilidade, predição de ganhos genéticos, avaliação das potencialidades de uma população e a eficiência relativa dos métodos de seleção e, desta forma, identificam os métodos de seleção mais eficientes (Hallauer & Miranda Filho, 1981).

Outras informações úteis são aquelas obtidas através das relações existentes entre características, e obtidas por meio das correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais (Ferreira *et al.*, 2003). Essas estimativas são importantes, principalmente quando a seleção de um caráter desejável apresenta dificuldades, seja por baixa herdabilidade e/ou por problemas de medição e identificação, permitindo obter ganhos em uma delas, através da seleção indireta em outra (Cruz & Regazzi, 2012).

O conhecimento dos parâmetros genéticos, bem como o estudo das correlações genéticas entre características de interesse presentes nos melões do grupo *momordica*, poderiam contribuir para avanços em programas de melhoramento do meloeiro, além de permitir o aumento da eficiência dos processos de seleção na busca de fontes de resistência, e com isso facilitar a escolha de acessos para futuros cruzamentos, uma vez que os melões de diferentes grupos botânicos podem ser cruzados sem nenhuma barreira.

Diante do exposto buscou-se neste trabalho estimar os parâmetros genéticos e as correlações entre caracteres morfológicos de melão do grupo *momordica*, a fim de contribuir com maiores informações para orientação de

estratégias de seleção em programas de melhoramento do meloeiro.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no Departamento de Agronomia, Área de Fitotecnia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, Campus Dois Irmãos, localizado na Mesorregião da Mata Pernambucana, em Recife-PE (8°10'52''S, 34°54'47''O, altitude 4 m), no período de abril a julho de 2013.

O experimento foi conduzido em casa de vegetação do tipo arco, com 30 m de comprimento, 14 m de largura, pé direito de 3 m, com telas de proteção lateral com 50% de sombreamento e teto coberto com filme de polietileno de baixa densidade com 150 micrometros de espessura.

O experimento foi composto de 23 acessos de melões do grupo *momordica* coletados nos estados de Pernambuco, Bahia, Minas Gerais, Paraná e Rio Grande do Sul. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados com 23 tratamentos, oito repetições e a parcela experimental constituída de dois vasos, com uma planta cada.

O semeio foi realizado em bandejas de poliestireno expandido com 128 células preenchidas com substrato agrícola para hortaliças. Dez dias após o plantio, com o aparecimento da primeira folha definitiva, as mudas foram transplantadas para vasos com capacidade de 5,0 L, contendo substrato inerte pó de coco.

Foi mantida apenas uma planta por vaso, no espaçamento de 1,75 x 0,60 m. As plantas foram tutoradas verticalmente. Após o aparecimento da quinta folha foi realizada a despona na terceira folha e condução com apenas uma haste secundária.

Os brotos terciários foram eliminados até a oitava folha. Durante a frutificação foi realizado o raleio de frutos, deixando apenas dois frutos por planta e em ramos terciários diferentes a fim de reduzir a competição entre os mesmos, favorecendo o seu crescimento e qualidade. Esse procedimento foi realizado em quatro blocos. As plantas dos

quatro blocos restantes foram conduzidas apenas com o ramo principal sendo eliminados os brotos secundários até a oitava folha. Tanto os ramos terciários como os secundários que apareceram após a oitava folha foram podados após a sua segunda folha.

A nutrição mineral e a necessidade hídrica das plantas foram supridas

através de solução nutritiva balanceada em cada etapa do desenvolvimento da planta através de um sistema de irrigação por gotejamento com um emissor de 2 L/h por duas a quatro vezes por dia de acordo com as condições climáticas e absorção de água pelas plantas. O fornecimento da solução nutritiva era suspenso com o início da sua drenagem

pela parte inferior dos vasos.

Foram avaliadas em todas as plantas e frutos da parcela as seguintes características: diâmetro do pedúnculo (DPe), tamanho da cicatriz do pistilo (TCi), largura de fruto (LFr), comprimento de fruto (CFr), espessura da polpa (EPo), massa fresca dos frutos (MFr), teor de sólidos solúveis (TSO), número de dias

Tabela 1. Teste de médias para as características avaliadas em 23 acessos de melão do grupo *momordica* (mean test for the evaluated characteristics of 23 *momordica* group melon accessions). Recife, UFRPE, 2013.

