

**UFRRJ**  
**INSTITUTO DE AGRONOMIA**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA**

**DISSERTAÇÃO**

**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE MELÃO-DE-SÃO-CAETANO**  
**(*Momordica charantia* L.) ACESSADA POR VARIÁVEIS MORFOAGRONÔMICAS**

**THAÍSA DE OLIVEIRA SILVEIRA**

**2021**



**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO**  
**INSTITUTO DE AGRONOMIA**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA**

**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE MELÃO-DE-SÃO-CAETANO**  
*(Momordica charantia L.)* **ACESSADA POR VARIÁVEIS MORFOAGRONÔMICAS**

**THAÍSA DE OLIVEIRA SILVEIRA**

*Sob a Orientação do Professor*

**Pedro Corrêa Damasceno Junior**

Dissertação submetida como requisito parcial para a obtenção do grau de **Mestre em Fitotecnia** no Programa de Pós-graduação em Fitotecnia da UFRRJ, área de concentração Produção Vegetal, linha de pesquisa Melhoramento Vegetal.

Seropédica - RJ

2021

Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro  
Biblioteca Central / Seção de Processamento Técnico

Ficha catalográfica elaborada  
com os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

S587d Silveira, Tháisa de Oliveira, 1993-  
Diversidade genética entre genótipos de melão-de  
são-caetano (*Momordica charantia* L.) acessada por  
variáveis morfoagronômicas / Tháisa de Oliveira  
Silveira. - Seropédica, 2021.  
67 f.

Orientador: Pedro Corrêa Damasceno Junior.  
Dissertação (Mestrado). -- Universidade Federal Rural  
do Rio de Janeiro, Fitotecnia, 2021.

1. PCA. 2. k-means. 3. padrões de agrupamento. 4.  
índices de diversidade. I. Damasceno Junior, Pedro  
Corrêa, 1973-, orient. II Universidade Federal Rural  
do Rio de Janeiro. Fitotecnia III. Título.

**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO**  
**INSTITUTO DE AGRONOMIA**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA**

**DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GENÓTIPOS DE MELÃO-DE-SÃO-CAETANO**  
**(*Momordica charantia L.*) ACESSADA POR VARIÁVEIS MORFOAGRONÔMICAS**

THAÍSA DE OLIVEIRA SILVEIRA

Dissertação submetida como requisito parcial para obtenção do grau de Mestre em Fitotecnia, no Programa de Pós-graduação em Fitotecnia da UFRRJ, área de concentração Produção Vegetal.

DISSERTAÇÃO APROVADA EM 30/09/2021

BANCA EXAMINADORA:

---

Pedro Corrêa Damasceno Júnior. D.Sc. Genética e Melhoramento de Plantas. UFRRJ.  
(Orientador/Presidente)

---

Bruna Rafaela da Silva Menezes. D.Sc. Genética e Melhoramento de Plantas. UFRRJ.  
(Membro Titular)

---

Maria Luiza de Araujo. D.Sc. Fitotecnia. PESAGRO-RIO.  
(Membro Titular)

À minha amada mãezinha e meu querido primo Flávio (*in memoriam*).

Dedico.

*“Por vezes sentimos que aquilo que fazemos não é senão uma gota de água no mar. Mas o mar seria menor se lhe faltasse uma gota.” (Madre Teresa de Calcutá)*

## AGRADECIMENTOS

À Deus pelo dom da vida e sustento nos momentos de aflição e Nossa Sra. por sua intercessão e amor de mãe.

Minha família que sempre incentiva e apoia. Minhas primas Fernanda, Brenda e Kelly, pela companhia e auxílio nos trabalhos. Em especial, minha mãe Solange por todo amor, carinho, compreensão e ajuda na construção do presente trabalho de forma direta e indireta. Te amo. Minhas conquistas são suas também!!

Ao Filipe, meu amor, pelo amor, companheirismo e incentivo. Você acompanhou de perto e seu apoio foi essencial!

Ao meu orientador Dr. Pedro Corrêa Damasceno Junior, pelos ensinamentos, dedicação, paciência e disponibilidade. Sou muito grata!!

Ao Laboratório de Citogenética e Biologia Molecular de Plantas (LCBMP), onde me senti muito acolhida, e aos amigos Mayara, Gustavo, Tatiana, Fernanda, Mariana e Ana Rafaela por todas as contribuições e assistências.

Minhas eternas “liqueiras” e fiéis companheiras Alessandra, Mayara, Fernanda e Danielle e aos amigos que a Agronomia me presenteou Luciana, Millena, Daniela, Edinaldo e Ana Carolina. Vocês são luz na minha vida.

À Maria Luiza de Araujo, minha primeira inspiração na pesquisa! Obrigada por ter concedido a minha primeira oportunidade!

À professora Bruna Rafaela da Silva Menezes, obrigada pelos ensinamentos de genética quantitativa e pela disponibilidade em compor a banca.

À Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro pela oportunidade de ensino gratuito e de qualidade. CAPES e FAPERJ pelo e incentivo à pesquisa. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

E todos que contribuíram para a realização deste trabalho! Reconheço que sem vocês seria muito mais difícil.

Muito obrigada!!

## RESUMO

SILVEIRA, Thaísa de Oliveira. **Diversidade genética entre genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) acessada por variáveis morfoagronômicas.** 2021. 67p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia), Instituto de Agronomia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2021.

O melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.; Cucurbitaceae) é uma importante espécie medicinal, recomendada pela ANVISA como hipoglicemiante. A caracterização de plantas em coleções de germoplasmas é uma etapa crucial em qualquer programa de melhoramento, principalmente para aquelas ainda consideradas não-domesticadas. Este é o caso do melão-de-são-caetano. O presente trabalho objetivou propor uma lista de descritores baseada em características morfoagronômicas para o melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.), e utilizá-la para se conhecer a diversidade genética da coleção de germoplasmas da espécie pertencente ao DFITO/IA/UFRRJ. O intuito final é identificar genótipos a serem incorporados em programas de melhoramento da espécie. Para tal, uma lista com 60 descritores, inéditos e transcritos da literatura, foi idealizada e normatizada, contemplando todas as partes da planta: ramos, folhas, flores, frutos, sementes e arilo. Em seguida, procedeu-se a caracterização de 88 plantas da coleção, todas dispostas em vasos na casa de vegetação, em Seropédica, RJ. Todas as variáveis quantitativas foram submetidas a uma análise descritiva. Em seguida, procedeu-se o descarte de descritores redundantes via PCA. Descritores com maior contribuição relativa nos componentes 1 e 2 foram mantidos. De posse de uma nova matriz, procedeu-se à análise de dispersão via PCA. No plano bidimensional buscou-se compreender o comportamento dos genótipos (UFRRJ MSC's), individualmente, em relação aos descritores remanescentes. A partir da estatística *k-means*, foram definidos padrões ou grupos de plantas dentro do plano bidimensional no PCA. Nestes grupos, foram analisadas as plantas em relação às suas respectivas procedências (por Estado e por região brasileira). Além disso, os grupos foram estudados quanto ao seu fenótipo padrão, utilizando-se gráficos do tipo radar. A diversidade intra-grupos *k-means* foi verificada via análise de similaridade (ANOSIM). Foi estimada a importância relativa das variáveis via método de Singh, e a diversidade genética populacional (total) foi verificada via Índices de Shannon e de Pielou. Idealizaram-se 39 descritores quantitativos, 11 binários e 10 multicategóricos. O peso médio de frutos frescos e o número de flores femininas destacaram-se por sua grande variação. Ao todo, 18 variáveis foram redundantes. O PCA mostrou que plantas com frutos menores foram as mais produtivas. Os genótipos mais produtivos situaram-se próximos no plano bidimensional. Os genótipos UFRRJ MSC072, 042, 028 e 087 destacaram-se para o número de frutos produzidos. Foram definidos cinco grupos estatisticamente distintos a partir do algoritmo *k-means*. Os grupos G1 e G5 foram antagônicos quanto à produção de frutos e sementes e com relação aos tamanhos de frutos, folha e sementes. Os gráficos do tipo radar permitiram uma visualização panorâmica do comportamento das variáveis dentro de cada grupo. Identificou-se uma tendência de redução no tamanho de frutos, folhas e sementes ocorrendo do grupo G1 ao G5. A análise de similaridade (ANOSIM) demonstrou haver diferenças estatísticas significativas entre os grupos. A variável número de flores masculinas (NFm) foi identificada como aquela de maior contribuição na estimação da diversidade na coleção de plantas. A diversidade genética foi considerada alta. Genótipos portadores de características desejáveis foram identificados e cruzamentos entre suas linhagens são indicados no programa de melhoramento do melão-de-são-caetano na UFRRJ.

**Palavras-chave:** PCA, *k-means*, padrões de agrupamento, índices de diversidade.

## ABSTRACT

SILVEIRA, Thaísa de Oliveira. **Genetic diversity between bitter melon (*Momordica charantia* L.) genotypes accessed by morpho-agronomic variables.** 2021. 67p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia), Instituto de Agronomia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2021.

The bitter melon (*Momordica charantia* L.; Cucurbitaceae) is an important medicinal species, recommended by ANVISA as a hypoglycemic agent. The characterization of plants in germplasm collections is a crucial step in any breeding program, especially for those still considered non-domesticated. This is the case of the bitter melon. The present work aimed to propose a list of descriptors based on morpho-agronomic characteristics for the bitter melon (*Momordica charantia* L.), and use it to know the genetic diversity of the germplasm collection of the species at DFITO/IA/UFRRJ. The ultimate goal is to identify genotypes to be incorporated into breeding programs for the species. For this, a list with 60 descriptors, unpublished and transcribed from the literature, was idealized and standardized, contemplating all parts of the plant: branches, leaves, flowers, fruits, seeds, and aril. Then, 88 plants from the collection were characterized, all placed in pots in the greenhouse in Seropédica, RJ. All quantitative variables were submitted to a descriptive analysis. Afterwards, redundant descriptors were discarded via PCA. Descriptors with higher relative contribution in components 1 and 2 were kept. With a new matrix, we proceeded to the dispersion analysis via PCA. In the two-dimensional plan, we sought to understand the behavior of the genotypes (UFRRJ MSC's), individually, in relation to the remaining descriptors. Using the k-means statistic, patterns or groups of plants were defined within the two-dimensional plane in the PCA. In these groups, the plants were analyzed in relation to their respective provenances (by state and by Brazilian region). In addition, the groups were studied in terms of their standard phenotype, using radar-type graphs. Intra-group k-means diversity was verified via similarity analysis (ANOSIM). The relative importance of variables was estimated via Singh's method, and population (total) genetic diversity was verified via Shannon's and Pielou's indices. Thirty-nine quantitative descriptors were devised, 11 binary and 10 multicategorical. Average fresh fruit weight and number of female flowers stood out for their large variation. In all, 18 variables were redundant. PCA showed that plants with smaller fruits were the most productive. The most productive genotypes were located close together in the two-dimensional plane. The UFRRJ genotypes MSC072, 042, 028 and 087 stood out for the number of fruits produced. Five statistically distinct groups were defined from the k-means algorithm. The groups G1 and G5 were antagonistic regarding fruit and seed production and with respect to fruit, leaf and seed sizes. The radar type graphs allowed a panoramic view of the behavior of the variables within each group. A downward trend in fruit, leaf and seed size was identified occurring from G1 to G5. The similarity analysis (ANOSIM) showed that there were statistically significant differences between the groups. The variable number of male flowers (NFm) was identified as the one with the highest contribution in estimating diversity in the plant collection. Genetic diversity was considered high. Genotypes carrying desirable traits were identified and crosses between their lines are indicated in the improvement program of bitter melon at UFRRJ.

**Keywords:** PCA, k-means, diversity indices, clustering patterns.

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	1
2. OBJETIVOS GERAIS .....	2
3. HIPÓTESE .....	2
4. REVISÃO DE LITERATURA .....	3
4.1 A importância das plantas medicinais .....	3
4.1.1 Melão-de-são-Caetano ( <i>Momordica charantia</i> L.) .....	3
4.2 O Conhecimento Tradicional Associado às Plantas Medicinais .....	4
4.3 Centro de Origem e Citogenética do Melão-de-São-Caetano .....	5
4.4 Aspectos Botânicos e Morfológicos do Melão-de-São-Caetano .....	6
4.5 Aspectos Reprodutivos do Melão-de-São-Caetano.....	7
4.6 Aspectos Fitoquímicos e Farmacológicos do Melão-de-São-Caetano .....	8
4.7 Diversidade Genética na Espécie .....	9
4.8 Conservação de Recursos Genéticos Vegetais .....	10
4.8.1 Bancos de germoplasma .....	12
4.8.2 Caracterização de recursos genéticos vegetais e sua importância para o melhoramento de plantas .....	13
4.8.3 Descritores mínimos .....	14
4.9 Análise da Diversidade Genética.....	15
4.9.1 Tipos de variáveis utilizadas na análise da diversidade genética .....	15
4.9.2 Técnicas de estatística multivariada na estimação da diversidade genética.....	16
5. MATERIAL E MÉTODOS.....	18
5.1. Local da Pesquisa e Condições Experimentais.....	18
5.2 Material Vegetal .....	20
5.3. Desenvolvimento de Descritores Morfoagronômicos .....	21
5.4 Procedimentos estatísticos.....	29
6. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	30
6.1. Idealização e desenvolvimento dos descritores .....	30
6.2. Comportamento da população de plantas em relação aos descritores quantitativos aplicados .....	32
6.3. Definição dos descritores a serem utilizados nas análises da diversidade .....	39
6.4. Análise da diversidade genética .....	40
6.5. Quantificação da diversidade por índices de diversidade genética .....	48
6.6. Contribuição relativa das variáveis sobre a diversidade genética .....	49
6.7. Considerações finais.....	50
7. CONCLUSÕES.....	51
8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	52

### ÍNDICE DE FIGURAS

**Figura 1:** Casa de vegetação comportando a coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ, 19/08/19 (A) e 08/11/19 (B). Jardim Botânico da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica - RJ. ....19

**Figura 2:** Dados climáticos do município de Seropédica-RJ no período de julho de 2019 a março de 2020. Fonte: INMET, 2021.....19

**Figura 3:** Estados brasileiros de origem das plantas da Coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ.....20

**Figura 4:** Diversidade de tamanhos observada entre os frutos dos genótipos da coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ. Escala: 2cm.....34

**Figura 5:** Diversidade de tamanhos observada entre sementes dos genótipos da coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ. Escala: 1cm.....35

**Figura 6:** Diversidade de tamanhos observada entre folhas dos genótipos da coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ. Escala: 1cm.....37

**Figura 7:** Contribuição relativa individual de 39 descritores morfoagronômicos, para a variância explicada nos dois primeiros componentes principais, mensurados em plantas de melão-de-são-caetano cultivadas em vasos, dispostos em casa de vegetação, no município de Seropédica, RJ.....40

**Figura 8:** Análise de PCA (*Principal Components Analysis*) e agrupamento via algoritmo *k-means* (círculos) baseado em 21 variáveis morfoagronômicas mensuradas em 88 genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) cultivados em vaso, dispostos em casa de vegetação, no município de Seropédica, RJ.....41

**Figura 9:** Gráficos tipo radar estruturados com base nas médias de 21 variáveis morfoagronômicas mensuradas em 88 plantas de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) cultivadas em vasos, organizados em casa de vegetação, no município de Seropédica, RJ.....45

**Figura 10:** Correlação de Pearson entre 38 variáveis morfoagronômicas obtidas na caracterização de plantas de melão-de-são-caetano cultivadas em vasos em casa de vegetação, no município de Seropédica, RJ.....47

**Figura 11:** *Boxplots* representando a diversidade genética via algoritmo ANOSIM entre e dentro dos cinco grupos de acessos do banco de germoplasma de *M. charantia* L. do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ, Seropédica-RJ.....49

**Figura 12:** Contribuição relativa das 21 variáveis quantitativas na estimação da diversidade genética do banco de germoplasma de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ, Seropédica-RJ, conforme Singh (1981) .....50

## ÍNDICE DE TABELAS

**Tabela 1:** Quadro informativo acerca dos genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) que compõem o banco de germoplasma do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ, Seropédica-RJ.....20

**Tabela 2:** Lista de descritores morfoagronômicos definidos para a caracterização do melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ: tipo de variável, nome do descritor, método de mensuração e estado.....23

**Tabela 3:** Análise estatística descritiva referente à 39 descritores morfoagronômicos quantitativos utilizados na caracterização de 88 genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) cultivados em vasos, organizados em casa de vegetação, no município de Seropédica, RJ.....32

**Tabela 4:** Valores médios, máximos e mínimos de 21 variáveis morfoagronômicas, mensuradas em 88 plantas de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) cultivadas vasos organizados em casa de vegetação no município de Seropédica, RJ, apresentados com base em cinco grupos de plantas definidos a partir do agrupamento *k-means*.....43

**Tabela 5:** Mensuração de variáveis quantitativas direcionadas à caracterização dos genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) dos LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ.....64

**Tabela 6:** Coeficientes de correlação entre as 38 variáveis quantitativas voltadas a caracterização dos 88 genótipos do Banco de Germoplasma de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ.....65

## 1. INTRODUÇÃO

A flora brasileira é uma das mais ricas fontes de novas substâncias bioativas e a vasta diversidade de tradições a ela associadas é apenas mais um reflexo deste imenso potencial, além de uma valiosa ferramenta no estudo e exploração de seus recursos (BRANDÃO et al., 2010). Recursos genéticos vegetais suprem as necessidades básicas do homem e são capazes de amparar a humanidade frente às adversidades que a colocam em risco e até mesmo no tratamento de doenças. Deve-se mencionar que uma das principais causas de morbimortalidade no mundo refere-se aos efeitos das complicações causadas pela *Diabetes Mellitus*. Conforme Avelaneda et al. (2020), a Federação Internacional de Diabetes projeta para 2045 um total de 629 milhões de diabéticos em todo mundo. Algumas espécies vegetais são utilizadas para combater os sintomas causados pela *Diabetes Mellitus*, em associação ou não com a medicina tradicional (CRUZ et al., 2020).

O melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.), é uma espécie medicinal ruderal muito apreciada em decorrência de propriedades que cada vez mais despertam o interesse do meio científico. Trata-se de uma trepadeira herbácea, monoica e diploide com  $2n=2x=22$  cromossomos (BHARATHI et al., 2011). É empregada de maneira versátil, porém, apoia-se com veemência na medicina popular, que por sua vez vem se fortalecendo, sobretudo, pela crescente busca por medicamentos alternativos como recurso terapêutico. Vale ressaltar que *M. charantia* L. configura-se como uma das espécies mais estudadas no tratamento da *Diabetes Mellitus* e tal condição ocorre graças a ação conjunta de componentes como a charantina, peptídeo semelhante à insulina (LIMA, 2018), bem como outras substâncias bioativas, tal qual o grupo de terpenoides chamados de momordicinas e momordicosídeos (MOTA, 2019).

Segundo Souza (2015), estudos que visam a caracterização e conservação de germoplasmas de espécies de plantas medicinais e aromáticas vêm crescendo de forma expressiva frente ao potencial econômico que detém. Porém, muitas ainda se encontram em fase inicial de domesticação, o que remete ao ponto crítico da carência de informações, como é o caso do melão-de-são-caetano. Logo, pesquisas que corroborem com a elucidação de questões pertinentes ao domínio destas espécies possuem eminente relevância no contexto do melhoramento vegetal. Os processos de caracterização e avaliação do germoplasma podem auxiliar na identificação de progenitores distintos para a produção de híbridos e ainda na escolha de populações para fins de programas de melhoramento. É possível, através de uma caracterização eficiente, a seleção de genótipos portadores de caracteres de interesse relacionados à produção ou mesmo no que tange a fração de componentes químicos relevantes. Bancos ativos de germoplasma (BAGs), unidades conservadoras de material genético, asseguram a conservação de alelos e comportam alta variabilidade genética, fundamental dentro de um programa de melhoramento. O conhecimento desta variabilidade, além de permitir um gerenciamento mais eficiente do BAG, facilita a identificação de genitores portadores de características de interesse adequadas à formação de populações segregantes. A variabilidade genética pode ser estimada através do uso de técnicas multivariadas com base em algoritmos que possibilitam a análise de variáveis qualitativas e quantitativas. Vale ressaltar que a expressão da heterose em híbridos é estritamente dependente da divergência genética entre seus genitores, logo, sua compreensão assume um caráter importante.

Segundo Valadares et al. (2017), os melões do grupo *Momordica* podem constituir uma importante fonte de alelos para uso em programas de melhoramento. No entanto, são poucas as informações acerca desse grupo botânico presentes na literatura, as quais poderiam gerar informações para utilização nos processos seletivos de genótipos. Nesse sentido, é

viável e necessário que sejam realizados trabalhos envolvendo esse grupo de melões, como os estudos de caracterização morfológica e diversidade genética. Diante da carência de informações a respeito da cultura do melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.), bem como de descritores oficiais contundentes, buscou-se averiguar a diversidade genética presente na população de plantas competente ao Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRRJ), através do desenvolvimento de uma lista de descritores morfoagronômicos. A relevância da pesquisa se justifica pela possibilidade de elucidação de questões pertinentes a domesticação da espécie e identificação de genótipos em importância na produção de frutos e sementes. Valadares et al. (2017) complementam que o conhecimento dos parâmetros genéticos e estudo das correlações genéticas entre características de interesse presentes nos melões do grupo *Momordica*, poderiam contribuir para avanços em programas de melhoramento do meloeiro (*Cucumis melo*), uma vez que os melões de diferentes grupos botânicos podem ser cruzados sem nenhuma barreira.

## 2. OBJETIVOS GERAIS

Os objetivos gerais do presente trabalho são propor e normatizar uma lista de descritores baseada em características morfoagronômicas para o melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.), e utilizá-la para se conhecer a diversidade genética da coleção de germoplasmas da espécie pertencente ao Laboratório de Citogenética e Biologia Molecular de Plantas do Departamento de Fitotecnia e Instituto de Agronomia da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ).

Para se alcançar os objetivos gerais, foram estabelecidos os seguintes objetivos específicos:

- i) Conhecer o comportamento dos genótipos em relação a cada um dos descritores propostos, especialmente para aqueles ligados a produção de frutos;
- ii) Elencar os descritores quantitativos a serem utilizados nas análises de diversidade, que não expressem, simultaneamente, efeitos danosos de multicolinearidade;
- iii) Conhecer os padrões de agrupamento e dispersão dos genótipos em relação aos descritores elencados para estudo;
- iv) Conhecer os descritores com maior peso na estimação da diversidade;
- v) Mensurar a diversidade genética média entre e dentro de grupos; origem geográfica dos genótipos, a fim de se conhecer a região detentora de maior diversidade genética;
- vi) Verificar a relação entre os grupos e aglomerados formados pelos genótipos e a sua origem geográfica;
- vii) Estimar a diversidade genética total;
- viii) Identificar dentro dos grupos, os genótipos com maiores números de frutos, a fim de se sugerir cruzamentos que preservem os efeitos heteróticos na cultura.

## 3. HIPÓTESE

Na busca por genótipos superiores, idealizam-se as seguintes hipóteses:

- i) O conjunto de descritores propostos é eficiente em analisar a diversidade.
- ii) Há diversidade genética entre os genótipos de *Momordica charantia* L. da Coleção de germoplasmas.
- iii) Os genótipos com frutos maiores também são aqueles que produzem frutos em maior número.

iv) A diversidade genética existente é suficiente para se alcançar sucesso no processo de seleção.