Acessos	DPe (mm) ¹	TCi (mm) ¹	CFr (cm) ¹	LFr (cm) ¹	RFr ¹	EPo (cm) ¹	TSO (%) ¹	MFr (kg) ¹	FMa (dias) ¹	FFe (dias) ¹	CMa (dias) ¹
A-01	6,20 b	3,50 e	31,04 c	10,06 e	3,11 b	2,31 d	2,45 e	1,41 c	35 a	48 a	66 d
A-02	6,40 b	3,50 e	35,66 b	10,76 d	3,31 b	2,46 d	2,57 e	1,57 c	36 a	47 a	70 c
A-03	7,20 a	3,30 e	33,65 b	11,11 d	3,04 b	2,65 d	2,94 e	1,71 c	35 a	45 b	70 c
A-04	6,10 b	2,90 e	33,38 b	9,66 e	3,70 a	2,41 d	2,42 e	1,28 c	35 a	47 a	69 c
A-05	6,40 b	3,00 e	33,64 b	10,63 d	3,17 b	2,47 d	2,69 e	1,56 c	35 a	45 b	68 d
A-06	6,70 a	2,60 e	33,82 b	10,18 e	3,34 b	2,30 d	2,83 e	1,47 c	37 a	48 a	71 c
A-07	5,53 b	2,50 e	29,69 c	8,53 f	3,71 a	2,02 d	2,84 e	1,04 c	36 a	43 c	66 d
A-08	6,90 a	2,60 e	35,81 b	11,15 d	3,27 b	2,78 c	2,49 e	1,71 c	33 b	45 b	70 c
A-09	6,50 b	3,20 e	31,28 b	9,83 e	3,19 b	2,55 d	2,45 e	1,40 c	36 a	40 d	67 d
A-10	7,60 a	6,30 d	26,21 d	11,09 d	2,36 c	3,10 c	5,34 d	1,52 c	30 c	38 d	75 b
A-11	6,40 b	2,80 e	35,49 b	10,55 d	3,36 b	2,69 d	2,82 e	1,66 c	34 a	40 d	70 c
A-12	6,40 b	2,80 e	34,01 b	10,85 d	3,17 b	3,08 c	2,57 e	1,43 c	36 a	44 b	67 d
A-13	7,20 a	2,50 e	30,67 c	9,63 e	3,33 b	2,32 d	2,91 e	1,34 c	36 a	44 b	68 d
A-14	6,10 b	3,10 e	35,27 b	10,89 d	3,25 b	2,43 d	2,82 e	1,56 c	34 a	43 c	69 c
A-15	6,60 b	2,90 e	31,94 c	10,50 d	3,03 b	2,26 d	2,71 e	1,36 c	35 a	45 b	69 c
A-16	6,90 a	2,90 e	34,89 b	10,78 d	3,03 b	2,54 d	2,49 e	1,49 c	35 a	45 b	70 c
A-17	6,40 b	2,70 e	34,43 b	11,08 d	3,21 b	2,70 d	2,76 e	1,64 c	36 a	45 b	69 c
A-18	7,20 a	2,80 e	39,70 a	12,80 c	3,09 b	2,86 c	2,78 e	2,22 b	36 a	45 b	71 c
A-19	6,50 b	4,30 e	31,88 c	12,38 c	2,72 b	3,27 c	2,85 e	1,96 b	35 a	42 c	71 c
A-20	7,00 a	8,80 c	31,37 c	16,23 a	1,94 d	4,98 a	6,29 c	2,80 a	38 a	44 b	81 a
A-21	6,80 b	9,90 c	25,23 d	12,41 c	2,05 d	2,93 c	5,86 c	1,49 c	36 a	42 c	76 b
A-22	6,60 b	14,50 a	23,05 e	14,27 b	1,61 e	4,09 b	9,42 a	1,76 c	35 a	42 c	73 b
A-23	7,10 a	11,40 b	22,45 e	13,34 b	1,63 e	3,47 c	8,74 b	1,92 b	36 a	43 c	75 b
Mínimo	5,5	2,5	22,45	8,53	1,62	2,03	2,42	1,04	30	38	66
Máximo	7,6	14,5	39,7	16,23	3,71	4,98	9,42	2,8	38	48	81
Média	6,64	4,56	31,94	11,25	2,94	2,81	3,65	1,62	35	44	70
CV(%)	10,42	30,88	9,54	9,42	11,88	25,83	18,25	23,19	5,23	6,11	4,08

DPe= diâmetro do pedúnculo (peduncle diameter); TCi= tamanho da cicatriz do pistilo (pistil scar size); CFr = comprimento do fruto (fruit length); LFr = largura do fruto (width of the fruit); RFr = razão comprimento/largura do fruto (length/width ratio of the fruit); EPo = espessura de polpa (pulp thickness); TSO = teor de sólidos solúveis (soluble solids content); MFr = massa média dos frutos (fresh mass of the fruits); FMa = número de dias para o florescimento masculino (days to male flowering); FFe = número de dias para o florescimento feminino (days to female flowering); CMa = número de dias para a maturação dos frutos (days until fruit maturity). ¹Médias seguidas de letras diferentes na coluna diferem entre si pelo teste de Scott-Knott (p<0,05). (averages grouped by Scott-Knott test, p<0.05).

para o florescimento masculino (FMa), número de dias para o florescimento feminino (FFe), número de dias do florescimento à maturação (CMa).

Os dados coletados foram transformados para média da parcela e submetidos à análise de variância. A partir das análises de variâncias foram obtidas as estimativas de variância genética (σ^2_G), ambiental (σ^2_E) e fenotípica (σ^2_F), herdabilidade no sentido amplo (h^2) e as correlações genéticas fenotípicas, ambientais e genéticas utilizando as expressões apresentados por (Cruz, 2006), e todas as análises genético-estatísticas processadas com auxílio do programa Genes, VS 2013.5.1 (Cruz, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os resultados da análise de variância, assim como os coeficientes de variação experimental (Tabela 1), revelaram a existência de variabilidade genética entre os acessos para todas as características estudadas, uma vez que o efeito dos genótipos foi significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Os valores estimados dos componentes de variância fenotípica, genética e ambiental (Tabela 2), mostram que os valores da variância devido ao efeito do genótipo foram superiores aos da variância ambiental para as seguintes características TCi, CFr (comprimento do fruto), LFr, RFr (razão comprimento/largura do fruto), TSo (teor de sólidos solúveis), FMa, FFe e CMa (número de dias do florescimento à maturação), com contribuições percentuais para a variância fenotípica de 84%, 65%, 71%, 74%, 90%, 67%, 45% e 59% respectivamente, enquanto que para as demais características a variância ambiental teve maior influência na expressão do fenótipo.

Por consequência, as características TCi, CFr, LFr, razão comprimento/largura do fruto), TSo e CMa apresentaram as maiores estimativas de herdabilidade, todas superiores a 90% (Tabela 2). Tais estimativas podem ser consideradas elevadas, resultado já esperado em virtude da herdabilidade estar diretamente associada aos altos valores obtidos para

variância genética nestas características. Valores como esses são importantes por permitir maior confiabilidade para se selecionar genótipos superiores, quando apresentam valores próximos de 100%, aumentando as chances de ganho genético com a seleção (Rocha *et al.*, 2009; Falconer & McKay, 1996).

Pandey *et al.* (2003), ao avaliar 63 acessos de melão do grupo *momordica* coletados na Índia, obtiveram resultados superiores aos obtidos neste estudo para as características CFr e MFr (massa fresca de frutos), com estimativas de herdabilidade de 99,8 e 93,8%, respectivamente.

Verificou-se ainda que os valores de herdabilidade foram superiores a 70% (Tabela 2), para as características DPe (71,77%), EPo (espessura da polpa) (84,78%), MFr (86,10%), FMa (79,99%), FFe (86,58%). Tais resultados são superiores aos obtidos por Silva *et al.* (2002) em características comuns avaliadas em famílias de meios-irmãos de meloeiros Orange RedFlesh e HTC 01.

Com isso, pode-se deduzir que o ambiente pouco influenciou a maioria

das características estudadas. Isso se deve ao fato do experimento ter sido conduzido sob casa de vegetação, onde o controle das condições ambientais é mais eficiente. Valores reduzidos de herdabilidade indicam maior efeito ambiental sobre as características, fato comum em caracteres relacionados à produção (Maia *et al.*, 2008).