## **4. REVISÃO DE LITERATURA**

### **4.1 A importância das plantas medicinais**

As plantas são importantes fontes de substâncias e o uso de suas propriedades direcionadas ao tratamento de enfermidades foi por muito tempo a base medicamentosa da humanidade. O poder curativo das plantas é tão antigo quanto o aparecimento da espécie humana na terra e desde cedo as primeiras civilizações perceberam que algumas plantas continham em suas essências princípios ativos os quais, ao serem experimentados no combate às doenças, revelaram empiricamente seu poder curativo (BADKE et al., 2011).

Historicamente, o desenvolvimento da química orgânica ocorreu paralelamente ao estudo de plantas, principalmente a partir do século XIX, quando foram registrados os primeiros estudos sobre plantas com base científica. Isso resultou no isolamento de alguns princípios ativos de plantas, já então conhecidas como medicinais (MONTANARI e BOLZANI, 2001), além de marcar um passo decisivo para a criação da indústria farmacêutica. Apesar dos processos de industrialização terem proporcionado impactos sobre o campo das plantas medicinais e sua utilização, de acordo com Oliveira (2017), efeitos terapêuticos vêm sendo constatados a longo tempo evidenciando sua relevância como opção terapêutica mesmo com o desenvolvimento de fármacos sintéticos.

A Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA), considera medicamento fitoterápico aquele obtido com emprego exclusivo de matérias-primas ativas vegetais, cuja segurança e eficácia sejam baseadas em evidências clínicas. Conforme Bruning et al., (2012), foi observado um crescimento na utilização de fitoterápicos pela população brasileira, explicado por dois fatores. O primeiro fator se deve aos avanços ocorridos na área científica, que por sua vez, permitiram o desenvolvimento de fitoterápicos reconhecidamente seguros e eficazes e o segundo fator se deve a crescente tendência de busca pela população por terapias menos agressivas destinadas ao atendimento primário voltado à saúde. Korczovei e Romagnolo (2013), destacam que o interesse recaído sobre as plantas medicinais por grande parte da população brasileira se deve também a crise econômica e o alto custo dos medicamentos industrializados, bem como o difícil acesso da população à assistência médica.

Montanari e Bolzani (2001), apontam uma importante mudança no paradigma das sociedades ocidentais a qual fez com que os produtos de plantas passassem novamente a ocupar papel de destaque por grandes contingentes das populações de países desenvolvidos e em desenvolvimento nas últimas décadas devido ao reconhecimento como mercado extremamente lucrativo. Os referidos autores ressaltam que a funcionalidade terapêutica provida pelas plantas advém da complexa variedade de metabólitos especiais biossintetizados como mecanismo de defesa desses vegetais às condições ambientais, de adaptação e regulação. Desta forma, as plantas constituem-se num enorme laboratório de síntese orgânica, fruto de milhões de anos de evolução e adaptação sobre a terra. Por consequência, mantém sua relevância na sociedade moderna, mesmo considerando-se o grande número de produtos produzidos por síntese, ao passo que a indústria não despreza o potencial de fornecerem novas substâncias.

#### **4.1.1 Melão-de-são-Caetano (*Momordica charantia* L.)**

Dentre as espécies vegetais de relevância terapêutica e/ou medicinal, destaca-se a *Momordica charantia* L., uma cucurbitácea ruderal conhecida popularmente como melão-de-

são-caetano. A nomenclatura popular da espécie faz menção ao padroeiro de uma capela localizada no município de Mariana (MG), onde era cultivada por escravos das minas auríferas em seus arredores (CUI, 2003 apud CELOTO, 2005). Outras denominações comuns para a espécie no Brasil são: erva-de-lavadeira, erva-de-são-vicente, fruto-de-cobra, melão-amargo e melãozinho. Em inglês é conhecida como “*bitter melon*” ou “*bitter gourd*”. De acordo com Silva e Souza (2020), *M. charantia* L. é alvo de pesquisas devido a comprovação de compostos fitoquímicos com propriedades relevantes no tratamento de patologias. Neste contexto, Nepomoceno e Pietrobon (2018) salientam que *M. charantia* L. configura-se como uma das espécies medicinais mais estudadas no tratamento da *Diabetes Mellitus*.

A produção média mundial é de 35,3 t/ha, onde a Índia destaca-se como principal produtor responsável por 11 a 25 t/ha (MALI et al., 2017). A espécie chegou ao Brasil por intermédio do comércio de escravos na África e América Central (BEHERA, et al., 2010) e atualmente ocorre em todas as regiões do país uma vez que se adaptou muito bem ao clima brasileiro (GOMES-COSTA e ALVES, 2016). Apresenta ótimo estágio de desenvolvimento em temperaturas entre 24 e 27°C, porém, suas plantas resistem às baixas temperaturas (DESAI e MUSMADE, 1998). Em solo arenoso drenado as plantas se desenvolvem bem, principalmente, se possuem matéria orgânica em altas quantidades, mas apresenta capacidade de tolerar e se desenvolver em outros tipos de solo (REYES et al., 1994). Esta adaptabilidade às mais diversas condições ambientais a torna uma planta daninha de grande importância econômica com marcante presença em ambientes urbanos.

De acordo com Ghosh et al. (2015), há muita variabilidade entre os germoplasmas de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) e um bom conhecimento desta riqueza genética pode ajudar na identificação de cultivares desejáveis para a produção comercial. Os referidos autores destacam que devido à sua natureza de alta polinização cruzada, dificilmente uma cepa geneticamente pura estará disponível para os produtores. Dessa maneira, o alcance de variedades de alto rendimento se dá por meio de seleção, seja a partir dos genótipos ou dos segregantes.

## 4.2 O Conhecimento Tradicional Associado às Plantas Medicinais

Conforme Penteado (2014), nas últimas décadas o saber tradicional associado a plantas medicinais, bem como a recursos genéticos em geral, tem ganhado *status* diferenciado com o reconhecimento do seu papel não apenas para a conservação da biodiversidade, mas também para a produção de medicamentos derivados da biodiversidade pela indústria biotecnológica. Ressalta-se que associada à diversidade vegetal está também a diversidade cultural, que no caso de plantas medicinais assume um papel fundamental, pois é do conhecimento tradicional, oriundo de diversas populações em todo o mundo, que resultaram inúmeros medicamentos hoje utilizados na medicina ocidental. A Organização Mundial da Saúde (OMS) define a medicina tradicional como:

combinação total de conhecimentos e práticas, sejam ou não explicáveis, usados no diagnóstico, prevenção ou eliminação de doenças físicas, mentais ou sociais, e que podem assentar exclusivamente em experiências passadas e na observação transmitida de geração em geração, oralmente ou por escrito” (OMS, 2002).

Desse modo é posto que a ancestralidade marca os conhecimentos associados a prática da medicina tradicional e apresenta relevância social e cultural. Em suma, a medicina tradicional consiste na transmissão de aprendizados marcados pela originalidade das heranças, costumes e saberes de povos, mantendo viva suas tradições. De acordo com o Conselho Regional de Farmácia do Estado de São Paulo (BRASIL, 2019), o consumo de plantas medicinais com base na tradição familiar, tornou-se prática generalizada na medicina popular.

No entanto, é preocupante a consequente suposição que surge de que as plantas medicinais, bem como os produtos naturais, não apresentam risco à saúde. Esse conceito, sem embasamento científico, apenas passado de geração em geração, acaba por oferecer sérios riscos à saúde de pessoas menos esclarecidas. Tal equívoco leva ao uso inadequado e despreocupado, com possíveis riscos agravados pela falta de informações fidedignas sobre os potenciais efeitos tóxicos, até mesmo em associações com medicamentos de uso corrente. Ainda que as plantas medicinais sejam opções terapêuticas com suas potencialidades comprovadas ao longo do tempo, o uso deve ser acompanhado de orientação médica e embasamento científico consistente. Todavia, conforme Flor e Barbosa (2015), na medida em que o conhecimento sistematizado é incorporado nas normas e a promoção de seu uso responsável é embasado nos conhecimentos científicos, as plantas medicinais são excelentes opções terapêuticas em função do baixo custo associado e contribuem ainda para o resgate do conhecimento popular. Vale ressaltar que desde a década de 1970, a OMS incentiva a incorporação da medicina tradicional ao sistema oficial de saúde de seus países membros. Essa proposta de síntese entre a medicina tradicional e a biomedicina é louvável, à medida que reconhece práticas amplamente difundidas e com raízes profundas na cultura popular e na visão de mundo de seus praticantes (PENTEADO, 2014). No Brasil, a consolidação de práticas associadas à medicina tradicional ao Sistema Único de Saúde (SUS) deu-se através dos programas Política Nacional de Práticas Integrativas e Complementares e Política Nacional de Plantas Medicinais e Fitoterápicos, ambos instituídos no ano de 2006.

Penteado (2014) pondera que a incorporação das práticas populares ou tradicionais ao sistema de saúde só é feita na medida em que lhe é conferida segurança, eficácia e qualidade, sendo necessário, portanto, uma tradução das práticas locais para a lógica biomédica. O resgate da cultura popular, bem como do conhecimento tradicional envolvido neste contexto se dá através do fomento de pesquisas envolvendo recursos genéticos vegetais medicinais que busquem a comprovação científica de suas potencialidades terapêuticas. Penteado (2014) complementa que o uso de práticas de medicina tradicional no serviço público corrobora com a valorização do saber popular também no sentido de permitir aos profissionais de saúde acessar outras formas de entender e intervir na relação entre saúde e doença. Além do registro de um saber que pode vir a beneficiar indústrias farmacêuticas, bem como à mudança de percepção e atuação dos profissionais da saúde pública.

### **4.3 Centro de Origem e Citogenética do Melão-de-São-Caetano**

Com o advento da teoria proposta pelo geneticista Nicolai Ivanovich Vavilov (1887 – 1943), acreditava-se que os centros de origem das espécies correspondiam as regiões onde o ancestral silvestre concentrava sua maior diversidade genética, havendo tendência de redução da variabilidade à medida que ocorria deslocamento em direção a periferia destas regiões. Vavilov identificou oito diferentes centros, alguns dos quais foram subdivididos. No entanto, tal proposição desencadeou críticas nas últimas décadas, uma vez que o centro de origem de uma dada espécie pode não compatibilizar com a região que apresenta a sua maior diversidade genética. Uma das mais sérias críticas à teoria de Vavilov foi feita por Harlan (1975), que sugere apenas três centros verdadeiros, os quais estão relativamente conectados um ao outro por áreas difusas que não são centros. O autor reconhece que algumas culturas são endêmicas de uma pequena área, outras são monocêntricas e outras, oligocêntricas. Sugere ainda que certas espécies cultivadas são não-cêntricas, ou seja, apresentam seus ancestrais dispersos (BARBIERI e STUMPF, 2008). Sob esta narrativa Harlan criou a teoria dos Centros e Não-centros, onde espaço e ação humana são considerados os principais promotores do arquétipo de distribuição geográfica das espécies.

Hawkes (1983), definiu os conceitos de “Centros Nucleares” e “Regiões de Diversidade”, sendo os Centros Nucleares os locais onde a agricultura teria se iniciado com

indícios arqueológicos de ancestrais silvestres das espécies, enquanto as regiões de diversidade equivalem às áreas nas quais a agricultura teria se dispersado junto com o processo de migração do homem, sem evidências arqueológicas do ancestral silvestre da espécie. Os centros de diversidade são equivalentes aos centros definidos por Vavilov e tão logo um complemento a teoria inicialmente postulada. Conforme Salomão (2010), centro de origem define-se, portanto, como a região geográfica onde o ancestral silvestre de uma cultura se distribui em estado nativo.

Existe certa divergência quanto às informações referentes ao centro de origem do melão-de-são-caetano (*M. charantia*). São apontados o sul da China e leste da Índia (RIBEIRO, 2016) e/ou a região da África (ZOCOLER et al., 2006). No entanto, de acordo com Behera et al. (2010) alguns indícios levam a sustentação de que a Índia é centro de origem da espécie, tais como os textos Ayrvédicos e Dravídicos dos povos Indoarianos, os quais fazem referências ao cultivo. Tal hipótese é sustentada também por estudos moleculares que direcionam o centro de origem da espécie para a região leste indiana. Conforme Santos (2018), as regiões asiáticas e africanas exercem os papéis de centros de diversidade genética da cultura. Cui et al. (2020) corroboram com a hipótese de que a domesticação da espécie tenha sido impulsionada na Ásia, mais precisamente na região Sul. Tal constatação foi possível através da estratificação e análise de componentes principais de uma população composta por 116 genótipos de *M. charantia* que resultou em quatro *pools* de genes geograficamente diferenciados, dos quais o grupo relativo ao Sul da Ásia exibiu a maior diversidade genética.

Bharathi et al. (2011), através da análise cartiotípica e documentação do número cromossômico de espécies do gênero *Momordica*, classificaram dois grupos ou subgêneros, mediante a divergência entre seus números cromossômicos e expressão sexual. O primeiro grupo apresenta o número básico de 11 cromossomos e natureza monoica, já o segundo grupo dispõe de número básico de 14 cromossomos e táxons dioicos. De acordo com os referidos autores, *M. charantia* L. corresponde ao primeiro grupo, sendo o número de cromossomos somáticos  $2n=2x=22$ . De acordo com Lombello e Forni-Martins (1998), *M. charantia* L., apresenta em geral cromossomos muito pequenos ( $0,5\mu\text{m}$ ). Porém, os autores comentam que cromossomos maiores são relatados na literatura, indicando uma provável variação cariomorfológica entre populações, que podem estar atreladas a adaptações ecológicas. Tal informação denota a necessidade da realização de estudos relacionados aos aspectos cromossômicos morfológicos e morfométricos da espécie. Ainda segundo os mesmos autores, o número cromossômico relatado para nove espécies do gênero *Momordica* variou entre  $2n=2x=22$  a  $2n=2x=56$ , sendo este último citado como um triploide natural atribuído a espécie *Momordica dioica*. O primeiro caso é comum à maioria das espécies pertencentes ao referido gênero e abrange a espécie *M. charantia* L.

#### **4.4 Aspectos Botânicos e Morfológicos do Melão-de-São-Caetano**

O melão-de-São-Caetano (*M. charantia* L.) pertence à família cucurbitácea, gênero *Momordica*. De modo geral, plantas da família cucurbitácea exprimem alta plasticidade nos caracteres morfológicos, são predominantemente herbáceas, anuais ou perenes, monoicas, com gavinhas espiraladas e muitas vezes ramificadas. As inflorescências são reduzidas a uma única flor, sendo as sépalas e pétalas geralmente em número de cinco. O fruto é frequentemente um pepônio, mas pode ser bacoide, capsular ou ainda uma cápsula carnosa. (OLIVEIRA et al., 2020). Segundo Joseph (2005), o primeiro registro impresso com descrições e ilustrações sobre a espécie *M. charantia* L. constam no “Hortus Malabaricus”, um tratado botânico do século XVII que descreve propriedades medicinais da flora da costa do Malabar. Na obra em questão constam quatro descrições de *Momordica*, as quais serviram

de base para a descrição do gênero e de algumas das espécies por Lineu. Curiosamente, o termo “momordica” significa “mordida”, referindo-se às bordas irregulares das folhas que parecem terem sido mordidas (ASSIS et al., 2015), característica morfológica marcante, assim como a presença de gavinhas que auxiliam na fixação do caule volúvel. A palavra “charantia”, por sua vez, deriva do grego antigo “bela flor” (REEDE’S, 1688 apud KOLE et al., 2020).

O melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) é uma das mais populares espécies de cucurbitáceas pertencentes ao gênero *Momordica* (ASNA et al., 2020). Suas plantas são herbáceas, com caule ramificado de coloração verde e rápido crescimento (CELOTO, 2005). Segundo Asna et al. (2020), o caule, densamente pubescente, atinge cerca de 2 a 4 m de comprimento, com tendência de entrelaçamento de leve à intermediário a depender do cultivo. O comprimento do entrenó verificado por Asna et al. (2020) se deu entre 1,46 e 4,20 cm, já Sidhu e Pathak (2016) verificaram o comprimento intermodal com variação na faixa de 1 a 3,50 cm. Seu fruto é oblongo e pendente, do tipo cápsula, de coloração verde quando fruto novo e alaranjada quando maduro (RIBEIRO, 2016). Na maturação o fruto se abre em três válvulas expondo suas sementes achatadas e envolvidas por uma polpa vermelha adocicada, sendo as demais partes do fruto de sabor amargo (NEPOMOCENO e PIETROBON, 2018). As pontas dos frutos são normalmente pontiagudas em ambas as extremidades, porém certas cultivares podem exibir extremidades arredondas. As sementes apresentam margens estriadas e coloração que varia desde tonalidades de marrom à mais esbranquiçada, entretanto, a maioria dos genótipos apresentam sementes na cor palha (ASNA et al., 2020). Os autores salientam que a espécie detém grande variabilidade entre os tipos de frutos e quanto à morfologia das sementes.

O melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) é uma planta monoica e suas flores unissexuais, de coloração amarela, localizam-se de maneira isolada nas axilas foliares com antese diurna. A flor masculina apresenta as pétalas fundidas na base do receptáculo, onde se acumula o néctar produzido, e cinco estames unidos pelas anteras e parte superior dos filetes. A flor feminina é epígina, longo-peciolada e não produz néctar (LENZI et al., 2005). Em flores masculinas o pedúnculo e pedicelo apresentam, respectivamente, em torno de 2 a 5 e 2 a 6 cm de comprimento, já nas flores femininas estes são estimados em torno de 1 a 6 e 1 a 8 cm, respectivamente. Flores femininas são facilmente reconhecidas pela presença dos ovários e cada ovário apresenta três carpelos fundidos com média de 40 óvulos. Em ambos os sexos as flores apresentam simetria radial, com pétalas obovadas (ASNA et al., 2020).

As folhas de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) apresentam filotaxia oposta. A lâmina foliar mede em torno de 7,20 a 10,50 cm de comprimento, com consistência membranosa e coloração esverdeada nas duas faces, sendo um pouco mais claro na face abaxial. Apresenta margem dentada e base lobulada com superfície pubescente e padrão de venação foliar actinódroma (COUTINHO et al., 2009). De acordo com Asna et al. (2020), o tamanho e pubescência das folhas variam entre cultivares. O comprimento do pecíolo foliar é estimado em torno de 2,70 a 3,70 cm de comprimento com aspecto reto e superfície pilosa

#### **4.5 Aspectos Reprodutivos do Melão-de-São-Caetano**

Do ponto de vista do melhoramento de plantas, as espécies podem ser divididas em dois grupos, dependendo do fato de serem predominantemente autopolinizadas (autógamas) ou de serem de polinização cruzada (alógamas). A diferença importante entre os dois grupos está relacionada com a maior flexibilidade da estrutura genética das populações alógamas, pois permite que as plantas se adaptem melhor às mudanças de longo alcance no ambiente do que as autógamas, que são geneticamente menos flexíveis (ALLARD, 1971 apud MENDES

et al., 2013). O fato de entender se a planta é autógama ou alógama auxilia no manejo da espécie, já que diferentes práticas de polinização poderão ser adotadas (BRITTO, 2017).

Confome Pérez (2018), o melão-de-são-caetano (*M. charantia*) se reproduz alogamicamente e é altamente eficiente na produção de frutos. Lenzi et al., (2005), entretanto, classificam a espécie como xenogâmica facultativa, significando que a mesma se beneficia da autopolinização e da polinização cruzada. A classificação foi possível mediante o estudo da razão pólen/óvulo, diretamente relacionado a oferta de recursos tróficos florais, ao modo de polinização e ao sistema reprodutivo dos vegetais (BERTIN, 1989 apud LENZI et al., 2005). Ainda segundo os mesmos autores, o melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) apresenta uma alta relação sementes/óvulo, o que é relevante para a propagação e manutenção de suas populações, considerando que a propagação é exclusivamente por sementes. O período de floração dura em torno de 100 dias e seu pico ocorre em outubro. No início da floração a espécie apresenta dicogamia do tipo protandria (LENZI et al., 2005).

Plantas monoicas, como o melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.), são muito dependentes da ação de agentes polinizadores para o transporte dos grãos de pólen e consequente fertilização das peças florais. Segundo Asna et al. (2020), a posição das flores facilita o acesso dos agentes polinizadores, os quais são atraídos também pela cor amarela das pétalas e o cheiro que as flores exalam. Insetos da família Apidae são os agentes polinizadores mais confiáveis para a espécie. Conforme Lenzi et al. (2005), a produção de néctar na espécie é restrita as flores masculinas, no entanto, a similaridade entre as flores masculinas e femininas garante a visita dos agentes polinizadores e o consequente sucesso reprodutivo.

De modo sucinto, o processo fertilização se inicia quando um grão de pólen é depositado no estigma floral e germina através de estímulos hormonais emitindo o tubo polínico, que cresce em direção ao ovário até penetrar a micrópila, uma das extremidades do saco embrionário (RAMALHO et al., 2012). No melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.), o tubo polínico alcança a cavidade do ovário cerca de 6 horas após a deposição do grão de pólen no estigma da flor e a fertilização é concluída dentro de 18 a 24 horas pós-polinização (CHANG et al., 1999 apud ASNA et al., 2020).

#### **4.6 Aspectos Fitoquímicos e Farmacológicos do Melão-de-São-Caetano**

As substâncias produzidas pelas plantas são divididas em metabólitos primários e secundários. Os metabólitos primários estão associados aos processos vitais, estruturais e de acúmulo de energia do vegetal, já os secundários, não associados aos processos vitais, atuam frequentemente na proteção da planta contra inconvenientes bióticos e abióticos (TAIZ e ZEIGER, 2006). Teoricamente todo vegetal pode vir a produzir metabólitos secundários, entretanto esse mecanismo é mais observado em espécies que não foram domesticadas (SOUZA FILHO e ALVES, 2002), tal como o melão-de-são-caetano.

Acredita-se que os fitoquímicos surgiram como mecanismo de proteção há milhares de anos, em uma época em que a Terra possuía pouco oxigênio livre na atmosfera. Nestes tempos, as plantas, que retiravam o dióxido de carbono da atmosfera e liberavam oxigênio, aumentaram a concentração do oxigênio no ar poluindo o seu próprio meio com oxigênio reativo. Para se protegerem deste gás em grandes concentrações, as plantas desenvolveram componentes antioxidantes, incluindo fitoquímicos (SHAHIDI, 1997). O estudo dos compostos químicos sintetizados pelas plantas tem acompanhado a evolução da humanidade, onde inclui-se a utilização destes compostos como recurso terapêutico.

Estudos farmacológicos têm comprovado as importantes atividades desempenhadas pela *Momordica charantia* L., que atua como: antiulcerogênica, antibacteriana, imunossupressora, anti-inflamatória, abortiva, anti-hipertensiva, anticancerígena (TAN et al., 2008; CHEN et al., 2009), antileucêmico, antiviral, citotóxico, entre outros (VOIDALESKI et

al., 2015). Além disso, estudos vêm demonstrando a presença de metabólitos importantes no melão-de-são-caetano, como saponinas, esteróides e alcalóides (CHANG et al., 2008). Segundo Kole et al. (2020), o gênero *Momordica* é conhecido por suas propriedades antidiabéticas, e neste contexto, Mota (2019), destaca a charantina dentre os diversos compostos potenciais hipoglicemiantes encontrados na espécie *M. charantia* L.. Tal potencialidade é confirmada também por Kumar et al. (2010), que por sua vez constatou que *M. charantia* L. aumenta a liberação das células  $\beta$ -pancreáticas, devido a sua renovação ou restauração, resultado atribuído à ação da charantina e compostos antioxidantes. A charantina trata-se de um triterpenoide extraído de sementes, folhas e frutos que produz uma significativa redução nos níveis de açúcar do sangue, estimulando o estoque de glicogênio pelo fígado e a produção de insulina no pâncreas (EL-SAID e AL-BARAK, 2011; SINGH et al., 1991; ZHU et al., 2012; MOTA, 2019). Ratos diabéticos induzidos por estreptozocina foram tratados com 10 ml/kg do suco de *M. charantia* L. por 21 dias e ao final do tratamento pôde-se constatar que o suco reduziu os níveis de glicose sérica, frutossamina, colesterol total, triglicerídeos e lesões nas ilhotas de Langerhans (MAHMOUD et al., 2017). Outras substâncias bioativas isoladas da planta *M. charantia* também demonstram potencial antidiabético, incluindo o grupo de terpenoides chamados de momordicinas e momordicosídeos. (MOTA, 2019). Segundo Silva e Souza (2020), outro ponto interessante no que tange a utilização do melão-de-são-caetano compete à sua associação com outros medicamentos, devido a possibilidade de potencializar os efeitos esperados no tratamento de diversas patologias as quais a planta é popularmente indicada para o tratamento.