Os valores para o coeficiente de variação genético oscilaram de 3,70 a 72,04%, incluindo estimativas superiores às obtidas para os coeficientes de variação ambiental para quase todas as características estudadas, TCi (72,04%); CFr (12,89 %); LFr (14,64 %); RFr (20,02%); TSo (teor de sólidos solúveis) (55,34%); FFe (5,48%) e CMa (4,93 %). Esse resultados são importantes, pois quanto maior os valores do coeficiente de variação genético, maior é a variabilidade decorrente de fatores genéticos entre os genótipos (Ribeiro *et al.*, 2009).

Para as características DPe, EPo, MFr e FMa os coeficientes de variação ambiental foram superiores com 10,42%, 25,83%, 23,20% e 5,23%, respectivamente (Tabela 2).

Quanto à relação (CVg/CVe) ou

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos para diversos caracteres de acessos de meloeiros (estimates of genetic parameters of melon accessions). UFRPE. Recife, 2013.

Parâmetros genéticos	σ^2_F	σ^2_A	σ^2_G	$h^2(\%)$	$CV_g(\%)$	$CV_e(\%)$	$b(CV_g/CV_e)$
DPe (mm)	0,0063	0,0048	0,0015	71,77	5,88	10,42	0,56
TCi (mm)	0,1280	0,0199	0,1081	97,75	72,04	30,89	2,33
CFr (cm)	26,2504	9,3008	16,9496	93,58	12,89	9,55	1,35
LFr (cm)	3,8343	1,1234	2,7109	95,08	14,64	9,42	1,55
RFr	0,4691	0,1223	0,3468	95,78	20,02	11,89	1,68
EPo (cm)	0,8950	0,5276	0,3674	84,78	21,56	25,83	0,83
TSo (%)	4,5338	0,4451	4,0887	98,66	55,34	18,26	3,03
MFfr (kg/fruto)	0,2514	0,1417	0,1097	86,10	20,41	23,20	0,88
FMa (dias)	5,0879	3,3929	1,6950	79,99	3,70	5,23	0,71
FFe (dias)	12,9688	7,1803	5,7885	86,58	5,48	6,11	0,90
CMa (dias)	20,30	8,2788	12,0292	92,08	4,93	4,09	1,21

DPe= diâmetro do pedúnculo (peduncle length); TCi= tamanho da cicatriz do pistilo (pistil scar size); CFr= comprimento do fruto (fruit length); LFr= largura do fruto (width of the fruit); RFr= razão comprimento/largura do fruto (length/width ratio of the fruit); EPo= espessura de polpa (pulp thickness); TSo= teor de sólidos solúveis (soluble solids content); MFr= massa média dos frutos (fresh mass of the fruits); FMa= número de dias para o florescimento masculino (days to male flowering); FFe= número de dias para o florescimento feminino (days to female flowering); CMa= número de dias para a maturação dos frutos (days until fruit maturity).

índice *b* (Tabela 2), foram observados valores superiores a 1 apenas para as características TCi, CFr, LFr, RFr, TSo e CMa. Segundo Vencovsky (1987) existe uma situação muito favorável para obtenção de ganhos genéticos com

a seleção quando a relação (CVg/CVe) tende a 1,0 ou maior que 1,0 na medida em que, nesses casos, a variação genética supera a variação ambiental.

Quanto às estimativas dos coeficientes de correlação genética, fenotípica e

ambiental (Tabela 3), é possível constatar que as estimativas obtidas para os pares de correlação apresentaram estimativas relativamente de média a alta magnitude e na sua maioria não significativa. Neste contexto, observou-

Tabela 3. Coeficientes de correlação genotípica (*r*G), fenotípica (*r*F) e ambiental (*r*E) entre caracteres avaliados em acessos de melão do grupo *momordica* (genotypic correlation coefficients (*r*G), phenotypic (*r*F) and environmental (*r*E) between traits evaluated in melon accessions from *Momordica* group). UFRPE. Recife, 2013.

Caracteres		TCi (mm)	CFr (cm)	LFr (cm)	RFr	EPO (cm)	TSo (cm)	MFr (cm)	FMa (dias)	FFe (dias)	CMa (dias)
DPe (cm)	r_F^1	0.261 ^{ns}	-0.134 ^{ns}	0.425*	-0.461*	0.364 ^{ns}	0.322 ^{ns}	0.445*	-0.249 ^{ns}	-0.193 ^{ns}	0.510*
	r_G^2	0.322 ^{ns}	-0.200 ^{ns}	0.499 ^{ns}	-0.557 ^{ns}	0.489 ^{ns}	0.389 ^{ns}	0.497 ^{ns}	-0.289 ^{ns}	-0.213 ^{ns}	0.631 ^{ns}
	r_E^2	-0.107 ^{ns}	0.224**	0.107 ^{ns}	0.007 ^{ns}	-0.082 ^{ns}	-0.077 ^{ns}	0.274**	-0.125 ^{ns}	-0.130 ^{ns}	-0.017 ^{ns}
TCi (mm)	r_F^1		-0.813**	0.744**	-0.938**	0.736**	0.977**	0.397 ^{ns}	0.113 ^{ns}	-0.303 ^{ns}	0.710**
	r_G^2		-0.850 ^{ns}	0.766 ^{ns}	-0.965 ^{ns}	0.796 ^{ns}	0.990 ^{ns}	0.431 ^{ns}	0.124 ^{ns}	-0.326 ^{ns}	0.753 ^{ns}
	r_E^2		-0.005 ^{ns}	0.167*	-0.142**	0.200*	0.268**	0.029 ^{ns}	0.048 ^{ns}	-0.059 ^{ns}	-0.093 ^{ns}
CFr (cm)	r_F^1			-0.306 ^{ns}	0.740**	-0.387 ^{ns}	-0.819 ^{ns}	0.062 ^{ns}	0.018 ^{ns}	0.420*	-0.419*
	r_G^2			-0.362 ^{ns}	0.768 ^{ns}	-0.440 ^{ns}	-0.851 ^{ns}	-0.007 ^{ns}	0.032 ^{ns}	0.474 ^{ns}	-0.459 ^{ns}
	r_E^2			0.627**	0.258**	0.054 ^{ns}	-0.019 ^{ns}	0.722**	-0.089 ^{ns}	-0.076 ^{ns}	0.097 ^{ns}
LFr (cm)	r_F^1				-0.833**	0.935**	0.723**	0.887**	0.223 ^{ns}	-0.135 ^{ns}	0.852**
	r_G^2				-0.857 ^{ns}	1.028*	0.742 ^{ns}	0.918 ^{ns}	0.255 ^{ns}	-0.153 ^{ns}	0.906 ^{ns}
	r_E^2				-0.340**	0.133 ^{ns}	0.178**	0.681**	0.004 ^{ns}	0.048 ^{ns}	0.066 ^{ns}
RFR	r_F^1					-0.800**	-0.924**	-0.548**	-0.060 ^{ns}	0.348 ^{ns}	-0.793**
	r_G^2					-0.883 ^{ns}	-0.946 ^{ns}	-0.605 ^{ns}	-0.071 ^{ns}	0.394 ^{ns}	-0.849 ^{ns}
	r_E^2					-0.064 ^{ns}	-0.156 ^{ns}	0.013 ^{ns}	0.021 ^{ns}	-0.141*	0.068 ^{ns}
EPO (cm)	r_F^1						0.729**	0.813**	0.170 ^{ns}	-0.276 ^{ns}	0.819**
	r_G^2						0.792 ^{ns}	0.938 ^{ns}	0.233 ^{ns}	-0.305 ^{ns}	0.939*
	r_E^2						0.094 ^{ns}	0.076 ^{ns}	-0.129 ^{ns}	-0.108*	-0.096 ^{ns}
TSo (cm)	r_F^1							0.404 ^{ns}	0.078 ^{ns}	-0.329 ^{ns}	0.718**
	r_G^2							0.443 ^{ns}	0.090 ^{ns}	-0.350 ^{ns}	0.753 ^{ns}
	r_E^2							-0.100 ^{ns}	-0.040 ^{ns}	-0.124*	0.024 ^{ns}
MFr (cm)	r_F^1								0.207 ^{ns}	-0.041 ^{ns}	0.730**
	r_G^2								0.260 ^{ns}	-0.050 ^{ns}	0.818 ^{ns}
	r_E^2								-0.051 ^{ns}	0.018 ^{ns}	0.015 ^{ns}
FMA (dias)	r_F^1									0.467*	0.098 ^{ns}
	r_G^2									0.529 ^{ns}	0.105 ^{ns}
	r_E^2									0.165*	0.061 ^{ns}
FFE (dias)	r_F^1										-0.251 ^{ns}
	r_G^2										-0.289 ^{ns}
	r_E^2										0.069 ^{ns}