#### 4.7 Diversidade Genética na Espécie

A diversidade genética refere-se à quantidade de indivíduos geneticamente diferentes, em virtude de fatores herdáveis e/ou ambientais, pertencentes a mesma espécie (PAIVA et al., 2019). Dentro dos programas de melhoramento vegetal o estudo da diversidade genética assume grande relevância, uma vez que possibilita ao melhorista informações que poderão ser utilizadas em estratégias de seleção em prol de genótipos superiores. Kole et al. (2020), complementam que a compreensão precisa da diversidade de espécies, *pool* de genes e recursos genéticos são as chaves para utilizar as características desejáveis presentes nos diferentes parentes selvagens e formas selvagens.

Na espécie *M. charantia* L., uma enorme diversidade é relatada para importantes características morfológicas, incluindo forma, tamanho, produção e precocidade do fruto, além de várias outras características vegetativas e comerciais (KOLE et al., 2020). De acordo com os autores, o gênero *Momordica* inclui 45 espécies relatadas em todo o mundo, sendo seis encontradas na Índia, das quais quatro são dioicas e duas são monoicas. Tanto os tipos cultivados quanto as formas silvestres são encontrados naturalmente na flora da África tropical e na Ásia. Os frutos das plantas selvagens são geralmente menores em tamanho, pontiagudos em ambas as extremidades e produzem pequenas sementes cinza a pretas, enquanto as plantas cultivadas têm frutos de diferentes formas e tamanhos com comprimento que varia de até 60 cm e produção de grandes sementes marrons (WALTERS e DECKERWALTERS, 1988; YANG e WALTERS, 1992; KESH e KAUSHIK, 2020).

Kole et al. (2020), em estudos acerca dos recursos genéticos e diversidade genética em melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.), detectaram a existência de três *pool* genes para a espécie. De modo geral, “*pool* gênico” refere-se ao conjunto de todos os alelos de uma determinada população ou espécie que num dado momento ocupa uma determinada área geográfica, em que seus indivíduos trocam livremente entre si os seus genes, e que formarão a base para o fundo genético da geração seguinte (PAIVA et al., 2019). Conforme Kole et al. (2020), o *pool* genético primário de *M. charantia* L. consiste em diferentes variantes desta

espécie, além de *Momordica balsamina*. Sendo possível derivar alguns híbridos férteis através do cruzamento de *M. charantia* com *M. balsamina*, haja vista o igual número de cromossomos. O *pool* genético secundário consiste em outras espécies do gênero *Momordica*, as quais podem produzir alguns híbridos férteis por meio da polinização envolvendo grande número de botões florais. O *pool* genético terciário consiste em outras espécies do gênero *Momordica* e diferentes outros gêneros de *Cucurbitaceae* de onde é possível transferir as características desejáveis usando ferramentas especiais como a fusão de protoplastos.

Em estudo que objetivava avaliar a divergência genética entre linhagens de melão e a heterose dos seus híbridos, Paiva (2002) concluiu que as distâncias genéticas foram maiores quando se utilizava a linhagem do grupo varietal *Momordica* como um dos parentais. Valadares et al. (2016), em trabalho que avaliou a divergência genética entre 15 linhagens do gênero *Momordica* aferiu a existência de variabilidade genética entre as linhagens com maior parte da variação explicada pelos caracteres relacionados ao formato do fruto. Em trabalho que buscava estimar os parâmetros genéticos e correlações em acessos de melão do grupo *Momordica*, Valadares et al. (2017) aferiu que os acessos avaliados apresentaram elevada variabilidade genética, com estimativas de herdabilidade, coeficiente de variação genético e razão ( $CV_g / CV_e$ ) de alta magnitudes, sugerindo que métodos de seleção simples possam ser utilizados nos processos de seleção. Os caracteres que permitiram visualizar a variabilidade genética entre os 23 acessos de melões do grupo varietal *Momordica* avaliados por Valadares et al. (2018), foram teor de sólidos solúveis, comprimento da semente, comprimento do fruto, comprimento do cotilédone e tamanho da cicatriz do pistilo. Esses caracteres foram os que mais contribuíram para a divergência genética entre os acessos avaliados.

#### **4.8 Conservação de Recursos Genéticos Vegetais**

A biodiversidade ou diversidade biológica compreende a variedade de plantas, animais e microorganismos, os genes que eles contêm e os ecossistemas em que eles existem. Os componentes da biodiversidade podem ser tratados usualmente nos seguintes níveis: a) diversidade genética, referente à variação genética dentro de uma espécie (ou táxon); b) diversidade de espécies, variedade ou riqueza de espécies em uma área; c) diversidade de comunidades, variedade de comunidades em uma área; d) diversidade de paisagem, variedade de comunidades ou ecossistemas em uma paisagem; e) diversidade regional, referente à variedade de espécie, comunidades, ecossistemas ou paisagens dentro de uma região específica (PAIVA et al., 2019). Tão logo, recursos genéticos vegetais referem-se à fração da biodiversidade de uso hodierno ou futuro, e seus componentes são de grande importância, pois constituem a base biológica da segurança alimentar mundial e, direta ou indiretamente, apoiam a vida e os meios de subsistência de cada ser humano (PAIVA et al., 2019).

Conforme Silva (2008), os recursos genéticos são portadores de genes de grande significado para o melhoramento de suas respectivas espécies embora estejam ameaçados de extinção por várias causas, a depender da espécie. Ademais para algumas espécies, a variabilidade genética existente nos genótipos cultivados é pequena. Paiva et al., (2019) ratifica que os recursos genéticos detêm a variabilidade genética necessária para evitar a fome e as perdas econômicas em decorrências de intempéries climáticas, doenças e pragas que se apresentam como desafios para a humanidade. Paradoxalmente, tanto o aproveitamento quanto a perda dos recursos fitogenéticos dependem da intervenção humana. O aumento da população, a industrialização, as calamidades naturais, a guerra e a extensão da fronteira agrícola contribuem para a erosão genética. A isto somam-se a adoção de germoplasma exótico e a modificação e/ou destruição dos centros de variabilidade genética. Esta perda de recursos fitogenéticos põe em evidência a urgente necessidade de os conservar e utilizar de maneira sustentável (SANTOS e BETTENCOURT, 2001). Portanto, em função da magnitude

que os recursos genéticos exprimem na manutenção da vida, tanto para uso atual como para as futuras gerações, sua conservação assume caráter de importância indubitável e consiste em uma eficiente ferramenta para a continuação da variabilidade genética vegetal tão necessária à humanidade.

Na década de 1970, a *Food and Agriculture Organization* (FAO), órgão das Nações Unidas, estimulou o estabelecimento de uma rede mundial de centros de conservação de recursos genéticos situados em regiões consideradas de alta variabilidade genética. Em 1974, o *Consultative Group for International Agricultural Research* (CGIAR) criou o *International Board for Plant Genetic Resources* (IBPGR), hoje transformado no *Bioversity International*. No mesmo ano, a Embrapa reconheceu a importância estratégica dos recursos genéticos com a criação do Centro Nacional de Recursos Genéticos (CENARGEN), que mais recentemente adotou a assinatura-síntese Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (SIMON, 2010). Segundo o “Vocabulário Básico de Recursos Naturais e Meio Ambiente”, publicado pelo IBGE no ano de 2004, o termo “conservação”, em sentido amplo, refere-se ao conjunto de atividades e políticas que asseguram a contínua disponibilidade e existência de um recurso. Em sentido mais restrito, trata-se do armazenamento e a guarda do germoplasma em condições ideais, permitindo a manutenção de sua integridade. Como qualquer processo estratégico, a conservação dos recursos fitogenéticos implica planificar e tomar decisões com base em informação prévia. Requer estabelecer prioridades em relação ao tipo de material que se deseja conservar e as atividades que serão realizadas posteriormente, bem como os recursos disponíveis (SANTOS e BETTENCOURT, 2001).

Segundo Borém e Miranda (2013), há dois métodos básicos para a conservação: *ex situ* e *in situ*. Para Santos e Bettencourt (2001), as plantas conservam-se dependendo da sua necessidade e/ou utilidades atuais e futuras. Os recursos fitogenéticos podem-se conservar nos seus habitats naturais (*in situ*), em condições diferentes às do seu habitat natural (*ex situ*), ou combinando os métodos *in situ* e *ex situ*, ou seja, de maneira complementar. A seleção de um ou vários métodos depende das necessidades, possibilidades e da espécie em causa. A conservação de recursos genéticos *in situ* é um método de conservação que busca preservar populações de espécies em seu estado natural de ocorrência na natureza. Esse método tem como objetivo não só a conservação de indivíduos da espécie de interesse, mas também a preservação dos habitats onde a espécie ocorre, visando à manutenção das interações entre os organismos e os processos evolutivos associados (SIMON, 2010). O contexto do método de conservação *in situ* engloba também os conceitos de reservas genéticas e conservação *on farm*. O primeiro inclui o manejo e o monitoramento dos recursos genéticos de populações silvestres dentro de áreas definidas para conservação ativa, a longo prazo. Já a conservação *on farm* corresponde ao cultivo e manejo contínuo de populações de plantas no sistema tradicional realizado por comunidades locais e povos indígenas. Por permitir a conservação dos processos evolutivos e de adaptação fornece novos materiais genéticos, sendo uma estratégia complementar à conservação *ex situ* (CLEMENT et al., 2008). Entretanto, a manutenção do método *in situ* pode se tornar-se dispendiosa em função da vulnerabilidade a intempéries e necessidade de grandes áreas para a instalação e seu manejo. Como já reportado, o método *ex situ* garante a preservação dos genes fora de seu ambiente de ocorrência natural, sendo indicado quando o objetivo é conservar apenas a diversidade da espécie e não seus processos evolutivos associados às interações. De acordo com Santos e Bettencourt (2001), a conservação *ex situ* pertence ao importante conjunto de atividades que compõem a gestão dos recursos fitogenéticos e considera-se complementar da *in situ* já que não é possível conservar *ex situ* todas as espécies. O método *ex situ* aplica-se a conservação de um amplo espectro taxonômico, ao passo que serve para proteger desde espécies silvestres e formas regressivas até às espécies cultivadas. Tradicionalmente conserva-se *ex situ* recursos importantes para o homem como as espécies úteis na alimentação e agricultura, cuja

conservação exige segurança e disponibilidade imediatas e futuras, logo, abrange as variedades de agricultura tradicional e os produtos dos programas de melhoramento, biotecnologia e engenharia genética.

Historicamente, o Brasil priorizou o modelo da conservação *ex situ*, realizada em câmaras frias, em meio de cultura *in vitro* e em coleções vivas no campo. Esse tipo de conservação capta o momento evolutivo em que a coleta foi realizada, mas as plantas assim conservadas não continuam a evoluir. Tal característica revela parte das limitações desse tipo de conservação para oferecer respostas mais rápidas em um momento de crise relacionado a mudanças ambientais, por exemplo. Atualmente, a FAO reconhece que a diversidade genética deve ser mantida não só nos bancos de germoplasma, como também nos sistemas agrícolas locais, onde a participação dos agricultores é fundamental (SANTONIERI e BUSTAMANTE, 2016).

#### **4.8.1 Bancos de germoplasma**

Do ponto de vista etimológico a palavra germoplasma tem duas raízes: *germo* (de origem latina), que significa - princípio rudimentar de um novo ser orgânico; e *plasma* (de origem grega), que significa - formação. Portanto, germoplasma é definido como a matéria onde se encontra um princípio que pode crescer e se desenvolver (QUEROL, 1993 apud AMORIM, 2016). Paiva et al. (2019) complementam que o termo “germoplasma”, tradicionalmente designa qualquer forma, porção, parte ou estrutura de origem animal, vegetal ou microbiana que contenha a informação genética que será herdada. Logo, é o material genético que constitui a base física da hereditariedade, transmitida de uma geração a outra por meio de células germinais. Germoplasma também pode ser definido como o material genético de um organismo (cromossomas e genes) contido em semente, estaca, bulbo, pólen, embrião, tecidos, células, esperma, óvulo, esporos ou cepa e que pode ser herdado por seus descendentes.

Banco de germoplasma é conceituado como sendo o repositório onde se armazena a variabilidade genética de uma ou de várias espécies. Geralmente, consiste em base física onde o germoplasma é conservado (FERREIRA, 2011). Um banco ativo de germoplasma é uma coleção de acessos rotineiramente usada para fins de pesquisa, conservação, caracterização, avaliação e uso. Em suma, os objetivos são reduzir a erosão genética, conservar fontes de genes para uso futuro e identificar e caracterizar genótipos para utilização em sistemas agrícolas. Os acessos são multiplicados de acordo com a demanda e regenerados periodicamente (BARBIERI, 2003 apud BARBIERI et al., 2005). De acordo com Marim et al. (2009), a principal razão para o estabelecimento e a manutenção de um banco de germoplasma é armazenar e disponibilizar germoplasma, bem como prover informações a respeito de determinado acesso, com a identificação de características de importância para os programas de melhoramento genético. Portanto, são atividades dos bancos de germoplasma: levantamento, aquisição, exploração e coleção; manutenção, multiplicação e rejuvenescimento; e caracterização, avaliação, documentação, distribuição e intercâmbio do maior número possível de amostras do germoplasma dentro das limitações físico-econômicas (BORÉM e MIRANDA, 2013).

Borém e Miranda (2013) ponderam que os bancos de germoplasma devem possuir duas coleções: coleção base, preservada à longo prazo, e coleção ativa, preservada em médio prazo. Esta última tem um número reduzido de acessos, com características bem detalhadas. Comumente essa coleção é também denominada de coleção núcleo ou coleção nuclear (*core collection*), a qual não é fisicamente separada da coleção base, mas representa uma coleção virtual dentro da coleção completa, incluindo ampla variabilidade genética. A função primária da coleção nuclear é constituir-se na primeira fonte de variabilidade para os programas de

melhoramento, de onde sairá a maioria dos acessos distribuídos pelo banco de germoplasma. A coleção base, que contém o maior número possível de acessos, deve ser utilizada quando a coleção nuclear não apresentar acessos com as características desejadas (BORÉM, 1997).

No Brasil, existem alguns bancos de germoplasma que se destinam também à salvaguarda de cucurbitáceas, dentre os quais listam-se instituições de ensino e pesquisa. De acordo com Barbieri e Stumpf (2008), há germoplasmas de *Cucurbita* em seis instituições, são elas: Embrapa Clima Temperado (Pelotas, RS), Embrapa Hortaliças (Brasília, DF), Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Brasília, DF), Embrapa Semi-Árido (Petrolina, PE), Universidade Federal de Viçosa (Viçosa, MG) e Instituto Agronômico Campinas (Campinas, SP). Com exceção da coleção existente na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, que consiste no acervo conservado em longo prazo (Coleção de Base de Germoplasma Semente – Colbase), nas demais instituições o germoplasma é conservado em médio prazo (Bancos Ativos de Germoplasma). Segundo Queiróz (2011), os bancos de germoplasma de cucurbitáceas existentes no Brasil já contêm ao redor de 6.500 acessos, sem considerar as multiplicações. Uma grande parte desta variabilidade não foi caracterizada nem avaliada, logo, existe uma grande possibilidade de encontrar novos genes úteis para o melhoramento das espécies de cucurbitáceas que já foram resgatadas.

#### **4.8.2 Caracterização de recursos genéticos vegetais e sua importância para o melhoramento de plantas**

O armazenamento da variabilidade genética em grandes coleções de germoplasma é tarefa básica para o bom andamento de qualquer programa de melhoramento. À custa deste valioso recurso, os melhoristas contam com uma espécie de reserva gênica que pode ser acionada à medida que a variabilidade vai sendo exaurida com o progresso do melhoramento (SILVA, 2008). Para se conhecer o germoplasma e determinar a sua utilidade e aplicabilidade são necessários catalogar suas características e analisar a série de dados resultante, tais procedimentos tangem às etapas de caracterização e avaliação. De acordo com Santos e Bettencourt (2001) a caracterização e avaliação são atividades complementares que consistem em descrever os atributos qualitativos das amostras de uma mesma espécie para diferenciá-las, determinar a sua utilidade, estrutura, variabilidade genética e relações entre elas, e localizar genes que estimulem o seu uso na produção ou no melhoramento de culturas. Assim sendo, as informações advindas dos processos de caracterização e avaliação do germoplasma são de muita valia, pois permitem ao melhorista a obtenção de informações que, por sua vez, possibilitam a exploração destes recursos dentro dos programas de melhoramento de plantas. Portanto, para a compreensão da variabilidade genética existente numa determinada população, as etapas acima reportadas se mostram imprescindíveis.

Em suma, caracterizar germoplasma consiste em descrever sistematicamente os espécimes/acessos/entradas a partir de suas características (SANTOS e BETTENCOURT, 2001). No que concerne aos métodos de caracterização, encontram-se os caracteres morfológicos onde o processo ocorre por intermédio de listas descritivas referentes às suas características, os chamados “descritores”. A caracterização morfológica de um banco de germoplasma é normalmente a forma mais acessível de quantificar a sua diversidade genética, sendo bastante utilizada (HOLCOMB et al., 1977; PERRY e MCINTOSH, 1991; SINGH et al., 1991; KRESOVICH e MCFERSON, 1992; JANA e SINGH, 1993; LI et al., 1995; RABBANI et al., 1998; MARTINELLO et al., 2002; SILVA et al., 2006; SILVA, 2008). A caracterização realiza-se numa população representativa e mediante uma lista de descritores, bem como instrumentos para registrá-los. Semeia-se o material a ser caracterizado a campo ou em estufas, em parcelas devidamente identificadas, e em condições de gestão uniformes. Estabelecidas as populações, observa-se as características da espécie nas diversas etapas de

desenvolvimento e sua expressão é anotada a partir de um conjunto selecionado de descritores (SANTOS e BETTENCOURT, 2001).

Contudo, com o objetivo de aumentar a precisão, a eficiência e determinar a potencialidade do uso do germoplasma, é recomendável combinar procedimentos para obtenção de diferenças morfológicas e citogenéticas, como aqueles dirigidos a encontrar qualidades e características agronômicas desejáveis à indústria e ao mercado consumidor (SILVA, 2008). Ou seja, a combinação de abordagens que visam a caracterização do material, porventura, permite potencializar a averiguação do mesmo. Conforme Vilela-Morales e Valois (2000), estas atividades envolvem ações complementares em laboratórios e no campo, dirigidas não somente a caracterizar, avaliar e diferenciar os acessos, mas sobretudo para encontrar características que estimulem a utilização do germoplasma.

Conforme Paiva et al. (2019), o objetivo principal dos dados de caracterização é agregar valor aos recursos genéticos conservados, de forma que se aumente sua utilização. As informações geradas podem ser aplicadas na identificação de novos materiais para enriquecer bancos de germoplasma e programas de melhoramento genético; na definição de germoplasma para intercâmbio ou repatriamento; na identificação de material duplicado; na estimativa da diversidade genética das coleções e na identificação de genes de interesse econômico. Assim sendo, é necessário que o material, após a etapa de coleta e/ou introdução, seja caracterizado de forma que as propriedades, bem como suas singularidades, se tornem conhecidas.

#### **4.8.3 Descritores mínimos**

Como já reportado, o processo de caracterização dos recursos genéticos vegetais consiste na anotação de suas características expressas e dessa maneira torna possível o conhecimento acerca da utilidade e aplicabilidade do material em questão. O processo de caracterização é, portanto, entendido como uma das atividades mais importantes para a compreensão da variabilidade genética existente em uma população e/ou coleção de germoplasmas. De acordo com Borém e Miranda (2013), a característica mensurável ou subjetiva de um acesso, como altura da planta, cor da flor, comprimento do pecíolo, forma da folha etc., referem-se à definição do termo “descriptor”. Ainda segundo os referidos autores, os descritores são utilizados na caracterização e avaliação de coleções de germoplasma para tornar suas propriedades agronômicas conhecidas. Os descritores são agrupados na forma de lista para cada espécie em particular e são aferidos através do estado do descriptor, ou seja, as categorias reconhecidas como válidas para aquele descriptor. Segundo Loiola (2014), para caracterização dos acessos deve-se utilizar um mínimo de descritores que contenham o máximo de informações essenciais para identificação e descrição da variabilidade contida nos acessos de um banco de germoplasma.

As características e os atributos de cada espécie/variedade de um recurso genético são definidos por especialistas das culturas e/ou curadores dos bancos ativos de germoplasma (BAG) e núcleos de conservação (NC). No caso de plantas, o *Biodiversity International* (2007) desenvolveu uma ampla lista de descritores para culturas, e conjuntos de descritores mínimos foram estabelecidos para a utilização em várias delas. O registro de dados deve ser realizado por funcionários treinados, usando instrumentos de medição padronizados, calibrados e, posteriormente, inseridos em uma base de dados (PAIVA et al. 2019). A lista de descritores em geral, segue cinco níveis de agrupamento: passaporte, caracterização, avaliação preliminar, avaliação aprofundada e manejo. De acordo com as normas estabelecidas pelo *Biodiversity International* (2007), a elaboração de descritores deve seguir alguns preceitos visando tornar facilitada a interpretação por parte do leitor. São determinados também três elementos básicos que cada descriptor deve possuir, são eles: um nome, que deve descrever o

atributo a ser caracterizado de forma simples, compacta e não ambígua; um estado, que deve ser capaz de expressar a característica do atributo observado, e, se possível, fazer uso de materiais de referência, como desenhos, esquemas gráficos e fotografias, para melhor entendimento; e um método de mensuração e coleta que, assim como os elementos já mencionados, deve ser claro e de fácil compreensão, visando otimizar sua aplicação prática.

Segundo Silva (2008), o número de listas de descritores para caracterização e avaliação preliminar de germoplasma vegetal tem aumentado rapidamente na literatura mundial sobre recursos genéticos. No entanto, o autor chama a atenção para o fato de que as listas, por si só, nada agregam ao conhecimento científico sobre as culturas, mas, apenas acrescentam informações sobre diferenças já constatadas nas espécies. Logo, o valor dessas listas só surge pela aplicação às coleções de germoplasma, o que é feito, de forma consistente, em poucas instituições no mundo. Alguns obstáculos encontrados no que se refere à utilização de descritores devem-se ao fato de que alguns destes podem apresentar subjetividade na linguagem, não enquadramento dos estados encontrados no material ou ainda acessos que contenham variação além dos estados previstos nas listas, o que por sua vez pode ocasionar equívocos ou imprecisão no ato da caracterização. A extensão e nível de detalhamento exigido por algumas listas também é pauta para críticas, conforme apontam Frankel e Brown (1984) apud Silva (2008). Os referidos autores salientam que listas extensas e muito detalhadas não trazem ganhos científicos ou práticos. Ainda segundo os autores, a tomada de dados morfológicos e fenológicos deve restringir-se aos descritores requeridos para a identificação de duplicatas e para o estabelecimento de coleções nucleares.