DPe= diâmetro do pedúnculo (peduncle length); TCi= tamanho da cicatriz do pistilo (pistil scar size); CFr= comprimento do fruto (fruit length); LFr= largura do fruto (width of the fruit); RFr= razão comprimento/largura do fruto (length/width ratio of the fruit); EPO= espessura de polpa (pulp thickness); TSo= teor de sólidos solúveis (soluble solids content); MFr= massa média dos frutos (fresh mass of the fruits); FMa= número de dias para o florescimento masculino (days to male flowering); FFe= número de dias para o florescimento feminino (days to female flowering); CMa= número de dias para a maturação dos frutos (days until fruit maturity). ns=Não significativo pelo teste t (not significant by t test); *Significativo a 5% de probabilidade (significant at 5% probability) **Significativo a 1% de probabilidade (significant at 1% probability) pelo método de bootstrap com 5000 simulações (by the bootstrap method with 5000 simulations).

-se ainda que 52,72% das correlações fenotípicas e 32,72% das correlações ambientais foram significativas, enquanto que apenas os pares LFr x EPo e EPo x CMa tiveram estimativas de correlação genética significativas.

Os resultados indicaram ainda que todos os pares avaliados apresentaram valores similares dos coeficientes de correlação genética e fenotípica e em 58,18% as correlações genéticas foram positivas e superiores às suas respectivas correlações fenotípicas e ambientais. Resultados como estes permitem o uso das correlações fenotípicas na ausência de correlações genéticas e indicam que a expressão fenotípica é diminuída diante das influências do ambiente (Almeida *et al.*, 2010).

Observou-se ainda que na maioria dos pares avaliados, com exceção apenas do par CFr x MFr, os coeficientes de correlação genética e fenotípica possuíram os mesmos sinais, entretanto este fato também foi constatado quanto às correlações genéticas e ambientais, em que 41,81% dos pares de caracteres estudados tiveram diferenças de sinais. Essas diferenças de sinais entre os pares de correlação genética e ambiental podem ocorrer devido a fatores causados pela variação genética e de ambiente que afetam as características por meio de mecanismos fisiológicos diferentes (Falconer, 1987).

Em todas as combinações entre os caracteres estudados, as correlações genéticas foram positivas e superiores a ($r_g = 0,70$) em 25,45% dos casos, revelando que quaisquer que sejam as alterações através de seleção em uma destas características, acarretará em alterações na outra característica a ela correlacionada no mesmo sentido, uma vez que elas são diretamente proporcionais. Será possível assim obter ganhos em um deles por meio de seleção indireta do outro (Nunes *et al.*, 2008).

A maior magnitude de correlação genética ($r_g = 1,028$) ocorreu entre os caracteres LFr x EPo, por outro lado, os caracteres FMa x CMa apresentaram a menor correlação genética ($r_g = 0,105$). A característica TCi correlacionou-se positivamente e com magnitudes superiores a ($r_g = 0,75$), tanto do ponto de vista genético como fenotípico com

quase todas as características avaliadas.

Por outro lado, na associação entre EPo e as outras características, observa-se que apenas correlacionou-se negativamente com RFr e com o CFr, indicando seleção contra frutos compridos, e com valores altos de RFr, ou seja, frutos mais alongados (Paiva *et al.*, 2000) provocará a obtenção de frutos com maior EPo.

Por outro lado, foi observado que nas associações entre a característica EPo e as características de TSo, MFr e CMa, mostraram magnitudes de correlações genéticas positivas e superiores a 0,78. Entretanto, Nunes *et al.* (2008) comentam que a correlação positiva entre a MFr, TSo e EPo não são desejáveis uma vez que o mercado externo prefere frutos com peso inferior a 1,7 kg, com maior EPo e TSo.

Correlações positivas e significativas foram obtidos por Silva *et al.* (2002) para os pares EPo x MFr, EPo x TSo, MFr x TSo, em meios irmãos de Orange Flesh e HTC 01. Já, Nunes *et al.* (2008), ao avaliar caracteres obtidos do cruzamento de híbridos simples de melão, encontraram correlação positiva para pares de características EPo x MFr, MFr x TSo e, por outro lado, obtiveram correlação negativa entre EPo x TSo. Enquanto Taha *et al.* (2003) relataram correlações negativas entre os pares de característica MFr x TSo e LFr x TSo para 13 linhagens de diferentes tipos de meloeiros.

O TSo se correlacionou positivamente ($rg = 0,75$) com o CMa, isso permite deduzir que cultivares tardias permitem obter valores maiores para TSo e consequentemente também maior MFr, uma vez que a associação entre MFr e CMa foi alta e positiva ($rg = 0,81$).

Quando se observa as associações entre o FFe e FMa e as outras características, verificou-se que houve apenas a associação positiva entre as duas épocas de florescimentos ($r_g = 0,53$), por outro lado, não houve correlação positiva e significativa entre as épocas de florescimento com o tempo médio para a maturação dos frutos.

A correlação positiva e significativa entre a LFr com as características EPo, TSo, MFr e CMa e consequentemente

uma correlação negativa com RFr ($r_g = -0,85$), indicam que seleção de frutos mais arredondados (Paiva *et al.*, 2000) e de maior diâmetro favorecem o incremento de características de qualidade nos frutos, tais como EPo, TSo e MFr.

Verificou-se também que de todas as correlações genéticas e fenotípicas possíveis, 42% delas foram negativas, o que dificulta os processos de seleção, uma vez que o incremento em um determinado caráter frequentemente implica na redução do outro (Lopes *et al.*, 2001). No entanto, 14,55% delas apresentaram estimativas superiores a -0,80 com destaque para a característica RFr que se correlacionou negativamente com quase todas as outras características estudadas, incluindo caracteres de interesse, como TSo, MFr, EPo e CMa. Neste sentido é necessário ter o cuidado de a seleção em um caráter não provocar mudanças indesejáveis em outros (Cruz & Regazzi, 2012).

Quanto às correlações ambientais estas foram negativas em 24% dos pares obtidos indicando que o ambiente favoreceu uma característica em detrimento de outra (Cruz & Regazzi, 2012). Apenas para os pares CFr x LFr, CFr x MFr e LFr x MFr, os valores obtidos foram positivos e significativos ($r_c > 0,60$). Indicando a influência das mesmas condições ambientais nessas características, sejam elas, favorável ou desfavorável.

Os 23 acessos avaliados apresentaram elevada variabilidade genética, com estimativas de herdabilidade, coeficiente de variação genético e razão (CV_g / CV_p) de alta magnitudes, sugerindo que métodos de seleção simples possam ser utilizados nos processos de seleção. As correlações genéticas apresentaram sinais semelhantes, e com valores superiores as suas respectivas correlações fenotípicas e ambientais para a maioria dos pares avaliados.

Correlações positivas e de alta magnitudes foram obtidas para os pares EPo x TSo, EPo x MFr, TSo x CMa; MFr x CMa. Por outro lado, para o índice de formato de fruto, houveram associações negativas com a maioria das características avaliadas, podendo ser utilizada para a seleção simultânea para produtividade e qualidade de frutos.

AGRADECIMENTOS

À UFRPE, pelo apoio institucional; a CAPES pela bolsa de mestrado e ao CNPq que possibilitou a construção da casa de vegetação utilizada, através do projeto “Melhoramento Genético de Solanáceas em Diferentes Sistemas de Cultivo”.