#### **4.9 Análise da Diversidade Genética**

Conforme Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), o estudo de diversidade genética, ou das diferenças nas frequências alélicas das populações, tem grande importância em programas de melhoramento envolvendo hibridações, pois identificam os genótipos promissores a serem utilizados como progenitores que favoreçam maior efeito heterótico e proporcione maior segregação e recombinação. Dessa maneira, as informações sobre a diversidade genética e as relações existentes entre os indivíduos são muito importantes no que tange às atividades dentro de um programa de melhoramento genético, além de contribuir para o adequado manejo e conservação de espécies e/ou bancos de germoplasma. Existem duas maneiras de se inferir sobre a divergência genética: de forma quantitativa e de forma preditiva. Entre as de natureza quantitativa, citam-se as análises dialélicas, nas quais são necessários os cruzamentos entre os genitores e sua posterior avaliação. As de natureza preditiva, por sua vez, têm por base as diferenças morfológicas, de qualidade nutricional, fisiológicas ou moleculares, quantificadas em alguma medida de dissimilaridade que possa expressar o grau de diversidade genética entre os genitores (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Por dispensarem a obtenção prévia das combinações híbridas (análise dialélica), os melhoristas exploram os métodos preditivos da divergência a partir de técnicas multivariadas (MESSETI, 2007).

##### **4.9.1 Tipos de variáveis utilizadas na análise da diversidade genética**

As características genéticas a serem melhoradas em uma espécie agrícola podem ser de dois tipos: caracteres qualitativos ou caracteres quantitativos. As características qualitativas são aquelas que podem ser classificadas em poucas classes fenotípicas distintas e facilmente separáveis uma das outras. Essas características apresentam variação descontínua (poucas classes fenotípicas diferentes), são controladas por poucos *locos* gênicos, com efeitos pronunciados e que são pouco influenciados pelo efeito ambiental. As variáveis qualitativas serão consideradas ordinais sempre que pudermos estabelecer uma ordem, uma hierarquia,

entre as respostas obtidas. Por outro lado, se a variável qualitativa é de tal forma que não possamos verificar uma ordem, uma hierarquia, então diremos que a variável é nominal (ou categórica) (CARVALHO e CAMPOS, 2016). Denomina-se variável qualitativa categórica binária quando empregada na avaliação de apenas duas categorias e multicategórica quando designada à avaliação de mais de duas categorias.

As características quantitativas, em contrapartida, são mensuráveis, isto é, correspondem àquelas em que um valor numérico pode ser atribuído. Segundo Paulan e Pupin (2019), as características quantitativas apresentam variação contínua (muitas classes fenotípicas, às vezes sobrepostas), são controladas por muitos genes (poligenes), e muito influenciadas pelo ambiente. Dentro desta classificação inicial as variáveis quantitativas podem ser: discretas ou contínuas. Uma variável quantitativa é considerada discreta quando seus valores possíveis são, em geral, resultados de um processo de contagem. Uma variável quantitativa é considerada contínua quando seus valores possíveis podem ser expressos através de números reais e varrem uma escala contínua de medição (PINHEIRO et al., 2011).

Conforme Bernaldo Filho et al. (2014) a caracterização do fenótipo é importante pois grande parte da identidade de um genótipo é determinada por genes múltiplos que possuem influência pelo ambiente. Pode-se dizer que a caracterização apoiada em caracteres quantitativos e qualitativos é o primeiro passo para quantificar a diversidade genética disponível em uma população.

#### **4.9.2 Técnicas de estatística multivariada na estimação da diversidade genética**

As técnicas multivariadas podem ser utilizadas no estudo da divergência genética pois permitem combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental de modo que seja possível executar uma seleção com base num complexo de variáveis, proporcionando ainda enriquecimento das informações extraídas dos dados experimentais (MESSETI, 2007). Por envolver diversas técnicas analíticas, como métodos de agrupamento, análises em componentes principais ou variáveis canônicas, dentre outras, os procedimentos multivariados não devem ser aplicados indiscriminadamente quando diversas categorias de variáveis são o objeto de estudo. Assim, é necessário conhecer a peculiaridade dos procedimentos para a adequada avaliação de um grupo de variáveis. Neste aspecto, quando existe repetição de dados, o uso das variáveis canônicas permite, com elevada robustez, extrair informações sobre a diversidade genética presente. Por outro lado, quando não existir repetições dos dados, os componentes principais apresentam-se como a alternativa analítica mais conveniente. (AMARAL JÚNIOR e THIÉBAUT, 1998 apud SILVA, 2008). No que se refere aos métodos de agrupamento, para se construir um simples grupo a partir de um conjunto de elementos é necessário utilizar algum critério de proximidade ou tipo de medida que possibilite a comparação entre os componentes desse conjunto (AZAMBUJA, 2005). As medidas de distância podem ser definidas como medidas de similaridade e dissimilaridade. A primeira é para definir o grau de semelhança entre as instâncias e realizam o agrupamento de acordo com a sua coesão, e a segunda mede as diferenças dos atributos das instâncias (CLÉSIO, 2012). Ou seja, mais parecidos serão os atributos das instâncias de estudo quanto maior o valor observado, via medida de similaridade. Utilizando-se medidas de dissimilaridade, entretanto, quanto maior o valor observado, menos parecidos serão os atributos em estudo. Azambuja (2005) atenta para o fato de que certos coeficientes se adaptam melhor a determinados tipos de variáveis e situações. Em geral, coeficientes de dissimilaridade são mais adequados para variáveis quantitativas e os de similaridade para as variáveis qualitativas.

CORRENTE (1991) apresenta uma descrição das principais medidas de similaridade e dissimilaridade, classificadas conforme o tipo de variável a que a medida estará relacionada. Assim, considera como medidas de dissimilaridade para dados quantitativos: as distâncias

euclidianas simples e média, distância generalizada de Mahalanobis, distância em valor absoluto (“*city block*”) e distância de Minkowski, além dos coeficientes de semelhança racial (de Vencovsky) ou morfológica de Pearson, entre outros como o de Gower, de Chatter, de Camberra e de correlação linear simples. Por outro lado, considera as medidas de similaridade para dados qualitativos, destacando aquelas relacionadas a variáveis binárias (presenças e ausências): distância euclidiana média, coeficiente de concordância simples, coeficientes de concordâncias positivas (exemplo: coeficiente de Jaccard), entre outros. Vale ressaltar, que o coeficiente de Gower (1971) possibilita calcular distâncias entre duas observações que tenham, simultaneamente, variáveis qualitativas e quantitativas. Cruz et al. (2011) salientam que os estudos biométricos visando a investigação da variabilidade genética são realizados, em geral, a partir de medidas de dissimilaridade. Obtidas as medidas de dissimilaridade por qualquer que seja a distância ou coeficiente, tem-se a chamada matriz de dissimilaridade (ou de similaridade se for construída com os índices de similaridade). No entanto, o reconhecimento de grupos por simples inspeção visual torna-se impraticável mediante o elevado volume de dados resultantes da matriz (DUARTE, 1997).

Conforme Regazzi e Cruz (2020), as técnicas de agrupamento podem ser vistas como forma de resumir informações sobre os elementos que compõem a matriz de proximidade. De acordo com Manly (1986), muitos algoritmos de agrupamento são disponíveis, mas, duas abordagens são particularmente de maior uso: técnicas hierárquicas e particionamento ótimo ou otimização. Segundo Ludke et al. (2017), dentre os métodos aglomerativos para classificação do germoplasma, os métodos de otimização, como o método de Tocher, métodos hierárquicos, que são expressos na forma de dendrogramas, e análise de componentes principais, que são expressos em gráficos de dispersão com duas ou três dimensões, são aqueles comumente utilizados. O método de Tocher, citado por Rao (1952), caracteriza-se pela formação de grupos a partir da adequação das distâncias genéticas dentro e entre os grupos e consiste no método de otimização mais comumente empregado nas pesquisas genéticas, conforme demonstra Duarte (1997). De modo geral, no processo de agrupamento por otimização toma-se inicialmente alguns grupos centrais de forma arbitrária e os indivíduos restantes são alocados aos grupos mais próximos. Novos grupos são formados, grupos próximos são fundidos, movendo-se indivíduos entre grupos, iterativamente, até a otimização do critério para um número pré-determinado de grupos (MANLY, 1996). Na análise de agrupamento por método hierárquico os grupos mais próximos são reunidos, sucessivamente, segundo algum critério, até que finalmente todos os indivíduos formem um único grupo (MANLY, 1996). Em análises de agrupamento por método hierárquico, como vizinho mais próximo, vizinho mais distante, UPGMA, Ward, entre outros, o objetivo é a obtenção de um dendrograma, sem necessariamente estar preocupado com o número de grupos a ser formado, embora os grupos possam ser identificados pelas ramificações do dendrograma (LUDKE et al., 2017). Nos estudos de divergência genética o método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Averages*) é o mais comum, conforme aponta o trabalho desempenhado por Duarte (1998).

O agrupamento do germoplasma baseado em distâncias genéticas é a forma mais comum de representar o relacionamento entre os indivíduos da população e seu agrupamento. Mas análises de agrupamento podem ser obtidas também por métodos baseados em componentes principais e em modelos que não utilizam as distâncias genéticas entre os indivíduos para realizar agrupamentos. Componentes principais são combinações lineares originais, onde o número de componentes principais é igual ao número de variáveis. Os componentes principais são estimados de modo a acumularem o máximo da informação (variância) nos primeiros componentes e de serem independentes entre si. (LUDKE et al., 2017). Duarte (1998) explica que o primeiro componente principal (CP1) detém a variância máxima em relação aos demais, ao passo que esta variância decresce a cada nova CP. Logo,

se a maior parte da variação de indivíduo para indivíduo residir nos dois ou três primeiros CP's, o estudo pode ser feito em dimensões 2D ou 3D sem grandes distorções, ao invés de em  $p$  dimensões. De acordo com Ludke et al. (2017), componentes principais são aplicáveis em análises de agrupamento genético quando conseguem reter em seus dois ou três primeiros componentes pelo menos 80% da variação total. Com isso, a dispersão dos indivíduos em gráficos bi ou tridimensionais torna-se possível e permite a avaliação visual da relação existente entre os indivíduos, bem como a formação de grupos. Cruz e Carneiro (2003) recomendam que, no mínimo, 80% da variação seja absorvida até os três primeiros CP's, o que por sua vez torna a representação gráfica mais segura. Para Rencher (2002), pelo menos 70% da variância total devem ser explicados pelos dois primeiros componentes principais. Em geral, conforme aponta Strapasson (1997), pesquisadores tem optado pela representação gráfica quando os dois primeiros componentes envolvem cerca de 70 a 80% da variação total.

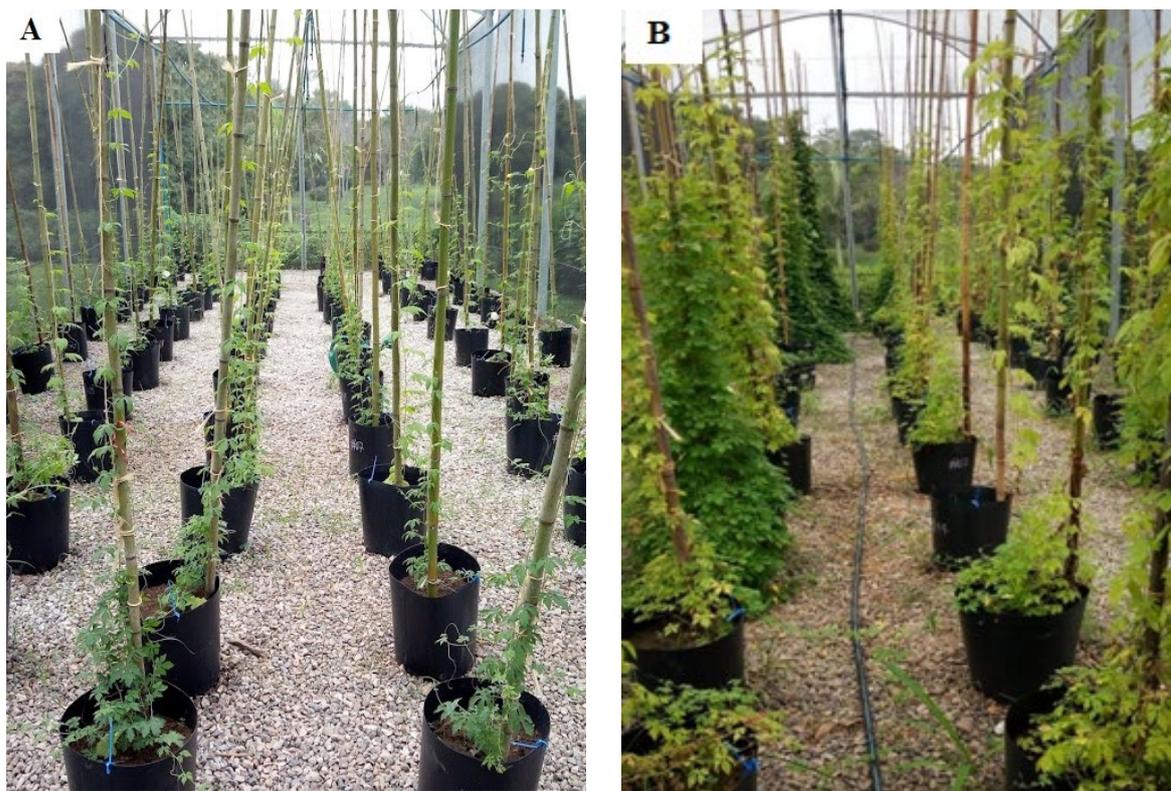
De modo geral, conforme demonstra Azambuja (2005), o processo de agrupamento de dados pode ser dividido em etapas: 1º) Definição dos objetivos da Análise de Agrupamento, obtenção dos dados e tratamento, se necessário, dos mesmos; 2º) Escolha da Técnica de Agrupamento e medida de distância a ser utilizada; 3º) Formação dos grupos a partir das definições efetuadas no item anterior e 4º) Validação, avaliação e interpretação dos resultados obtidos.

## **5. MATERIAL E MÉTODOS**

### **5.1. Local da Pesquisa e Condições Experimentais**

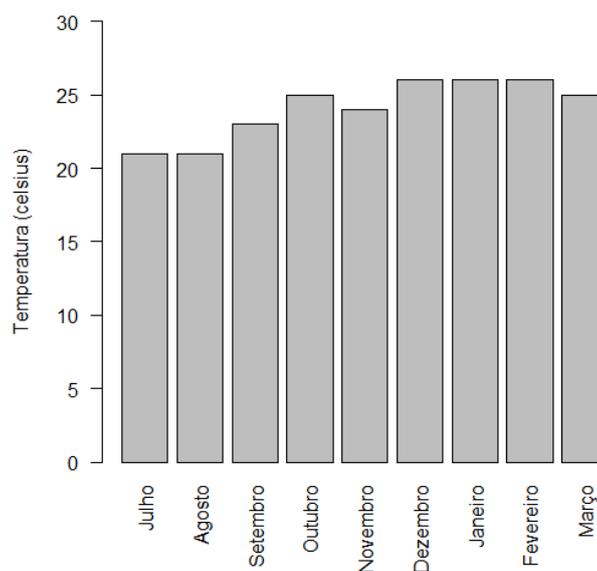
A avaliações foram conduzidas nas plantas da coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) pertencentes ao Laboratório de Citogenética e Biologia Molecular de Plantas, vinculado ao Departamento de Fitotecnia do Instituto de Agronomia da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ).

A coleção de plantas de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) foi implantada em casa de vegetação situada no Jardim Botânico do *campus* Seropédica da UFRRJ. As plantas permaneceram alocadas em vasos de 18 litros preenchidos com chernossolo (pH 5,47, Na 4,76 mg/L, K 26 mg/L, P 7 mg/L e matéria orgânica 2,57%) procedente do município de Pinheiral-RJ, sendo estes arrançados de forma aleatória no interior da casa de vegetação (Figura 1). A oferta de água foi mantida regularmente por meio de sistema de gotejadores e o tutoramento das hastes se deu com o auxílio de bambu e sisal.



**Figura 1:** Casa de vegetação comportando a coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ, 19/08/19 (A) e 08/11/19 (B). Jardim Botânico da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica - RJ.

De acordo com Carvalho et al. (2006), o clima da região de Seropédica é classificado como Aw, conforme a classificação climática de Köppen, marcado por duas estações bem definidas, inverno moderadamente frio e verão quente, com precipitação média anual de 1213 mm e temperatura média anual de 24,5 °C. Os dados climáticos relativos à temperatura média (°C) no município de Seropédica-RJ durante os meses de coleta de dados desta pesquisa seguem apresentados na Figura 2.



**Figura 2:** Temperatura média no município de Seropédica-RJ no período de julho de 2019 a março de 2020. Fonte: INMET, 2021.

## 5.2 Material Vegetal

Os acessos de melão-são-caetano (*M. charantia* L.) que constituem a coleção de germoplasmas do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ são oriundos de diferentes regiões brasileiras e contemplam os Estados do Rio de Janeiro, Minas Gerais, São Paulo, Espírito Santo, Paraná, Santa Catarina, Mato Grosso do Sul, Pernambuco, Bahia, Rio Grande do Norte e Paraíba, conforme é apresentado na Figura 3.



**Figura 3:** Estados brasileiros de origem das plantas da Coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ.

A referida coleção é constituída por 88 acessos e foi implantada em 01 de junho de 2019, no Jardim Botânico da UFRRJ. O fim das atividades se deu aos nove meses, em março de 2021. A Tabela 1 apresenta a procedência dos acessos, acompanhado de suas identificações na Coleção de germoplasmas e o número de acessos por procedência.

**Tabela 1:** Quadro informativo acerca dos genótipos de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) que compõem o banco de germoplasma do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ, Seropédica-RJ.

Procedência	Identificação dos acessos UFRRJ	Número de acessos
Seropédica – RJ	MSC001/ MSC002/ MSC003/ MSC012/ MSC013/ MSC014/ MSC015/ MSC016/ MSC022/ MSC023/ MSC024/ MSC025	12
Presidente Castelo Branco – SC	MSC007/ MSC008/ MSC009/ MSC010/ MSC011	5
Bom Jesus do Itabapoana – RJ	MSC017/ MSC018/ MSC019/ MSC20/ MSC021	5
Lavras – MG	MSC026/ MSC027/ MSC028/ MSC029/ MSC030	5

Ribeirão Preto – SP	MSC031/ MSC032/ MSC033/ MSC034/ MSC035	5
Carangola – MG	MSC036/ MSC037/ MSC038/ MSC039/ MSC040	5
Mandaguaçu – PR	MSC041/ MSC042/ MSC043/ MSC044/ MSC045	5
São Paulo – SP	MSC046/ MSC047/ MSC048/ MSC049/ MSC050	5
Diamantina – MG	MSC051/ MSC052/ MSC053/ MSC054/ MSC055	5
Paulista – PE	MSC059/ MSC060/ MSC061/ MSC062/ MSC063	5
Guanambi – BA	MSC073/ MSC074/ MSC075/ MSC076/ MSC077	5
Governador Dix – RN	MSC078/ MSC079/ MSC080/ MSC081/ MSC082	5
Três Lagoas – MS	MSC064 / MSC065/ MSC066/ MSC067	4
Monte Azul – MG	MSC056/ MSC057/ MSC058	3
Timbó – SC	MSC068/ MSC069/ MSC070	3
Ibiara – PB	MSC086/ MSC087/ MSC088	3
João Pessoa – PB	MSC005/ MSC006	2
Dourado – SP	MSC071/ MSC072	2
Jerônimo Monteiro – ES	MSC084/ MSC085	2
Ivaiporã – PR	MSC004	1
Vargem Alta – ES	MSC083	1

### 5.3. Desenvolvimento de Descritores Morfoagronômicos

A partir da definição dos 88 genótipos que comporiam a Coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ, foram idealizados descritores morfoagronômicos para a caracterização da espécie, apoiando-se nas recomendações sugeridas pelo *Guidelines for the development of crop descriptor lists* (BIOVERSITY INTERNATIONAL, 2007). Dessa maneira, em concordância com as referidas recomendações, cada descritor foi composto por três elementos essenciais, sendo eles: um nome, capaz de descrever o atributo de forma simples e compacta; um estado, capaz de expressar a característica do atributo observado; e um método de mensuração claro e de fácil entendimento.

Foram definidos ao todo 60 descritores morfoagronômicos passíveis de aplicação na caracterização da espécie *M. charantia* L. Salienta-se que dentre os 60 descritores morfoagronômicos definidos, 34 decorrem da literatura e 26 são inéditos. Tais descritores abarcam caracteres relativos aos frutos, sementes, flores, folhas e haste, sendo UPOV (2007), Esquinas-Alcazar e Gulick (1983), ECPGP (2008) e BRASIL (2008) utilizados como referência. UPOV (2007) contribuiu com 18 descritores (razão entre comprimento e largura da folha, número de lóbulos, comprimento do entrenó, comprimento médio do fruto, largura média do fruto, comprimento médio da semente, largura média da semente, comprimento médio da folha, largura média da folha, comprimento do pecíolo, diâmetro da haste principal, número de ramificações na base, formato do fruto, formato da base do fruto, coloração dos frutos, cor da folha, cor da semente e verruga nos frutos). Enquanto a obra de autoria de Esquinas-Alcazar e Gulick (1983), contribuiu com 10 descritores (número de frutos por planta, número médio de sementes por fruto, número total de sementes por planta,

comprimento do pedúnculo floral masculino, comprimento do pedúnculo floral feminino, espessura da polpa, deiscência do fruto, textura da semente, margem da folha e pilosidade na folha). O manual ECPGP (2008) contribuiu com quatro descritores (peso total de frutos frescos, peso médio de frutos frescos, peso total de frutos secos e peso médio de frutos secos) e BRASIL (2008) com dois descritores (espessura da polpa e formato da semente).

Todos os descritores relacionados acima foram testados e adaptados, quando necessário, para a composição da lista aqui apresentada. Ressalta-se que os descritores foram normatizados conforme o tipo de variável, sendo classificados em variáveis quantitativas e qualitativas, cabendo a esta última uma subdivisão entre multicategóricas e binárias (Tabela 2).

**Tabela 2:** Lista de descritores morfoagronômicos definidos para a caracterização da Coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ: tipo de variável, nome do descritor, método de mensuração e estado.

Tipo de variável	Nome do descritor	Método de mensuração	Estado
Quantitativas	Número de frutos por planta (NFP)	Contagem dos frutos maduros colhidos em cada planta durante o período que a coleção de plantas permaneceu no campo.	-
	Peso total dos frutos frescos (PTFf)	Somatório do peso (g) dos frutos frescos.	-
	Peso médio dos frutos frescos (PMFf)	Média do peso total dos frutos frescos (g) pelo número de frutos por genótipo.	-
	Peso total dos frutos secos (PTFs)	Soma do peso (g) dos frutos secos.	-
	Peso médio dos frutos secos (PMFs)	Média do peso total dos frutos secos (g) pelo número de frutos por genótipo. Secagem em estufa de circulação forçada de ar 45°C/48h.	-
	Comprimento médio dos frutos (CMF)	Média do comprimento (mm) de dez frutos maduros por genótipo.	-
	Largura média dos frutos (LMF)	Média da largura (mm) de dez frutos maduros por genótipo.	-
	Razão entre o comprimento e largura média dos frutos (CMFxLMF)	Razão entre o comprimento e o diâmetro médio dos frutos (mm).	-
	Espessura da polpa (EPO)	Média da espessura do mesocarpo de dez frutos por genótipo (mm).	-
	Número de fileiras de cristas (NFC)	Observada numa amostra representativa de dez frutos	-

	maduros por genótipo.	
Número de flores e/ou frutos abortados (NFFa)	Diferença entre o número de flores femininas e o número de frutos por genótipo.	-
Número de Sementes por planta (NSP)	Contagem das sementes dos frutos colhidos por genótipo.	-
Número médio de sementes por fruto (NMSf)	Média das sementes dos frutos colhidos pelo número de frutos por genótipo.	-
Peso total da semente (PTS)	Somatório do peso seco (g) das sementes em estufa de circulação forçada de ar 37°C/24h.	-
Peso médio da semente (PMS)	Média do peso total das sementes (g) pelo número de frutos.	-
Comprimento médio da semente (CMS)	Comprimento médio (mm) de uma amostra de dez sementes por planta.	-
Largura média da semente (LMS)	Largura média (mm) de uma amostra de dez sementes por planta.	-
Razão entre o comprimento e a largura média da semente (CMSxLMS)	Razão entre o comprimento e o diâmetro médio dos das sementes (mm).	-
Peso médio do arilo (PMA)	Peso médio de arilos de uma amostra de dez sementes por planta.	-
Peso total do fruto Seco (PTS.1)	Somatório do peso total dos frutos e sementes secos por genótipo (g).	-
Comprimento da folha (CF)	Média do comprimento (mm) de cinco folhas completamente	-

	desenvolvidas por genótipo.	
Largura da folha (LF)	Média da largura (mm) de cinco folhas completamente desenvolvidas por genótipo.	-
Razão entre o comprimento e a largura média da folha (CFxLF)	Razão entre o comprimento e a largura média das folhas (mm).	-
Número de lóbulos (NL)	Contagem dos lóbulos de cinco folhas desenvolvidas por genótipo.	-
Comprimento do pecíolo (CPC)	Comprimento (mm) da distância entre a inserção do pedúnculo na haste e a base de cinco folhas por genótipo.	-
Ângulo de inserção do pecíolo (AIP)	Ângulo formado entre o pecíolo de cinco folhas e o ramo em que está inserido por genótipo.	-
Número de flores masculinas (NFm)	Contagem diária das flores masculinas após a antese por genótipo.	-
Número de flores femininas (NFf)	Contagem diária das flores femininas após a antese por genótipo.	-
Razão entre o número de flores masculinas e femininas (NFmxNFf)	Razão entre o número de flores masculinas e o número de flores femininas por genótipo.	-
Número de pétalas (NP)	Contagem das pétalas de cinco flores por genótipo.	-
Comprimento do pedúnculo floral masculino (CPFm)	Comprimento (mm) da distância entre a inserção do pedúnculo na haste e a base de flores masculinas.	-

	Comprimento do pedúnculo floral feminino (CPFf)	Comprimento (mm) da distância entre a inserção do pedúnculo na haste e a base flores femininas.	-
	Comprimento da haste principal (CHP)	Medida (m) entre a base do caule (solo) e a extremidade superior da haste principal; por genótipo.	-
	Diâmetro da haste principal (DHP)	Medido na região do colo de cada genótipo a uma altura de 10 cm da base da haste principal; (mm).	-
	Número de ramificações na base (NRB)	Contagem das ramificações na base de cada genótipo a uma altura de 10 cm da base da haste principal.	-
	Comprimento do entrenó (CEN)	Medida da distância entre cinco nós e o nó seguinte; (mm).	-
	Número de entrenós (NEN)	Razão entre o comprimento da haste principal pelo comprimento do entrenó; (mm).	-
	Altura da primeira ramificação (APR)	Medida entre a base do caule (solo) e a primeira ramificação na haste principal; a uma altura de 10 cm da base da haste principal; (mm).	-
	Número de frutos por planta por metro de haste (NFP/CHP)	Razão entre o número de frutos por planta pelo comprimento da haste principal.	-
Qualitativas Multicategóricas	Formato do fruto (FF)	Observado numa amostra representativa de dez frutos maduros por genótipo.	1 - Triangular; 2 - Ovalado; 3 – Fusiforme.
	Formato da base do fruto (FBF)	Observado numa amostra representativa de dez frutos maduros por genótipo.	1 - Agudo; 2 – Obtuso e 3 – Arredondado.

	Coloração dos frutos (CFr)	Observada numa amostra representativa de dez frutos maduros por genótipo.	1 - Amarelo; 2 - Laranja; 3 – Laranja avermelhado.
	Formato da semente (FS)	Observado numa amostra representativa de dez sementes por genótipo.	1 – Oval/Achatada; 2 – Redonda.
	Textura da semente (TS)	Observada numa amostra representativa de dez sementes por genótipo.	1 – Lisa e 2 – Áspera.
	Coloração da semente (CSem)	Observada numa amostra representativa de dez sementes por genótipo.	1 – Branca/creme; 2 – Escura/preta e 3 – Amarelada.
	Cor do arilo (CA)	Observada numa amostra representativa de dez sementes por genótipo.	1 - Vermelho 2 –Vermelho escuro.
	Margem da folha (MF)	Observado numa amostra de cinco folhas completamente desenvolvidas por genótipo.	0 - Liso; 1 - Dentada.
	Cor das folhas (CDFo)	Observada na face superior de dez folhas completamente desenvolvidas por genótipo.	1 - Verde claro e 2 - Verde escuro.
	Formato da planta (FP)	Obtido através da observação do formato assumido pela planta.	1 – Ereto; 2 – Arbustivo.
Qualitativas Binárias	Cristas nos frutos (CNF)	Observada numa amostra representativa de dez frutos maduros por genótipo.	0 - Ausente; 1 - Presente.
	Verruga nos frutos (VF)	Observada numa amostra representativa de dez frutos maduros por genótipo.	0 - Ausente; 1 – Presente.
	Deiscência dos frutos (DF)	Observada numa amostra representativa de dez frutos	0 - Indeiscente; 1 - Deiscente

	maduros por genótipo.	
Arilo na semente (AS)	Observada numa amostra representativa de dez sementes por genótipo.	0 - Ausente; 1 - Presente.
Rajado nas sementes (RAJ)	Observada numa amostra representativa de dez sementes por genótipo.	0 - Ausente; 1 - Presente.
Pilosidade da folha (PFo)	Observado numa amostra de cinco folhas completamente desenvolvidas por genótipo.	0 - Ausente; 1 - Presente.
Folha ramificada na flor masculina (FMFm)	Observado numa amostra de cinco flores masculinas por planta.	0 - Ausente; 1 - Presente.
Folha ramificada na flor feminina (FMFf)	Observado numa amostra de cinco flores femininas por planta.	0 - Ausente; 1 - Presente.
Cor das pétalas (CPet)	Observada numa amostra representativa de cinco flores por genótipo.	1 – Amarela e 2 – Branca.
Posição do ovário (PO)	Observado numa amostra de cinco flores femininas completamente desenvolvidas por genótipo.	1 - Ínfimo e 2 – Súpero.
Pilosidade na haste (PH)	Obtido através da observação de tricomas na haste das plantas.	0 - Ausente; 1 - Presente

#### 5.4 Procedimentos estatísticos

Inicialmente, a partir das anotações obtidas, para cada descritor quantitativo foram apresentados a média, os valores mínimos e máximos, a amplitude, o desvio-padrão e o coeficiente de variação. Em seguida, todos os dados quantitativos foram normalizados dividindo-se o valor observado pelo desvio-padrão da variável correspondente. Todas as variáveis foram submetidas a análise de Pearson para estimação dos coeficientes de correlação. Estes coeficientes foram analisados em termos de magnitude das estimativas e da direção da correlação.

De posse desta matriz, os dados foram submetidos a análise de componentes principais, do inglês, *Principal Component Analysis* (PCA). Segundo Jolliffe (1973), quando se dispõe de um elevado número de descritores, como foi o caso, existe a possibilidade de que muitos deles sejam redundantes, logo, de baixo valor informativo. De acordo com Mardia et al. (1997), variáveis altamente correlacionadas aos componentes principais de menor variância representam variação praticamente insignificante (MARDIA et al., 1997). A manutenção destas variáveis na análise pode ocasionar os efeitos de multicolinearidade, prejudicando enormemente a consistência destas análises. Segundo Cruz e Carneiro (2003), tais efeitos podem ser advindos do grande número de variáveis avaliadas e/ou pela presença de variáveis altamente correlacionadas, caracterizando assim, uma dependência linear entre elas. De acordo com os autores citados anteriormente, os descritores de maior contribuição dizem respeito aos autovetores (coeficientes de ponderação) de elevado valor, normalmente associados a autovalores responsáveis por 80 ou, no mínimo, 70% da variação explicada (CRUZ e REGAZZI, 1997). Porém, essa variação somente pode ser exibida em um plano bi ou tridimensional. A presença de variáveis supostamente redundantes prejudica o acúmulo dessa variância. Diante disso, buscou-se, primeiramente, efetuar a redução do número de variáveis e, simultaneamente, conservar aquelas com maior valor informativo para a plotagem PCA em um plano bidimensional. Neste caso, as variáveis com maior média dos autovetores nos dois primeiros componentes principais, foram elencadas para a análise da diversidade via PCA. Estas variáveis foram elencadas conforme a sua contribuição relativa média individual estimadas a partir do primeiro e do segundo componente principal, de forma a manter um acúmulo mínimo de 70% da variância captada.

De posse de uma nova matriz, procedeu-se a análise de dispersão via PCA. O método de agrupamento *k-means* foi adotado como critério de validação da partição resultante da dispersão dos genótipos no plano bidimensional. O método *k-means* divide os elementos estudados em *k* grupos, onde cada grupo possui um núcleo que representa uma coordenada no plano cartesiano (BORBA, 2019). No plano cartesiano os elementos mais próximos constituem grupos, ou seja, cada elemento é alocado no grupo cuja distância comparada com o vetor da média é menor. Mediante a identificação dos genótipos elencados em cada grupo *k-means* no plano bidimensional PCA, foram apresentados as médias e os valores mínimos e máximos das variáveis elencadas para a análise. Os valores médios para cada grupo *k-means* também foram apresentados em gráficos do tipo radar.

As estimativas da magnitude da diversidade foram obtidas de três diferentes formas, a saber: índice de diversidade de Shannon ( $H'$ ) (SHANNON, 1948), índice de diversidade de Pielou ( $J'$ ) (PIELOU, 1966) e Análise de Similaridade (ANOSIM) (CLARKE e GREEN, 1988).

Os índices de diversidade Shannon e de Pielou foram aplicados sobre toda a população (coleção de germoplasma) estudada. Shannon baseia-se na teoria da

informação, e busca medir a diversidade considerando sua uniformidade de tal forma que valores baixos indicam que a diversidade da amostra é baixa. (MARGALEF, 1983).

Por fim, as variáveis elencadas para o estudo da diversidade foram submetidas a análise da Importância das Variáveis, conforme Singh (1981). Tal análise é baseada na partição dos componentes da distância euclidiana referentes a cada variável em relação ao total da dissimilaridade observada. Esses resultados foram apresentados em gráficos do tipo barra, onde cada barra corresponde a uma dada variável e o seu percentual de contribuição na diversidade entre as amostras (plantas).

Todos os procedimentos estatísticos foram executados integralmente no Programa R, versão 3.6.1 (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2019).

## 6. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 6.1. Idealização e desenvolvimento dos descritores

Inicialmente, no presente trabalho, foram idealizados e propostos 60 descritores morfoagronômicos para composição do conjunto de variáveis a serem utilizadas na caracterização do melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.). Após os procedimentos de caracterização, procedeu-se a análise da diversidade genética propriamente dita.

Todos os descritores foram normatizados conforme as recomendações propostas pelo *Bioversity International*, mencionadas nas Diretrizes para o desenvolvimento de listas de descritores de culturas agrícolas (BIOVERSITY INTERNATIONAL, 2007) (Tabela 2). Dessa forma, a estrutura que compreende os descritores aqui apresentados comporta um nome, um estado e um método de mensuração voltados ao atributo que será caracterizado, conforme já mencionado no item Material e Métodos deste trabalho. Em função da normatização, os 60 descritores subdividem-se quanto a natureza da variável da seguinte maneira: 39 quantitativos, 11 qualitativos binários e 10 qualitativos multicategóricos (Tabela 2).

Utilizou-se como uma das referências para a elaboração da referida lista de descritores as Diretrizes para a realização de testes de distinção, uniformidade e estabilidade do UPOV (*International Union for the Protection of New Varieties of Plants*) (União Internacional para a Proteção de Novas Variedades de Plantas) (UPOV, 2007), que dispõe de descritores morfológicos específicos para *M. charantia* L.. Todavia, observou-se que muitos destes descritores eram passíveis a divergência de interpretações. Assim sendo, desta composição foram aproveitados apenas 18 descritores, sendo 12 quantitativos, cinco qualitativos multicategóricos e um qualitativo binário. Dentre os descritores quantitativos selecionados de UPOV (2007), três foram transcritos integralmente a saber: razão entre comprimento e largura média da folha (CF/LF), número de lóbulos (NL) e comprimento do entrenó (CEN) (Tabela 2). Já os outros nove descritores quantitativos: comprimento médio do fruto (CMF), largura média do fruto (LMF), comprimento médio da semente (CMS), largura média da semente (LMS), comprimento médio da folha (CF), largura média da folha (LF), comprimento do pecíolo (CPC), diâmetro da haste principal (DHP) e número de ramificações na base (NRB), passaram por adaptações, em relação a UPOV (2007), quanto ao método de mensuração (Tabela 2).

O número de ramificações na base (NRB) (Tabela 2) foi adaptado de UPOV (2007) de forma a limitar a contagem até uma altura de 10 cm, ao invés da anotação da totalidade de brotos laterais. Já nos demais descritores quantitativos associados aos comprimentos e larguras de frutos (CMF e LMF), sementes (CMS e LMS), folhas (CF, LF e CPC) e haste (DHP) (Tabela 2), optou-se por suas anotações numéricas ao invés

de trabalhá-los como descritores multicatagóricos, como proposto inicialmente por UPOV (2007).

Dos descritores qualitativos multicatagóricos selecionados de UPOV (2007), quatro foram transcritos de forma integral: formato do fruto (FF), formato da base do fruto (FBF), coloração dos frutos (CFr) e cor das folhas (CDFo) (Tabela 2). O descritor coloração da semente (CSem) foi adaptado quanto aos estados observados mencionados nas diretrizes do UPOV (2007), substituindo-se as intensidades da cor marrom por 1 = branca/creme, 2 = escura/preta e 3 = amarelada (Tabela 2). As adaptações relacionadas aos estados das sementes de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) foram propostas com o objetivo de tornar o processo de caracterização mais preciso, uma vez que três padrões de coloração distintos foram observados.

O descritor qualitativo binário, denominado “verruca nos frutos”, foi transcrito integralmente, onde atribuiu-se 0 (zero) para ausência e 1 para presença de verrugas (Tabela 2).

Em virtude da escassez de descritores oficiais para *M. charantia* L., tomou-se também como referência descritores de espécies relacionadas a espécie-alvo, conforme Esquinas-Alcazar e Gulick (1983), ECPGP (2008) e BRASIL (2008).

Esquinas-Alcazar e Gulick (1983) fazem uma abordagem acerca dos recursos genéticos de espécies comuns à família das cucurbitáceas. Desta composição, 10 descritores foram aproveitados, sendo cinco quantitativos, dois qualitativos multicatagóricos e três qualitativos binários. Dentre os descritores quantitativos selecionados de Esquinas-Alcazar e Gulick (1983), dois foram transcritos: número de frutos por planta (NFP) e número médio de sementes por fruto (NMSf); e três passaram por uma adaptação: considerou-se o número total de sementes por planta (NSP) ao invés do número total de sementes por fruto, e ainda a mensuração do pedúnculo de flores masculinas (CPFm) e femininas (CPFf) separadamente, ao contrário do descritor original, que não separava o pedúnculo por sexo floral (Tabela 2).

O manual intitulado *Minimum descriptors for Cucurbita spp., cucumber, melon and watermelon* (Descritores mínimos para *Cucurbita* spp., pepino, melão e melancia) (ECPGR, 2008), por sua vez, contribuiu com o total de quatro descritores quantitativos: peso total (PTFf), peso médio de frutos frescos (PMFf), peso total de frutos (PTFs) e peso médio de frutos secos (PMFs) (Tabela 2). Tais descritores foram adaptados quanto a unidade de medida, procedendo-se a pesagem em gramas (g) ao invés de quilogramas (kg) nos frutos frescos e secos.

BRASIL (2008) dispõe de instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de melão (*Cucumis melo* L.), e dessa maneira pôde contribuir com dois descritores, a saber: espessura da polpa (EPO) e formato da semente (FS), de caráter quantitativo e qualitativo multicatagórico, respectivamente (Tabela 2). A estes descritores foram procedidas adaptações quanto ao método de mensuração e denominação do estado observado. Com relação ao descritor quantitativo espessura de polpa (EPO), optou-se por sua anotação numérica ao invés de trabalhá-lo como multicatagórico, conforme observado em BRASIL (2008). Quanto ao descritor qualitativo multicatagórico formato da semente (FS), substituiu-se as denominações “elíptica muito acentuada”, “elíptica acentuada” e “elíptica”, por apenas “oval” e “triangular” (Tabela 2).

Além destes, buscou-se ineditismo com a proposição de outros 26 descritores, sendo 17 quantitativos, dois qualitativos multicatagóricos e sete qualitativos binários.

Os 17 descritores quantitativos propostos foram: razão entre comprimento e largura média do fruto (CMF/LMF), número de fileiras de cristas (NFC), peso total da semente (PTS), peso médio da semente (PMS), peso médio do arilo (PMA), razão entre

comprimento e largura média da semente (CMS/LMS), peso total seco (frutos + sementes) (PTS.1), número de flores e/ou frutos abortados (NAB), número de flores masculinas (NFm), número de flores femininas (NFf), razão entre número de flores masculinas e femininas (NFm/NFf), ângulo de inserção do pecíolo (AIP), número de pétalas (NP), comprimento da haste principal (CHP), número de entrenós (NEN), altura da primeira ramificação (APR) e número de frutos por metro de haste (NSP/CHP) (Tabela 2). E ainda dois qualitativos multicatégoricos, cor do arilo (CA) e formato da planta (FP), e sete qualitativos binários, a saber: cristas nos frutos (CNF), rajado nas sementes (RAJ), arilo na semente (AS), folha modificada na flor masculina (FMFm), folha modificada na flor feminina (FMFf), posição do ovário (PO) e pilosidade na haste (PH) (Tabela 2).

## 6.2. Comportamento da população de plantas em relação aos descritores quantitativos aplicados

A Tabela 3 mostra os resultados da caracterização das plantas de melão-de-são-caetano no campo. Nesta tabela é possível notar que, em média, a produção de frutos (NFP) da espécie em Seropédica, RJ, foi de 23,25 frutos. Entretanto, é fato que, na coleção, há plantas que produziram apenas 1 (um) fruto (UFRRJ MSC049), enquanto outras chegaram a produzir 146 frutos (UFRRJ MSC072). Isso mostra uma grande amplitude na produção de frutos (145 frutos). Além disso, o coeficiente de variação para esta mesma variável foi igualmente elevado, estimado em 116,39%. Tanto o peso total de frutos quanto o peso médio de frutos também foram compostos por variáveis, ou descritores, que apresentaram altos coeficientes de variação. O peso total de frutos frescos (PTFf) e secos (PTFs) apresentaram coeficientes de variação estimados em 88,23 e 108,64% (Tabela 3). Já os pesos médios de frutos frescos (PMFf) e secos (PMFs) apresentaram coeficientes de variação da ordem de 156,95 e 121,19% (Tabela 3).

**Tabela 3:** Análise estatística descritiva referente à 39 descritores morfoagronômicos quantitativos utilizados na caracterização de 88 genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) cultivados em vasos, organizados em casa de vegetação, no município de Seropédica, RJ.

Descritores	Média	Mínimo	Máximo	Amplitude	Desvio-padrão	CV (%)
NFP	23,25	1,00	146,00	145,00	27,06	116,39
PTFf	52,94	4,02	242,39	238,37	46,71	88,23
PMFf	5,58	0,67	47,23	46,56	8,75	156,95
PTFs	4,65	0,13	24,97	24,84	5,06	108,64
PMFs	0,32	0,02	1,85	1,83	0,39	121,19
CMF	49,64	21,53	161,43	139,90	29,82	60,07
LMF	21,11	10,48	54,24	43,76	8,89	42,12
CMF/LMF	2,29	1,61	4,72	3,11	0,50	21,92
EPO	1,34	0,42	5,50	5,08	0,87	65,09
NFC	8,13	8,00	10,00	2,00	0,40	4,87
NAB	43,42	0,0	538	538	81,77	188,33
NSP	110,15	9,00	656,00	647,00	130,94	118,88
NMSf	5,67	1,28	30,00	28,72	4,46	78,72
PTS	6,42	0,47	60,50	60,03	8,80	137,15
PMS	0,07	0,02	0,52	0,50	0,06	87,37

CMS	9,13	4,30	15,47	11,17	2,18	23,85
LMS	5,35	2,69	8,80	6,11	1,09	20,31
CMS/LMS	1,70	1,39	2,52	1,13	0,16	9,32
PMA	0,008	0,001	0,073	0,072	0,010	127,65
PAP	0,066	0,001	0,540	0,539	0,092	138,63
PTS.1	11,07	1,42	64,34	62,92	12,76	115,28
CF	98,47	37,77	198,13	160,36	28,69	29,13
LF	117,23	43,20	200,13	156,93	30,35	25,89
CF/LF	0,84	0,72	1,06	0,34	0,07	8,92
CPC	20,25	9,79	35,36	25,57	5,15	25,41
AIP	9,00	3,12	49,48	39,69	7,47	83,00
NL	5,41	5,00	7,00	2,00	0,81	15,00
NFm	350,14	1,00	2608,00	2607,00	416,74	119,02
NFf	66,67	4,00	684,00	680,00	105,58	158,36
NFm/NFf	10,69	0,17	72,75	72,58	11,51	107,68
CPFm	34,30	9,30	62,80	53,50	9,54	27,80
CPFf	44,93	17,50	94,85	77,35	14,33	31,90
CHP	3,08	0,71	11,92	11,21	1,97	63,84
DHP	2,46	1,00	5,10	4,10	0,78	31,94
NRB	2,02	0,0	4,00	4,00	1,31	64,91
CEN	51,84	29,13	115,80	86,67	13,85	26,71
NEN	62,25	13,27	324,59	311,32	42,28	67,92
APR	27,08	0	100,00	100,00	22,54	83,23
NFP/CHP	7,65	0,24	40,61	40,37	7,78	101,80

Legenda: CV (%): Coeficiente de Variação; NFP = Número de frutos por planta; PTFf = Peso total dos frutos frescos; PMFf = Peso médio dos frutos frescos; PTFs = Peso total dos frutos secos; PMFs = Peso médio dos frutos secos; CMF = Comprimento médio dos frutos; LMF = Largura média dos frutos; CMF/LMF = Razão entre o comprimento e largura média dos frutos; EPO = Espessura da polpa; NFC = Número de fileiras de cristas; NAB = Número de abortos (flores ou frutos abortados); NSP = Número de sementes por planta; NMSF = Número médio de sementes por fruto; PTS = Peso total da semente; PMS = Peso médio da semente; CMS = Comprimento médio da semente; LMS = Largura média da semente; CMS/LMS = Razão entre o comprimento e a largura média da semente; PMA = Peso médio do arilo; PAP = Produção de arilo na planta; PTS.1 = Peso total seco de frutos e sementes; CF = Comprimento da folha; LF = Largura da folha; CF/LF = Razão entre comprimento e largura da folha; CPC = Comprimento do pecíolo; AIP = Ângulo de inserção do pecíolo; NL = Número de lóbulos; NFm = Número de flores masculinas, NFf = Número de flores femininas; NFm/NFf = Razão entre flores masculinas e femininas; CPFm = Comprimento do pedúnculo floral masculino; CPFf = Comprimento do pedúnculo floral feminino; CHP = Comprimento da haste principal; DHP = Diâmetro da haste principal; NRB = Número de ramificações na base; CEN = Comprimento do entrenó; NEN = Número de entrenós; APR = Altura da primeira ramificação; NFP/CHP = Número de frutos por planta por metro.