REFERÊNCIAS

- AKASHI, Y; FUKUDA, N; WAKO, T; MASUDA, M; KATO, K. 2001. Genetic variation and phylogenetic relationships in East and South Asian melons, *Cucumis melo*, based analysis of five isozymes. *Euphytica*. 125: 385-396.
- ALMEIDA, RD; PELUZIO, JM; AFFERRI, FS. 2010. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. *Bioscience Journal*. 26: 95-99.
- ARAGÃO, FAS. 2011. Divergência genética de acessos e interação genótipo x ambiente de famílias de meloeiro. Mossoró: UFRSA. 107p (Tese doutorado).
- CRUZ, CD. 2006. *Programa Genes: biometria*. Viçosa: UFV. 302p.
- CRUZ, CD. 2013. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*. 35: 271-276.
- CRUZ, CD; REGAZZI, AJ. 2012. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV. 514p.
- DHILON, NPS; RANJANA, R; SINGH, K; EDUARDO, I; MONFORTE, AJ; PITRAT, M; DHILON, NL; SINGH, PP. 2007. Diversity among landraces of Indian snapmelon (*Cucumis melo* var. *momordica*). *Genetics Resources Crop Evolution*. 54: 1267-1283.
- FALCONER, DS. 1987. *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa: UFV. 279p.
- FALCONER, DS; MACKAY, TFC. 1996. *Introduction to quantitative genetics*. 4 ed. Malasya: Longman. 464p.
- FEHR, WR. 1987. Principles of cultivars development. New York: Macmillan. 536p.
- FERGANY, M; KAUR, B; MONFORTE, AJ; PITRAT, M; RYS, C; LECOQ, H; DHILLON, NPS.; DHALIWAL, SS. 2011. Variation in melon (*Cucumis melo*) landraces adapted to the humid tropic of southern India. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 58: 225-243.
- FERREIRA, MAJF; QUEIROZ, MA; BRAZ, LT; VENCOVSKY, R. 2003. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. *Horticultura Brasileira*. 21: 438-442.
- GOMES, FP. 2009. *Curso de estatística experimental*. Piracicaba: FEALQ. 451p.
- HALLAUER, AR; MIRANDA FILHO, JB. 1981. *Quantitative genetics in maize breeding*. Ames: Iowa State University Press. 468p.
- IBGE. 2014. *Produção Agrícola Municipal*. Disponível em <www.sidra.ibge.gov.br.> Acessado em 07 jan. 2016.
- LOPES, ACA; FREIRE FILHO, FR; SILVA, RBQ; CAMPOS, FL; ROCHA, MM. 2001. Variabilidade e correlações entre caracteres agrônômicos em caupi (*Vigna unguiculata*). *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 36: 515-520.
- MAIA, MCC; PEDROSA, JF; ROCHA, MM; PAIVA, WO; NUNES, GHS. 2008. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em cebola múltipla. *Caatinga*. 21: 101-106.
- NASCIMENTO, IJB; NUNES, GHS; SALES JÚNIOR, R; SILVA, KJP; GUIMARÃES, IM; MICHEREFF, SJ. 2012. Reaction of melon accessions to crater rot and resistance inheritance. *Horticultura Brasileira*. 30: 459-465.
- NUNES, GHS; BARROS, AKA; QUEIROZ, MA; SILVA, RA; LIMA, LL. 2008. Correlações entre características de meloeiro. *Caatinga*. 21: 101-112.
- PAIVA, WO; SABRY NETO, H; LOPES, AGS. 2000. Avaliação de linhagens de melão. *Horticultura Brasileira*. 18: 109-113.
- REDDY, ANK; MUNSHI, AD; BEHERA, TKT; SUREJA, AK. 2007. Correlation and path analyses for yield and biochemical characters in snapmelon (*Cucumis melo* var. *momordica*). *Sabrao Journal of Breeding and Genetics*. 39: 65-72.
- RIBEIRO, EH; PEREIRA, MG; COELHO, KS; FREITAS JÚNIOR, SP. 2009. Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de linhagens endogâmicas recombinantes de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). *Revista Ceres*. 56: 580-590.
- ROBINSON, RW; DECKER-WALTERS, DS. 1997. *Cucurbits*. New York: CAB International. 226p.
- ROCHA, MM; CARVALHO, KJM; FREIRE FILHO, FR; LOPES, ACA; GOMES, RLF; SOUSA, IS. 2009. Controle genético do comprimento do pedúnculo em feijão-caupi. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 44: 270-275.
- SILVA, RA; BEZERRA NETO, F; NUNES, GHS; NEGREIROS, MZ. 2002. Estimativa de parâmetros e correlações em famílias de meios-irmãos de melões Orange Flesh HTC. *Caatinga*. 5: 43-48.
- TAHA, M; OMARA, K; EL JACK, A. 2003. Correlations among growth, yield and quality characters in *Cucumis melo* L. *Cucurbit Genetics Cooperative Report*. 26: 9-11.
- VALADARES, RN. 2014. Caracterização morfológica e estimativas de parâmetros genéticos em melão do grupo *momordica*. Recife: UFRPE. 93p (Dissertação mestrado).
- VENCOVSKY, R. 1987. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (ed). *Melhoramento e produção de milho no Brasil*. 2. ed. Fundação Cargil. p.122-201.
- VIANNA, JMS. Genetic correlations in family structured populations. 2001. *Revista Árvore* 25: 97-103.