Entre as plantas da coleção de germoplasmas analisadas, atenção especial deve ser dada ao comprimento e largura média de frutos, respectivamente, CMF e LMF. Estes descritores indicaram coeficientes de variação menores em relação aos descritores relativos ao número e peso de frutos. CMF e LMF foram estimados em 60,07 e 42,12%. Nota-se, portanto, que há maior variabilidade para o comprimento de frutos do que para

a largura de frutos. A planta com menor e maior comprimento médio de frutos (CMF) apresentaram, respectivamente, 21,53 (UFRRJ MSC021) e 161,43 mm (UFRRJ MSC033). A maior e menor largura de frutos (LMF) foram estimadas em 54,24 mm (UFRRJ MSC009) e 10,48 mm (UFRRJ MSC021), respectivamente. Assis et al. (2015) estimaram o comprimento e a largura média dos frutos em 55,10 e 68,80 mm, respectivamente. Ghosh et al. (2015), por sua vez, trabalharam com plantas contendo frutos com comprimento medido entre 215,90 e 155,50 mm.

Em relação ao comprimento médio dos frutos (CMF), convém destacar que a média geral (49,64 mm) foi cerca de 3,25 vezes menor do que a planta com maior CMF. Isso indica que a coleção de germoplasmas estudada apresenta um predomínio de genótipos detentores de frutos pequenos. A Figura 4 mostra a diversidade de tamanhos existentes entre os genótipos de melão-são-caetano (*M. charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ.



**Figura 4:** Diversidade de tamanhos observada entre os frutos dos genótipos da coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ. Escala: 2 cm.

Em relação ao formato dos frutos (FF), é possível inferir que a coleção de germoplasmas estudada tem predomínio de plantas com frutos no formato triangular (87,50%) (Anexo III). Algumas plantas, tiveram um formato triangular mais proeminentes, e outras, menos. Essa inferência é possível de ser feita quando se observa os valores mínimos e máximos da razão entre o comprimento e a largura de frutos (CMF/LMF), respectivamente, estimadas em 1,61 e 4,72 (Tabela 3). Valores de CMF/LMF próximos de 1,0 indicariam frutos arredondados, o que não foi o caso. De modo geral, foi constatado que 100% dos frutos apresentaram deiscência, bem como a superfície marcada pela presença de cristas e verrugas. As sementes de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.), por sua vez, apresentam a característica de tegumento rajado, envolto por arilo de cor vermelha. As folhas apresentam bordas dentadas e superfície lisa, ou seja, ausente de pilosidade. Em todas as flores masculinas e femininas foi observada a presença de folha modificada no pedúnculo e coloração das pétalas predominantemente amarela, além destas características verificou-se as flores da espécie apresentam ovário ínfero. A ausência de pilosidade da haste (caule) soma-se às características de caráter qualitativo das quais os genótipos da coleção apresentaram em comum.

Ainda em relação aos aspectos ligados aos frutos, nota-se na Tabela 3 que o descritor espessura de polpa (EPO) apresentou uma elevada amplitude, da ordem de 5,08 mm. A média de EPO entre os genótipos da coleção foi estimada em 1,34 mm.

Porém, há genótipos que alcançam 5,50 mm e 5,04 mm de espessura de polpa de fruto (EPO) (Tabela 3). Estes EPO's foram encontrados nos genótipos UFRRJ MSC064 e 068, respectivamente. As estimativas apresentadas para EPO, indicam que a maioria dos genótipos apresentaram uma espessura de polpa bem inferior àquelas encontradas nos genótipos UFRRJ MSC064 e 068. O coeficiente de variação para EPO (65,09%) (Tabela 3) também indica que a variável apresenta variabilidade relativamente alta entre as plantas da coleção, apesar de prevalecer plantas com EPO menos espesso. Já em relação ao descritor número de fileiras de cristas no fruto (NFC), a variabilidade é bastante reduzida. O coeficiente de variação estimado para a variável foi de 4,87%. O NCF entre as plantas da coleção variou entre 8 e 10 fileiras de cristas (Tabela 3). Apenas dois genótipos apresentaram 10 fileiras de cristas nos frutos, a saber: UFRRJ MSC031 e UFRRJ MSC067. Um total de 89,77% dos genótipos apresentou frutos com 8 fileiras de cristas.

Diante do exposto, é possível inferir que as variáveis relativas ao número e peso de frutos apresentaram alta diversidade na coleção de germoplasmas analisada. A espessura da polpa no fruto também tende a variar bastante entre os genótipos. No que diz respeito ao tamanho de frutos, entretanto, na coleção, há um predomínio de genótipos com frutos pequenos, apesar da diversidade encontrada. Possivelmente, no Brasil, este é um fenótipo mais comum entre as plantas de melão-de-são-caetano. Há também um predomínio de frutos com 8 fileiras de cristas entre os genótipos brasileiros. Porém, esta variável exibiu baixíssimo polimorfismo entre os genótipos, ou seja, baixíssima diversidade genética.

O peso médio de sementes (PMS) foi estimado em 0,07 gramas. O genótipo com maior PMS alcançou 0,52 gramas (UFRRJ MSC086), e o menor, 0,02 gramas (UFRRJ MSC004) (Tabela 3). Interessante foi observar a amplitude da variável número médio de sementes por fruto (NMSf). A coleção teve planta contendo, em média, 1,28 sementes por fruto (UFRRJ MSC045), e planta com média de 30,0 sementes por fruto (UFRRJ MSC049) (NMSf) (Tabela 3). Porém, em média, a coleção de germoplasmas apresentou plantas contendo NMSf de 5,67 sementes por fruto (Tabela 3). Assim como esperado, as plantas da coleção apresentaram alta diversidade genética para o número de sementes por planta (NSP) e para a produção de sementes por planta (PTS). Os coeficientes de variação estimados foram da ordem de 118,88 e 137,15%, respectivamente para o NSP e para o PTS (Tabela 3). Em relação ao número de sementes por planta (NSP), vale mencionar que o genótipo UFRRJ MSC087 produziu 656 sementes, enquanto os genótipos UFRRJ MSC007, UFRRJ MSC008 e UFRRJ MSC047 produziram, cada um deles, apenas nove sementes (Tabela 3).

Ainda em relação às sementes, observa-se na Tabela 3 que a diversidade para o tamanho das sementes foi relativamente baixa na coleção. O comprimento médio das sementes (CMS) e a largura média das sementes (LMS) apresentaram coeficientes de variação estimados em 23,85 e 20,31%. A média do CMS e do LMS na coleção foi estimada em 9,13 mm e 5,35 mm. Vale destacar a amplitude para o comprimento médio de sementes (CMS), estimado em 11,17 mm (Tabela 3). O formato das sementes, observado pela relação CMS/LMS, foi estimado em 1,70. O formato das sementes foi uma variável pouco polimórfica entre as plantas da coleção de germoplasma estudada. O coeficiente de variação para o descritor CMS/LMS foi estimado em apenas 9,32% (Tabela 3). A Figura 5 mostra a diversidade existente para o tamanho das sementes.



**Figura 5:** Diversidade de tamanhos observada entre sementes dos genótipos da coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ. Escala: 1 cm.

Além dos aspectos morfológicos ligados às sementes, é necessário também abordar os aspectos ligados ao arilo das sementes. A Tabela 3 mostra que a variação no peso médio do arilo (PMA) foi bastante alta. O coeficiente de variação foi estimado em 127,65%. O peso médio do arilo (PMA) foi estimado em 0,008 gramas. É válido lembrar que o descritor aplicado utiliza 10 sementes para se mensurar o PMA.

O genótipo UFRRJ MSC069 teve o maior PMA entre todas as plantas da coleção. É importante pontuar que este genótipo produziu apenas cinco frutos e 21 sementes. Esses valores são considerados muito baixos em termos de produção de frutos e de sementes. O UFRRJ MSC069 também apresentou folhas e frutos grandes. Já em relação a produção de arilo na planta (PAP), observa-se também alta diversidade genética entre os genótipos analisados. O coeficiente de variação foi estimado em 138,63% (Tabela 3). Os genótipos com menor e maior produção de arilo foram os seguintes: UFRRJ MSC008 e UFRRJ MSC059, respectivamente, com PMA estimado em 0,001 e 0,540 gramas (Tabela 3). Deve-se salientar que três das plantas mais produtivas em termos de frutos e de sementes, estiveram entre as mais produtivas considerando a produção de arilo.

Sem dúvida, o número de flores nas plantas de melão-de-são-caetano se apresenta como uma das variáveis de maior polimorfismo. Com base nas estimativas apresentadas na Tabela 3, é possível inferir que, em média, nas plantas, existem 10,69 flores masculinas para apenas uma feminina (Ver NFm/NFf, Tabela 3). A média do NFm foi estimada em 350,14 flores masculinas por planta, enquanto o NFf foi estimado em 66,67 flores femininas por planta (Tabela 3). É também interessante informar que apenas uma planta foi capaz de produzir 2.608 flores masculinas (UFRRJ MSC046) num ciclo completo de produção. Já em relação às flores femininas, o genótipo UFRRJ MSC072 chegou a produzir 684 flores femininas, o maior número entre todas as plantas da coleção. Em média, o comprimento do pedúnculo da flor feminina (CPFf) é maior do que da flor masculina (CPFm). Estes parâmetros foram estimados em 44,93 e 34,30 mm, respectivamente (Tabela 3). O número de pétalas das flores (NP) não variou. Todas as flores apresentaram cinco pétalas.

É importante salientar que, entre os genótipos mais produtivos, o UFRRJ MSC087 e o UFRRJ MSC028 foram os mais eficientes em produzir frutos. Essa conclusão é baseada no fato de que, respectivamente, esses genótipos precisaram de apenas 2,56 e 2,27 flores femininas para produzir 1,0 (um) fruto. Os outros quatro genótipos mais produtivos, UFRRJ MSC072, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC053 e UFRRJ MSC044 precisaram de, respectivamente, 4,68, 4,38, 3,35 e 3,34 flores femininas para produzir 1,0 (um) fruto. Vale ressaltar também que, dos seis genótipos mais produtivos citados anteriormente, quatro deles estiveram entre os seis com maior emissão de flores masculinas (NFm), a saber: UFRRJ MSC072, UFRRJ MSC053, UFRRJ MSC042 e UFRRJ MSC028. Estes genótipos emitiram, respectivamente, 1.715, 1.532, 1.232 e 994 flores masculinas.

Conforme apresentado na Tabela 3, pode-se notar que as variáveis relativas ao tamanho do limbo foliar apresentaram coeficientes de variação relativamente baixos. O comprimento médio de folha (CF), a largura média de folha (LF), a relação CF/LF e o número de lóbulos na folha (NL) foram estimados, respectivamente, em 29,13, 25,89, 8,92 e 15,0%. Deve-se mencionar que, apesar da média do comprimento de folhas (CF) e da largura de folhas (LF) ter sido estimada, respectivamente, em 98,47 mm e 117,23 mm (Tabela 3), houve plantas que apresentaram folhas muito pequenas ou muito grandes em relação às referidas médias. Leo et al. (2011) estimaram o comprimento e a largura de folhas em melão-de-são-caetano em 53,4 e 61,0 mm, respectivamente. Santana (2013) estimou em 49,80 mm o comprimento de folhas na mesma espécie. Já Ghosh et al. (2015), também em melão-de-são-caetano, estimaram o comprimento das folhas em 202,80 mm. A Figura 6 mostra a diversidade existente para o tamanho das folhas.



**Figura 6:** Diversidade de tamanhos observada entre folhas dos genótipos da coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ. Escala: 1 cm.

No presente trabalho, o genótipo UFRRJ MSC086 foi o que apresentou o menor tamanho de folha, cujo LF e CF foram estimados em 37,77 e 43,20 mm, respectivamente (Tabela 3). Em relação ao maior comprimento de folhas (CF), o genótipo UFRRJ MSC031 alcançou 198,13 mm, enquanto o UFRRJ MSC070, teve a maior largura de folhas, com 200,13 mm (Tabela 3). Mas em se tratando de maior tamanho de folha, o genótipo UFRRJ MSC031 sobressaiu, já que ele também teve a segunda maior largura de folha (LF), estimada em 187,07 mm. As folhas das plantas de melão-de-são-caetano analisadas, apresentaram, basicamente, cinco ou sete lóbulos (NL). Um total de 80,68% das plantas apresentou folhas com 5 lóbulos.

Em média, o comprimento do pecíolo foliar (CPC) nas plantas da coleção analisada foi de 20,25 mm (Tabela 3). Mas há plantas, por exemplo, com comprimento médio de pecíolo medindo entre 9,79 (UFRRJ MSC036) e 35,36 mm (UFRRJ MSC050). Vale também informar que o ângulo de inserção do pecíolo foliar (AIP) apresentou ampla diversidade genética, cujo coeficiente de variação foi estimado em 83,0%. O AIP variou entre 3,12 e 49,48°, enquanto a sua média foi estimada em apenas nove graus (Tabela 3).

Em relação ao porte (comprimento) das plantas de melão-de-são-caetano analisadas, constatou-se uma enorme amplitude entre a planta com menor e maior comprimento de haste (CHP) (de caule). A Tabela 3 indica que a planta com menor haste, alcançou CHP de 0,71 m (UFRRJ MSC036), enquanto a maior alcançou

comprimento do caule de 11,92 m (UFRRJ MSC082), uma amplitude de 11,21 m. A média do diâmetro da haste principal (DHP) foi estimada em 2,46 cm (Tabela 3). A variação em relação ao DHP esteve entre 1,0 e 5,10 cm, respectivamente, nos genótipos UFRRJ MSC036 e UFRRJ MSC070.

O comprimento dos entrenós da haste (CEN) variou entre 29,13 e 115,80 mm (Tabela 3), respectivamente, mensurado nos genótipos UFRRJ MSC073 e UFRRJ MSC001. Vale informar que o genótipo UFRRJ MSC080 apresentou CEN estimado em 29,16 mm, muito próximo ao menor comprimento de entrenó relatado anteriormente. A média do comprimento de entrenó foi estimada em 51,84 mm. Em relação ao número de entrenós (NEN) presentes numa planta, mais especificamente em sua haste (caule), o maior valor foi visto no genótipo UFRRJ MSC082 (NEM = 325 entrenós).

É importante também destacar que, em média, o número de ramos na base das plantas (NRB) variou de zero a 4,0 ramos. Ao todo, 22,73% das plantas analisadas na coleção não exibiram ramificações laterais, ou seja, apresentaram apenas o caule principal. Neste caso, o NRB foi de zero. Assim sendo, pode-se inferir que a maioria das plantas da coleção de germoplasma em questão apresentou, no mínimo, uma ramificação lateral. Isso impacta diretamente na condução dessas plantas no campo. Vale mencionar que todos os seis genótipos mais produtivos apresentaram ramificações laterais. Em média, a altura das ramificações (APR) foi estimada em 27,08 mm. Nota-se, portanto, que as ramificações ocorrem muito próximas a base do caule principal, ou seja, as ramificações emergem muito próximas ao solo.

Vale destacar que os seis genótipos com maior número de sementes produzidas por planta (NSP) na coleção, foram, em ordem decrescente, o UFRRJ MSC087, UFRRJ MSC028, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC044, UFRRJ MSC072 e UFRRJ MSC053, respectivamente, com NSP de 656, 568, 508, 495, 486 e 561 sementes. Vale informar que os genótipos anteriormente citados, também estiveram entre os seis mais produtivos em relação ao número de frutos por planta (NFP). Porém, a ordem decrescente foi diferente, a saber: UFRRJ MSC072, UFRRJ MSC028, UFRRJ MSC087, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC053 e UFRRJ MSC044, respectivamente, com NFP de 146, 128, 118, 106, 97 e 67 frutos por planta.

Os genótipos anteriormente citados, foram também os que produziram um maior número de flores femininas (Nff) na coleção. Além disso, entre estes, o número de ramificações laterais (NRB) aumentou com o incremento da produção de frutos e de flores femininas. Os genótipos UFRRJ MSC072, UFRRJ MSC028, UFRRJ MSC087, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC053 e UFRRJ MSC044, apresentaram, respectivamente, 4, 4, 3, 3, 3 e 2 ramos na base (NRB), ou seja, ramos laterais.

Shankar et al. (2009) identificaram correlações positivas entre o número de flores femininas com número de frutos por planta, peso médio do fruto e espessura da polpa do fruto. Estas estimativas foram na ordem de 0,51, 0,48 e 0,37, respectivamente. Já no presente trabalho, foi possível observar que a correlação entre o número de flores femininas (Nff) com o número de frutos por planta (NFP) foi muito superior a correlação encontrada por Shankar et al. (2009), sendo esta da ordem de 0,91 (Figura 10 e Anexo II). Ainda em oposição as estimativas de correlações encontradas por Shankar et al. (2009), no presente trabalho, as estimativas de correlações entre o número de flores femininas (Nff) com o peso médio de frutos frescos (PMFf), peso médio de frutos secos (PMFs) e com a espessura da polpa (EPO) foram todas negativas. Estas foram estimadas em -0,24, -0,19 e -0,30, respectivamente (Figura 10 e Anexo II). Estes resultados evidenciam, por sua vez, que o aumento na produção de flores femininas e consequente aumento na produção de frutos pode resultar na produção de frutos mais leves e de polpa menos espessa.

É importante ressaltar que dos seis genótipos mais produtivos, dois deles estão entre as plantas com maior comprimento de haste (de caule) (CHP), a saber: UFRRJ MSC072 e UFRRJ MSC053, respectivamente com 8,19 e 8,95 m. É também válido informar que o comprimento de haste (CHP) entre os genótipos mais produtivos variou entre 8,95 e 2,61 m. Isso mostra que é possível reduzir o porte da planta sem alterar muito a produção de frutos em melão-de-são-caetano. Em detalhe, os genótipos UFRRJ MSC087, UFRRJ MSC028, UFRRJ MSC044 e UFRRJ MSC042 apresentaram, respectivamente, 5,51, 4,25, 4,56 e 2,61 m de comprimento de caule (ou haste) (CHP).

É interessante também observar que apenas três dos seis genótipos mais produtivos para frutos e sementes se destacaram quanto a produção de arilo (PAP) em melão-de-são-caetano, a saber: UFRRJ MSC087, UFRRJ MSC028 e UFRRJ MSC044, respectivamente com 0,525, 0,284 e 0,248 gramas de arilo produzidos. Conforme já mencionado, UFRRJ MSC069 foi o genótipo mais produtivo para peso de arilo na planta, com PAP estimado em 0,540 gramas (Tabela 3). Diante dessas informações pode-se notar que apenas os genótipos UFRRJ MSC069 e UFRRJ MSC087 passaram de 0,500 gramas de arilo produzidos. Porém, o rendimento do peso de arilo no genótipo UFRRJ MSC069 foi bastante superior ao UFRRJ MSC087. Isso decorre porque o primeiro genótipo citado precisou de apenas 41 frutos e 300 sementes para produzir 0,540 gramas de arilo. Já o genótipo UFRRJ MSC087 precisou de 118 frutos e 656 sementes para produzir uma quantidade de arilo semelhante ao do genótipo UFRRJ MSC069. Assim sendo, o tempo investido e o custo financeiro para retirada do arilo nestas plantas serão muito maior no genótipo UFRRJ MSC087.

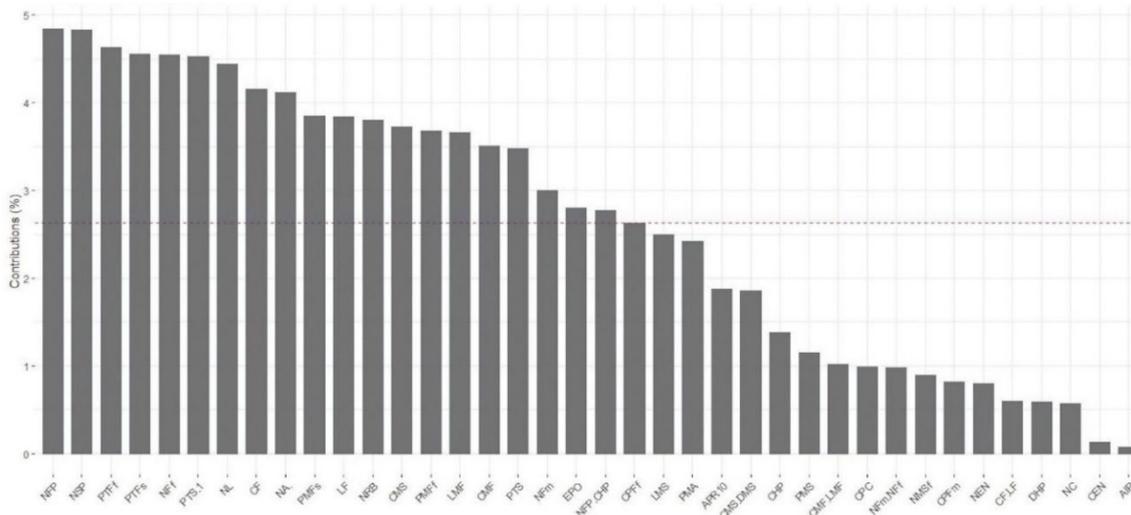
### **6.3. Definição dos descritores a serem utilizados nas análises da diversidade**

A partir da análise de componentes principais, do inglês, PCA (*Principal Components Analysis*), os descritores morfoagronômicos quantitativos utilizados nas análises de diversidade foram definidos com base no seu poder discriminativo ou na sua contribuição para a diversidade genética nos dois primeiros componentes principais (PC<sub>1</sub> e PC<sub>2</sub>). Isso foi necessário porque o uso simultâneo de todos os 39 descritores quantitativos na análise de PCA não resultou no acúmulo de, no mínimo, 70% da variação nos PC<sub>1</sub> e PC<sub>2</sub>. Neste caso, a variância acumulada foi apenas de 48,46%. Esta condição pode decorrer da redundância entre descritores, haja vista que, por estarem fortemente correlacionadas, algumas variáveis tendem a prover menor peso na discriminação da variabilidade observada entre genótipos de uma determinada população. Tais caracteres redundantes são dispensáveis em estudos de divergência genética, conforme as recomendações de Cruz e Regazzi (1994), assim como aqueles relativamente invariantes entre as espécies/clones estudados.

Diante disso, foi necessário proceder a exclusão de algumas variáveis a fim de que este percentual pudesse ser aumentado, conforme mencionado anteriormente. A técnica de PCA consiste em transformar um conjunto de variáveis originais em outro conjunto de variáveis de mesma dimensão

A Figura 7 mostra os descritores com maior contribuição relativa para a diversidade genética nos dois primeiros componentes principais, PC<sub>1</sub> e PC<sub>2</sub>. Descritores posicionados abaixo do limite crítico mostrado no gráfico da Figura 7 são recomendados para exclusão na análise de dispersão via PCA. Dos 39 descritores quantitativos analisados, foram elencados 21 para proceder as análises de dispersão. Desta forma, o estudo da diversidade genética no presente trabalho abarcou as seguintes variáveis, nesta ordem: número de frutos por planta (NFP), número de sementes por planta (NSP), peso total dos frutos frescos (PTFf), peso total dos frutos secos (PTFs), número de flores femininas (Nff), peso total seco de frutos e sementes (PTS.1), número

de lóbulos (NL), comprimento da folha (CF), número de flores e/ou frutos abortados (NAB), peso médio do fruto seco (PMFs), largura da folha (LF), número de ramificações na base (NRB), comprimento médio da semente (CMS), peso médio do fruto fresco (PMFf), largura média do fruto (LMF), comprimento médio do fruto (CMF), peso total da semente (PTS), número de flores masculinas (NFm), espessura da polpa (EPO), número de frutos por metro de haste (NFP/CHP) e comprimento do pedúnculo floral feminino (CPFf).

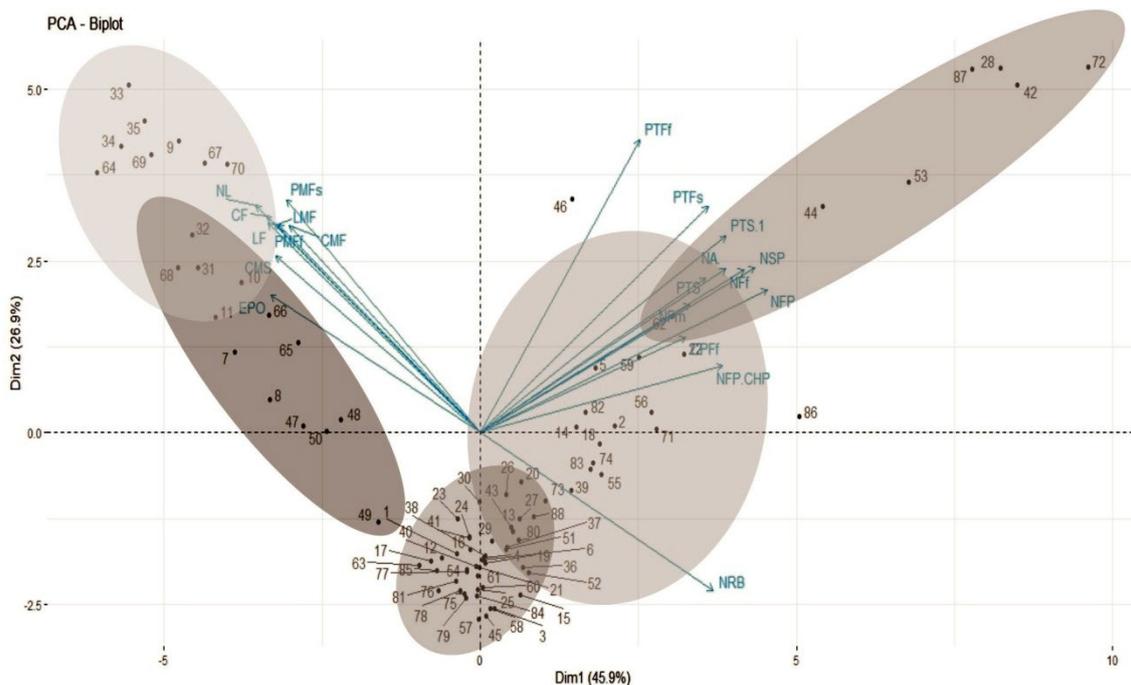


**Figura 7:** Contribuição relativa individual de 39 descritores morfoagronômicos, para a variância explicada nos dois primeiros componentes principais, mensurados em plantas de melão-de-são-caetano cultivadas em vasos, dispostos em casa de vegetação, no município de Seropédica, RJ.

As variáveis elencadas proporcionaram um acúmulo de 72,85% da variação nos dois primeiros componentes principais. Sendo, portanto, bastante satisfatória a magnitude da estimativa anteriormente referida. Assim sendo, o modelo *biplot* será considerado para a representação gráfica de dispersão (Figura 8).

#### 6.4. Análise da diversidade genética

Com base no gráfico de dispersão (Figura 8) obtido via PCA, observa-se que o primeiro quadrante do plano bidimensional (lado esquerdo superior) concentrou vetores que indicam a presença de genótipos com frutos maiores (ver vetores LMF e CMF), mais pesados (ver vetores PMFs e PMFf) e com maior espessura de polpa (ver vetor EPO), bem como folhas maiores (ver vetores CMF e LMF) e com maior número de lóbulos (ver vetores NL). Além disso, o primeiro quadrante também agrega genótipos com maior comprimento de sementes, dado a presença do vetor CMS.



**Figura 8:** Análise de PCA (*Principal Components Analysis*) e agrupamento via algoritmo *k-means* (círculos) baseado em 21 variáveis morfoagronômicas mensuradas em 88 genótipos de melão-são-caetano (*Momordica charantia* L.) cultivados em vaso, dispostos em casa de vegetação, no município de Seropédica, RJ.

É interessante também observar que no quarto quadrante (Figura 8) (lado direito superior) estão dispersos os genótipos com maior número de frutos (ver vetor NFP) e de sementes (ver vetor NSP), e maior produção de frutos (ver vetores PTFf e PTFs) e produção de sementes (ver vetor PTS). Esse quadrante também agrega genótipos detentores de um maior número de flores masculinas (ver vetor NFM) e femininas (ver vetor NFF), bem como plantas com maior ocorrência de abortos (NAB).

O terceiro quadrante no plano bidimensional (lado direito inferior) apresentado na Figura 8 concentra genótipos com o maior número de ramificações, visto a presença do vetor NRB. Já os genótipos presentes no segundo quadrante (Figura 8) (lado esquerdo inferior) não apresentaram nenhum fenótipo marcante. Isso se deu porque nenhum vetor se posicionou nesse quadrante.

Em suma, a análise PCA indicou que o primeiro quadrante do plano bidimensional agrega genótipos com fenótipo de frutos maiores e mais pesados, com maior espessura de polpa, com folhas grandes e bastante lobuladas, e sementes mais compridas. Não houve um fenótipo marcante ou em destaque nas plantas do segundo quadrante, enquanto no terceiro, foram agregadas plantas com maior número de ramificações. Já o quarto quadrante concentra plantas com maior produção e número de frutos e de sementes, bem como um maior número de flores (masculinas e femininas) e plantas com maior incidência de abortos.

A partir da aplicação do algoritmo *k-means*, foi possível obter padrões distintos de grupos de plantas dentro dos quatro quadrantes no plano bidimensional (Figura 8). Foram definidos cinco grupos de plantas estatisticamente distintos (Ver círculos na Figura 8). O grupo 1 alocou-se integralmente no primeiro quadrante e conteve 9,09% dos genótipos. O grupo 2, por sua vez, alocou 14,77% dos genótipos analisados. Este grupo abarcou genótipos tanto no primeiro quanto no segundo quadrante. O grupo 3, o maior grupo *k-means* formado, envolveu 51,14% dos genótipos analisados. Estes por sua vez dispersaram-se entre o segundo e o terceiro quadrante. O grupo 4 contemplou

18,18% dos genótipos, e foi disperso tanto no terceiro quanto no quarto quadrante. O grupo 5 permaneceu alocado de forma integral no quarto quadrante e contemplou apenas 6,82% dos genótipos analisados.

A Tabela 4 mostra as características marcantes (padrões) em cada grupo *k-means* formado. Tais observações sugerem que o grupo 1 (G1), localizado no primeiro quadrante, agrega frutos, folhas e sementes de maior tamanho e maior peso, o que de fato se confirma a julgar pelos valores correspondentes às médias das variáveis atribuídas ao mesmo (Tabela 4).

**Tabela 4:** Valores médios, máximos e mínimos de 21 variáveis morfoagronômicas, mensuradas em 88 genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) cultivadas vasos organizados em casa de vegetação no município de Seropédica, RJ, apresentados com base em cinco grupos de plantas definidos a partir do agrupamento *k-means*.

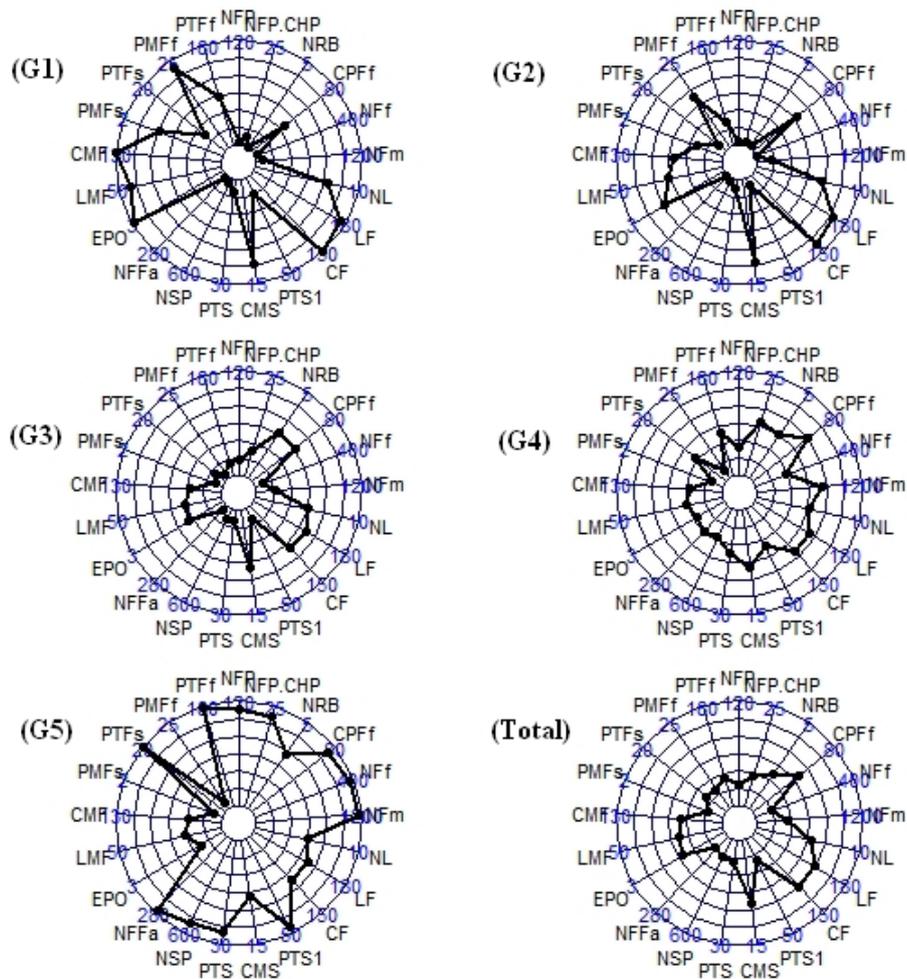
Var	Grupo 01			Grupo 02			Grupo 03			Grupo 04			Grupo 05		
	Média	Mín.	Máx.	Média	Mín.	Máx.	Média	Mín.	Máx.	Média	Mín.	Máx.	Média	Mín.	Máx.
NFP	4	2	7	3	1	7	16	7	35	32	16	45	112	67	146
PTFf	84,64	62,06	121,61	37,83	4,02	94,45	23,06	9,38	62,39	69,08	26,34	124,98	175,45	126,15	242,39
PMFf	22,95	15,64	31,03	10,66	2,42	47,23	1,40	0,67	2,40	2,23	1,15	6,97	1,81	1,06	2,05
PTFs	5,40	1,76	7,39	1,60	0,13	3,84	2,09	0,18	5,57	7,40	1,81	13,93	19,47	16,59	24,97
PMFs	1,07	0,59	1,85	0,53	0,06	1,28	0,13	0,02	0,39	0,24	0,08	0,41	0,19	0,13	0,25
CMF	134,84	77,75	161,43	59,26	29,10	111,59	37,82	21,53	66,96	39,73	29,58	49,10	39,29	35,61	43,52
LMF	43,71	39,73	54,24	24,12	16,70	38,50	17,35	10,48	31,30	17,54	13,54	20,08	18,61	15,92	19,88
EPO	2,56	1,20	5,50	1,50	0,60	5,04	1,10	0,58	1,70	0,86	0,42	1,30	0,72	0,67	0,91
NAB	6,5	0	18	2	0	11	10	0	77	72	20	197	206	157	538
NSP	32,50	12	58	19	9	43	69	11	157	173,50	77	300	501,50	461	656
PTS	2,55	1,82	6,82	1,95	0,78	4,93	3,14	0,47	7,02	8,91	1,86	60,50	25,56	20,99	34,45
CMS	12,43	8,17	15,26	12,37	7,30	15,47	8,35	4,30	9,64	8,55	6,23	9,77	8,22	7,54	8,34
PTS.1	9,28	3,75	12,78	3,58	1,42	7,35	5,36	2,18	12,10	16,94	3,67	64,34	45,09	39,40	55,37
CF	153,03	126,03	169,67	133,03	104,17	198,13	85,30	58,30	108,73	84	37,77	144,03	85,37	80,40	94,60
LF	174,48	132,45	200,13	151,47	136,27	187,07	102,30	59,23	129,90	104,33	43,20	162,80	102,88	94,83	115,57
NL	7	7	7	7	5	7	5	5	5	5	5	7	5	5	5
NFm	63,50	48	158	139	1	355	210	105	311	538	257	2608	1113	702	1715
NFf	10	4	23	5	4	13	25	7	104	108,50	47	220	313,50	224	684
CPFf	31,20	17,50	43,45	41,42	24,02	72,71	40,44	21,66	60,84	50,98	38,65	94,85	75,33	55,05	84,11
NRB	0	0	0	0	0	0	3	1	4	3	1	4	3	2	4
NFP/CHP	2,31	0,57	4,76	0,70	0,23	4,46	5,91	0,91	18,31	12,49	2,53	29,93	19,62	10,84	40,61

Legenda: NFP = Número de frutos por planta; PTFf = Peso total dos frutos frescos; PMFf = Peso médio dos frutos frescos; PTFs = Peso total dos frutos secos; PMFs = Peso médio dos frutos secos; CMF = Comprimento médio dos frutos; LMF = Largura média dos frutos; EPO = Espessura da polpa; NAB = Número de flores ou frutos abortados; NSP = Número de sementes por planta; PTS = Peso total da semente; CMS = Comprimento médio da semente; PTS.1 = Peso total seco de frutos e sementes; CF = Comprimento da folha; LF = Largura da folha; NL = Número de lóbulos; NFm = Número de flores masculinas, NFf = Número de flores femininas; CPFf = Comprimento do pedúnculo floral feminino; NRB = Número de ramificações na base; NFP/CHP = Número de frutos por planta por metro.

Conforme a Tabela 4, as médias de comprimento e largura dos frutos dos genótipos pertencentes ao G1 são, respectivamente, 134,94 e 43,71 mm, bem superior à média geral da coleção (49,64 e 21,11 mm) (Tabela 3). Com relação ao tamanho do fruto, o genótipo UFRRJ MSC033 destacou-se com a maior média de comprimento (Figura 8) alcançada (161,43 mm) (Anexo I), bem como o genótipo UFRRJ MSC009, detentor da maior largura atribuída ao fruto (Figura 8) (54,24 mm) (Anexo I). Tais genótipos procedem dos municípios de Ribeirão Preto e Presidente Castelo Branco, localizados nos Estados de São Paulo e Santa Catarina, respectivamente. Além destes, os genótipos UFRRJ MSC034, UFRRJ MSC 067 e UFRRJ MSC 035 destacaram-se também em razão dos maiores frutos produzidos. Ambos alcançaram médias de comprimento e largura (CMF e LMF) superiores à média geral da coleção de germoplasma (Anexo I). Os genótipos UFRRJ MSC034 e UFRRJ MSC035 são oriundos do município de Ribeirão Preto – SP. O genótipo UFRRJ MSC067, por sua vez, procede do município de Três Lagoas, no Estado do Mato Grosso do Sul.

O grupo 2 (G2), de maneira geral, é marcado por características muito semelhantes às do G1, ou seja, concentra frutos grandes e pesados, folhas grandes e com maior número de lóbulos, além de sementes mais compridas. Vale ressaltar que G2 abrange, em sua maior parte, genótipos que estão dispersos no primeiro quadrante do plano bidimensional, e dois genótipos localizados no segundo quadrante (Figura 7). De acordo com os valores disponíveis na Tabela 4, percebe-se que os grupos G1 e G2 compreendem as maiores médias de espessura de polpa dos frutos (EPO) as quais correspondem, respectivamente, a 2,56 e 1,50 mm. Cabe mencionar que os genótipos UFRRJ MSC064 e 068, identificados como aqueles portadores de polpas mais espessas (5,50 e 5,04 mm) (Anexo I) pertencem, respectivamente, aos grupos G1 e G2. Estes genótipos são procedentes dos municípios de Três Lagoas – MS e Timbó – SC. Shankar et al. (2009) ao avaliar a característica espessura da polpa do fruto de *M. charantia* L. constataram uma variação entre 3,96 e 7,93 mm. Conforme os autores anteriormente citados, esta variação indica maior possibilidade de seleção de genótipos superiores.

As características gerais de cada grupo podem ser facilmente visualizadas a partir da Figura 9. De modo geral, observa-se através da representação gráfica via radar (Figura 9) que as características marcantes dos genótipos pertencentes ao grupo G1 revelam plantas pouco ramificadas e pouco produtivas no que se refere a produção em número de frutos, além de baixa produção de flores masculinas e femininas. O grupo G1 destaca-se, porém, no maior tamanho dos frutos produzidos (Ver CMF e LMF), bem como para folhas também grandes (Ver CF e LF) e sementes mais compridas (Ver CMS). O grupo G2 é marcado por características muito semelhantes as do G1, no entanto, ocorre uma tendência de redução do comprimento e largura dos frutos (Ver CMF e LMF) (Figura 9), além do peso médio de frutos frescos (Ver PMFf).



**Figura 9:** Gráficos tipo radar estruturados com base nas médias de 21 variáveis morfoagronômicas mensuradas em 88 genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) cultivadas em vasos, organizados em casa de vegetação, no município de Seropédica, RJ.

O grupo 3 (G3) é correspondente ao maior grupo formado e, de modo geral, apresenta o número de ramificações na base (NRB) como característica marcante. Isso se deve a presença do vetor NRB no terceiro quadrante do plano bidimensional (Figura 8). Os valores médios disponíveis na Tabela 4 denotam que a ramificação média na base (NRB) mensurada nos genótipos pertencentes ao grupo (G3) foi de 3 ramos, semelhante à ramificação média na base dos genótipos do grupo 4 (G4). Esta verificação corrobora com o observado na Figura 8, uma vez que o vetor NRB encontra-se situado no terceiro quadrante do plano bidimensional, que por sua vez comporta genótipos pertencentes à G3 e G4.

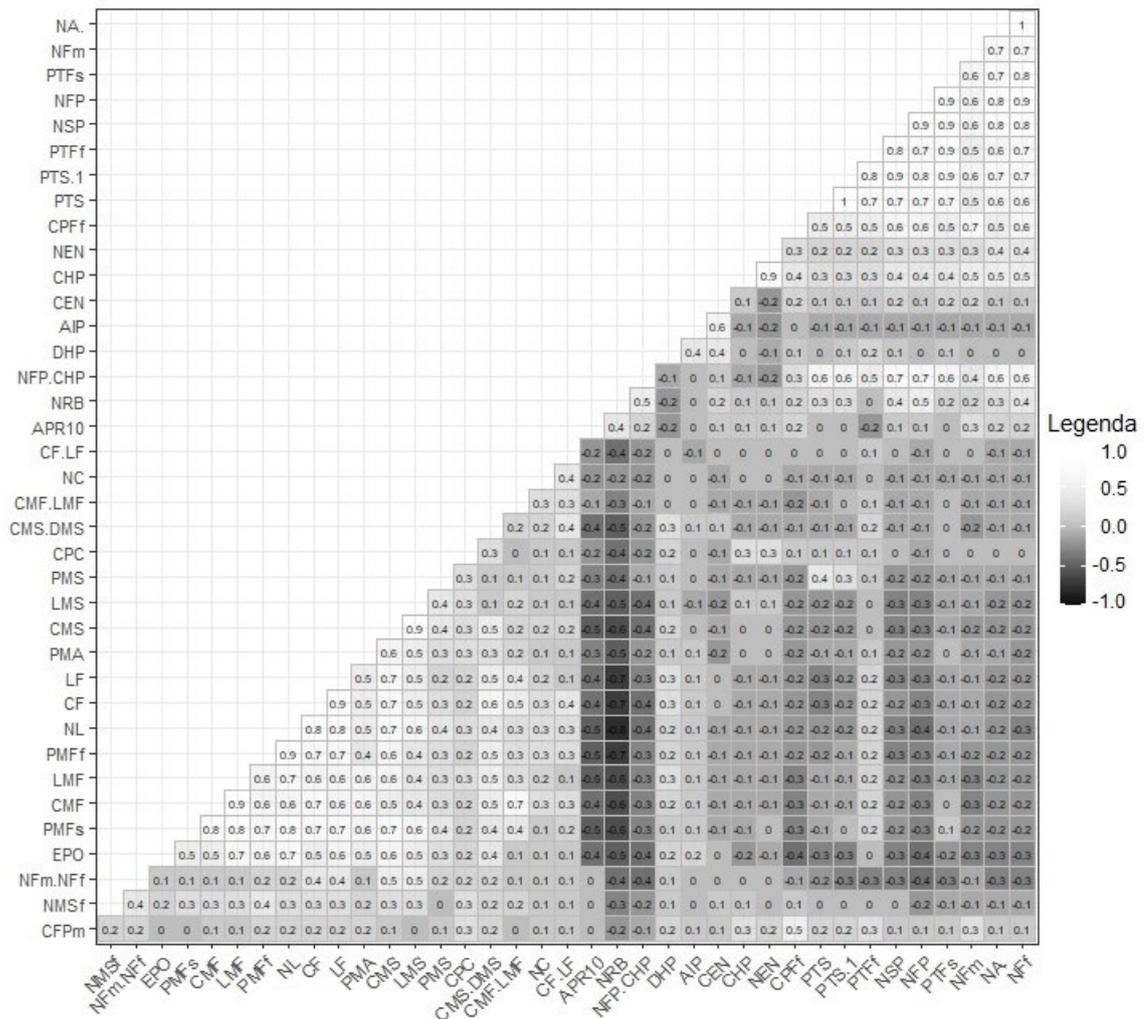
Diante das informações acima, é possível dizer que o número de ramificações na base (NRB) é uma característica marcante de G3, no entanto, tal característica não é exclusividade deste grupo, visto que G4 também compreende genótipos cuja ramificação observada na base das plantas é igualmente elevada. Ainda no que concerne ao G4, características como o número de frutos por metro de haste (NFP.CHP) e comprimento do pedúnculo floral feminino (CPff), também fazem parte daquelas que, de certo modo, definem um padrão deste grupo. Vale ressaltar que o grupo em questão (G4) compreende o genótipo UFRRJ MSC082, o qual destacou-se dentre os 88 avaliados devido ao maior comprimento de haste alcançado (CHP) (11,92 m) (Anexo I). A sua origem é o município de Governador Dix, localizado no Estado do Rio Grande do Norte. A segunda maior planta do grupo G4 mediu 8,96 m, sendo o

comprimento médio de plantas neste grupo de 2,75 m. Shankar et al. (2009) constataram que o comprimento da haste principal de plantas de melão-de-são-caetano variou entre 2,60 e 6,60 m. O maior comprimento médio relatado por Ghosh et al. (2015) em melão-de-são-caetano foi de 4,35 m.

Conforme a Figura 9, as características que descrevem os genótipos pertencentes ao grupo G3 revelam plantas cujo a produção em número de frutos é baixa. Neste grupo (G3) a estimativa média do número de frutos por planta (NFP) é de 16 (Tabela 4), inferior à média geral da coleção, que é de 23,25 frutos por planta (Tabela 3). Em G4, no entanto, a estimativa média com relação ao NFP é de 32 frutos (Tabela 4). Ainda conforme a representação gráfica via radar apresentada na Figura 9, percebe-se que frutos (CMF e LMF), folhas (CF e LF) e sementes (CMS) dos grupos G3 e G4 sofreram redução de suas respectivas dimensões de comprimento e largura, a julgar pelo posicionamento das médias em relação ao limite das variáveis nos radares (Figura 9).

O grupo 5 (G5), localizado totalmente no quarto quadrante (Figura 8), corresponde ao grupo de plantas mais produtivo dentre os cinco formados. De modo geral, o grupo em questão abrange os valores mais altos para os caracteres relacionados aos aspectos de produção que versam sobre o número de frutos (NFP) e número de sementes produzidas (NSP) por planta, bem como sobre o peso total de frutos frescos e secos (PTFf e PTFs) e peso total de sementes secas (PTS). No grupo G5, observam-se também altos valores para os caracteres relativos à produção de flores masculinas e femininas (NFM e NFF), e para o número de frutos e flores abortadas (NAB). Observando-se a Figura 9 é possível contemplar o panorama geral do grupo em questão. Nota-se a partir da Figura 9 que o grupo G5 alcança a maioria dos limites de cada variável, com exceção apenas daquelas que versam sobre as dimensões dos frutos (CMF e LMF), espessura da polpa (EPO) e dimensões das folhas (CF e LF), bem como da variável peso médio do fruto fresco (PMFf). É evidente, portanto, que G5 concentra genótipos cuja produção contempla frutos pequenos e leves, além de folhas também pequenas.

Os coeficientes de correlação apresentados na Figura 10 e Anexo II corroboram com os resultados acima mencionados. É possível observar que existe uma tendência de que plantas que produzem um maior número de frutos tendem a apresentar-se com frutos pequenos e com folhas também pequenas. O contrário também é verdadeiro. A correlação entre o número de frutos produzidos (NFP) com o comprimento e a largura de frutos foi estimada em -0,26 (CMF) e -0,28 (LMF) (Figura 10 e Anexo II), respectivamente. As correlações entre o NFP e o peso médio de fruto fresco (PMFf) e seco (PMFs) mostram tendências muito semelhantes. E a correlação entre o NFP e o comprimento e largura de folhas foi estimada em ambas em -0,32 (CF e LF) (Figura 10 e Anexo II). É possível observar que as correlações entre estas variáveis indicaram direções opostas, apesar de uma magnitude bastante mediana. Os grupos G1 e G5 demonstram na prática tais tendências.



**Figura 10:** Correlação de Pearson entre 38 variáveis morfoagronômicas obtidas na caracterização de plantas de melão-de-são-caetano cultivadas em vasos em casa de vegetação, no município de Seropédica, RJ.

É possível também inferir que o aumento do número de frutos produzidos (NFP) na planta, aponta para a redução da espessura de polpa dos frutos (EPO), do tamanho (CMS e LMS), do número médio de sementes por fruto (NMSF) e do peso médio do arilo das sementes (PMA). Isso é observado porque todas as correlações dessas variáveis com o NFP foram negativas (Figura 10 e Anexo II). O grupo G5, o mais produtivo, demonstra claramente a existência de tais tendências. Os grupos G1 e G2, onde foram verificados os menores valores para o número de frutos produzidos por planta (NFP), entretanto, reúnem frutos maiores (CMF e LMF) com polpas mais espessas (EPO). Além destes, o número médio de sementes por fruto (NMSF), bem como o peso médio do arilo das sementes (PMA) também são maiores em genótipos dos grupos G1 e G2.

As correlações entre o número de ramificações na base (NRB) com comprimento e largura média de frutos (CMF e LMF) estimadas em -0,57 e -0,63 (Figura 10 e Anexo II), sugerem uma tendência de que plantas produtoras de frutos maiores (CMF e LMF) ramifiquem pouco em comparação àquelas que produzem frutos menores. Os grupos G3 e G4 demonstram, de modo prático, tal tendência ao passo que são marcados pelo fenótipo de plantas muito ramificadas e frutos pequenos. No que se refere à correlação entre o número de ramificações na base (NRB) e o número de frutos produzidos por planta (NFP), estimada em 0,47 (Figura 10 e Anexo II), infere-se uma tendência de que plantas que produzem um

número maior de frutos tendem a ramificar mais. Ainda conforme a Figura 10 e Anexo II é possível observar correlação positiva entre o número de frutos produzidos por planta (NFP) e o comprimento da haste principal (CHP). Esta verificação, por sua vez, aponta para uma tendência de que plantas mais produtivas em termos de número de frutos, tendem ser as mais compridas. Tal verificação de fato se confirma, visto que o grupo G5, identificado como o mais produtivo, concentra a maior média de comprimento da haste principal (CHP) (5,04m,) (Anexo 1).

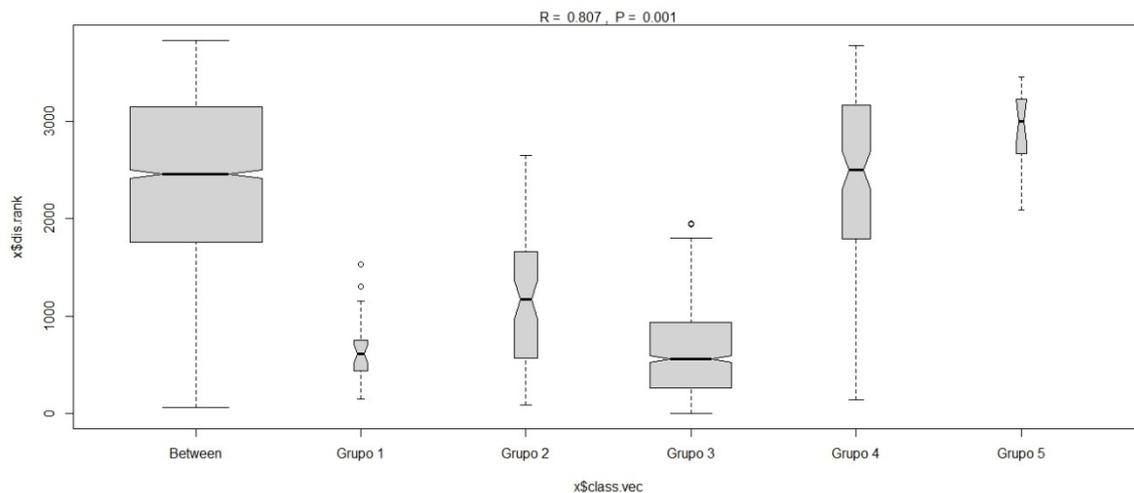
A média do número de frutos (NFP) produzidos por planta em G5 é de 112 (Tabela 4), com destaque para o genótipo UFRRJ MSC072, responsável pela produção de 146 frutos. Tal genótipo é procedente do município de Dourado, localizado no Estado de São Paulo. Outro genótipo que se destacou com a produção de 128 frutos por planta (NFP) foi o UFRRJ MSC028, procedente do município de Lavras-MG. Além destes, os outros quatro genótipos que compõem o grupo G5 também se destacaram para o NFP. São eles: UFRRJ MSC087, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC053 e UFRRJ MSC044, respectivamente procedentes dos municípios de Ibiara-PE, Mandaguáçu-PR, Diamantina-MG e Mandaguáçu-PR. Ambos alcançaram médias de número de frutos produzidos por planta (NFP) superiores àquela obtida pela coleção de germoplasma como um todo (23,25 frutos por planta) (Tabela 3).

Ainda em relação ao grupo G5 (Tabela 4), o número médio de sementes produzidas no G5 (NSP = 501,50) também chama atenção, haja vista a elevada produção de sementes alcançada. Vale ressaltar que a média geral de sementes produzidas pela coleção foi de 110,15 (Tabela 3). Dessa maneira, é possível dizer que as verificações aqui relatadas atestam o fato do grupo em questão (G5) comportar os genótipos mais produtivos da coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano analisada, e, conseqüentemente, consagrar-se como o grupo de plantas mais produtivo da referida coleção.

Em se tratando da produção de frutos (NFP) e de sementes (NSP), o grupo G5 foi, respectivamente, 4,82 e 4,55 vezes maior do que a média da coleção de germoplasmas. O grupo G1, por sua vez, foi 5,81 e 3,40 vezes menor do que a média da coleção de plantas para NFP e NSP, respectivamente. O grupo G3 demonstrou-se 1,55 e 1,60 vezes menor do que a média geral da coleção para as mesmas características. No que se refere ao tamanho de frutos (CMF e LMF), folhas (CF e LF) e sementes (CMS), a Figura 9 permite identificar que estes diminuem de G1 a G5, assim sendo, verifica-se que há uma tendência de que genótipos que produzem frutos grandes tenham folhas e sementes também de maior tamanho. Simultaneamente, a produção de frutos aumenta de G1 a G5 (Tabela 6), o que leva a identificar que genótipos mais produtivos tendem a produzir frutos, folhas e sementes pequenas.

## 6.5. Quantificação da diversidade por índices de diversidade genética

No que tange à quantificação da diversidade genética da coleção de germoplasma de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) pertencente ao LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ, foram estimados os índices de diversidade de Shannon e de Pielou. De modo geral, observou-se que a coleção de plantas em questão detém uma alta diversidade, haja vista as estimativas de 2,25 e 0,74 obtidas via Shannon (1948) e Pielou (1966), respectivamente. Em trabalho que objetivou realizar um inventário das plantas alimentares cultivadas e coletadas da vegetação nativa e ruderal no Vale do Paraíba - SP, Pilla (2006) constatou que a família Cucurbitaceae constitui-se como uma das mais representativas. Os índices de Shannon e Pielou obtidos por Pilla (2006) foram de 1,98 e 0,91, respectivamente. A análise da diversidade via análise da similaridade (*Analysis of Similarity*), estimada a partir do algoritmo ANOSIM ( $R=0,807$  e  $P=0,001$ ) (Figura 11), demonstra a existência de diferenças estatísticas significativas entre os cinco grupos formados a partir dos 88 genótipos de *M. charantia* L. avaliados.

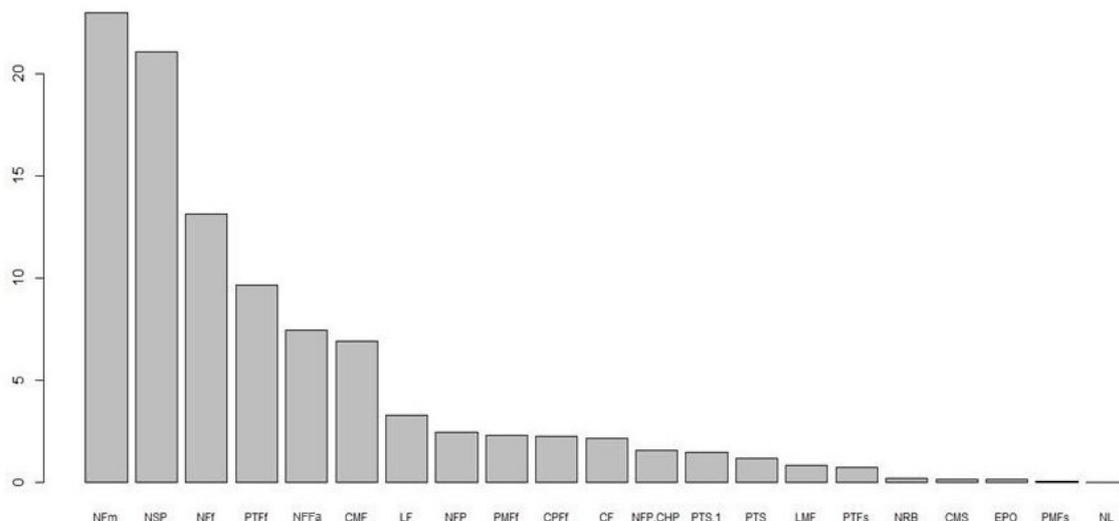


**Figura 11:** *Boxplots* representando a diversidade genética via algoritmo ANOSIM entre e dentro dos cinco grupos de acessos do banco de germoplasma de *M. charantia* L. do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ, Seropédica-RJ.

Ainda de acordo com a Figura 11, é possível perceber que a diversidade disponível no grupo G1 refere-se a menor dentre os cinco grupos formados, enquanto os grupos G4 e G5 compreendem as maiores diversidades. Embora a diversidade observada no grupo G4 seja levemente superior ao grupo G5, deve-se mencionar que G5 agrega o menor número de plantas, sendo composto por apenas 6,82% dos genótipos da coleção de germoplasma. Dessa maneira pode-se afirmar que o grupo G5 é detentor da maior diversidade observada dentre os demais. Salienta-se que G5 corresponde ao grupo identificado como mais produtivo no que se refere à produção de frutos e sementes. Os genótipos pertencentes a este grupo (G5) são, de modo geral, caracterizados por frutos pequenos, assim como suas folhas e sementes, elevada produção de flores masculinas e femininas, e plantas com maior ocorrência de abortos.

### 6.6. Contribuição relativa das variáveis sobre a diversidade genética

A magnitude da contribuição relativa das variáveis para a divergência genética observada na coleção de germoplasma de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ foi estimada conforme a metodologia proposta por Singh (1981). De acordo com a Figura 12, observa-se que dentre os 21 descritores discriminativos identificados via análise de PCA, pode-se destacar os seis primeiros como detentores de maior contribuição relativa. São eles: número de flores masculinas (NFm) (22%), número de sementes por planta (NSP) (21%), número de flores femininas (NFf) (14%), peso total de frutos frescos (PTFf) (10%), número de frutos e/ou flores abortados (NAB) (8%) e comprimento médio do fruto (CMF) (7%) (Figura 12). Estes descritores representam variáveis relacionadas às flores (NFm e NFf), sementes (NSP) e frutos (PTFf, NAB e CMF). Tais descritores concentraram 82,0% da contribuição relativa empregada na estimação da divergência genética observada na população de plantas de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ, conforme Singh (1981).



**Figura 12:** Contribuição relativa das 21 variáveis quantitativas na estimação da diversidade genética do banco de germoplasma de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ, Seropédica-RJ, conforme Singh (1981).

Ainda de acordo com a Figura 12 infere-se que dos 21 descritores avaliados, 15 apresentaram importância relativa abaixo de 5% na estimação da diversidade genética. Ao todo, estes descritores influenciaram, juntos, apenas 18,0% da diversidade genética aqui observada. Dentre estes, oito representaram variáveis relacionadas aos frutos (número de frutos por planta - NFP, peso total de fruto seco - PTFs, peso médio do fruto fresco e seco - PMFf e PMFs, respectivamente, espessura da polpa - EPO, largura média do fruto - LMF, peso total de frutos e sementes secas - PTS.1 e número de frutos por metro de haste NFP/CHP), três descritores relacionados às folhas (comprimento e largura da folha - CF e LF, respectivamente, e número de lóbulos - NL), dois relativos às sementes (peso total da semente - PTS, e comprimento médio da semente - CMS), um relativo à flor (comprimento do pedúnculo floral feminino - CPFf) e um relativo à haste (número de ramificações na haste - NRB).

### 6.7. Considerações finais

Com base nos resultados aqui alcançados, pode-se notar que as estratégias de seleção para a produção de frutos e de sementes podem ser completamente diferentes daquelas estratégias utilizadas para a seleção de plantas com alta performance para a produção de arilo. Os próximos passos da pesquisa se direcionam a conhecer os teores de princípios ativos nos genótipos em destaque, considerando os teores nos frutos, nas sementes e no arilo. Somente após estas informações, recomendações e apontamentos consistentes poderão ser dados em relação a seleção de genótipos superiores para a produção de princípios ativos em melão-de-são-caetano.

De qualquer forma, tem-se como destaques para a produção de frutos e de sementes, os genótipos UFRRJ MSC072, UFRRJ MSC028, UFRRJ MSC087, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC053 e UFRRJ MSC044. Todos estes genótipos foram dispersos em um só grupo *k-means*, o grupo 5 (Figura 8). Já para a produção de arilo, destacam-se os genótipos UFRRJ MSC069 e UFRRJ MSC087. Em termos de maior eficiência na produção de frutos e de sementes, vale destacar o genótipo UFRRJ MSC042. Já para a eficiência na produção de arilo, destaca-se o genótipo UFRRJ MSC069. Este último genótipo foi pertencente ao grupo *k-means* menos produtivo, o G1.

Como os genótipos aqui elencados são de ciclo rápido, e tendo este ciclo já se encerrado, recomenda-se o uso das sementes oriundas destes genótipos. Sendo estas provenientes de polinização aberta, uma nova rodada de seleção dentro de progênie deve ser realizada. Os métodos de seleção a serem aplicados, ainda dependem dos resultados a serem obtidos no próximo ciclo de seleção, já que o ciclo passado teve um único objetivo: conhecer a performance agrônômica da cultura em Seropédica, RJ, e selecionar progênies supostamente superiores.

A despeito dos métodos de melhoramento a serem utilizados, é válido informar que cruzamentos entre genótipos superiores dentro das progênies podem ser implementados, principalmente, entre progênies oriundas de progenitores de grupos heteróticos distintos. É válido também informar que, cruzamentos entre os indivíduos das progênies oriundas dos genitores do grupo *k-means* cinco, podem também ser implementadas, já que as procedências destes genitores eram distintas. Porém, isso deve ser realizado desde que, os efeitos heteróticos sejam preservados.

## 7. CONCLUSÕES

A partir dos resultados aqui expressos, pode-se concluir que:

- I) O desenvolvimento da lista de descritores morfoagronômicos para o melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) e posterior mensuração das características nos 88 genótipos da coleção de germoplasmas do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ facultou a compreensão do comportamento dos mesmos nas condições de Seropédica – RJ;
- II) O comportamento dos genótipos avaliados em relação aos descritores demonstrou que existe uma relação de que plantas mais ramificadas produzam mais frutos e sementes em comparação aquelas pouco ramificadas. Tais observações estendem-se também aos tamanhos de frutos e sementes produzidos, posto que plantas mais produtivas conferiram os menores tamanhos frutos, em comprimento e largura (CMF e LMF). Em contrapartida, plantas pouco produtivas caracterizaram-se pela produção dos maiores frutos (CMF e LMF);
- III) A técnica de componentes principais (PCA) mostrou-se eficiente no reconhecimento dos 21 descritores quantitativos de maior importância para a estimação diversidade genética e acúmulo de 72,85% da variância total no segundo componente. Para tal, efetuou-se o descarte de 17 variáveis de baixa contribuição e dessa maneira a matriz de dados tornou-se segura quanto aos efeitos danosos da multicolinearidade;
- IV) A técnica de componentes principais (PCA) foi eficiente também na dispersão dos genótipos e das variáveis no plano bidimensional. As variáveis relacionadas aos tamanhos de frutos (CMF e LMF), espessura da polpa (EPO), peso médio de frutos frescos e secos (PMFf e PMFs), comprimento da semente (CMS), tamanhos de folha (CF e LF) e número de lóbulos (NL) foram alocadas no primeiro quadrante do plano. O terceiro quadrante comportou apenas a variável número de ramificações na base (NRB). As variáveis intimamente ligadas à produção de frutos (número de frutos por planta (NFP), número de frutos por metro de haste (NFP/CHP), peso total de frutos frescos e secos (PTFf e PTFs) e número de frutos ou flores abortadas (NAB)), à produção de sementes (número de sementes por

planta (NSP), peso total da semente (PTS) e peso total seco (fruto + semente) (PTS.1)), e à produção de flores (número de flores masculinas (NFm), número de flores femininas (NFf) e comprimento do pedúnculo floral feminino (CPFf)) foram alocadas no quarto quadrante do plano;

- V) O algoritmo *k-means* permitiu a compreensão do padrão de agrupamento dos genótipos, sendo identificados cinco grupos estatisticamente distintos. O 1º grupo comportou 9,09% dos genótipos e caracterizou-se pela produção de frutos, folhas e sementes de maior tamanho e plantas pouco produtivas. O 2º grupo comportou 14,77% genótipos e foi marcado por uma tendência de redução em tamanho dos frutos. O 3º grupo formado comportou 51,14% dos genótipos e caracterizou-se por apresentar o número de ramificações na base (NRB) como característica marcante. O 4º grupo formado 18,18% e características como o número de frutos por metro de haste (NFP/CHP) e comprimento do pedúnculo floral feminino (CPFf) foram identificadas como marcantes. O 5º grupo alocou 6,82% dos genótipos e foi identificado como o mais produtivo. O grupo G5 caracterizou-se pela elevada produção em número de frutos e sementes, sendo estes de menor tamanho (CMF e LMF);
- VI) Não foi observado relação entre a dispersão e agrupamento dos genótipos em função de suas origens geográficas;
- VII) Os índices de Shannon e Pielou, estimados em 2,25 e 0,74, respectivamente, demonstraram que a coleção de germoplasmas do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ comporta uma alta diversidade. A análise da similaridade via algoritmo ANOSIM ( $R = 0,807$  e  $P = 0,001$ ) demonstrou haver diferenças significativas entre os cinco grupos formados, sendo o grupo G5 identificado como detentor da maior diversidade;
- VIII) A magnitude da contribuição relativa das variáveis para a divergência genética observada na coleção de plantas estimada conforme a metodologia de Singh (1981) tornou possível identificar a variável número de flores masculinas (NFm) como aquela de maior contribuição relativa (22%);
- IX) Genótipos portadores de características desejáveis ao melhoramento da espécie de plantas foram identificados e deverão ser incluídos em testes para uso futuro em programas de melhoramento. Em relação ao conjunto de variáveis avaliados o grupo G5 foi identificado como o mais produtivo. Constatou-se ainda antagonismo entre os grupos de genótipos G1 e G5. Dessa maneira, cruzamentos entre indivíduos da progênie do grupo G5 e entre indivíduos das progênies dos grupos G1 e G5 podem ser considerados.

## 8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMORIM, C. C. de. **Caracterização em acessos de melão do Banco Ativo de Germoplasma de cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro**. Dissertação (Mestrado Acadêmico) – Universidade Estadual de Feira de Santana, 2016. 63 p.

ASNA, A. C.; JOSEPH, J.; JHON, K. J. Botanical Description of Bitter Gourd. In: KOLE, C.; MATSUMURA, H.; BEHERA, T. K. **The bitter gourd genome**. Springer, 2020. p. 7-33.

ASSIS, J. P.; SOUSA, R. P.; LINHARES, P. C. F.; PEREIRA, M. F. S.; MOREIRA, J. C. Avaliação biométrica de caracteres do melão-de-São-Caetano (*Momordica charantia* L). **Revista Brasileira de Plantas Mediciniais**, [s.l.], v. 17, n. 4, p. 505-514, 2015.

AVELANEDA, E. F.; DETREGIACHI, C. R. P.; SPADELLA, M. A.; LAZARINI, C. A.; BAPTISTA, R. F. P.; HIGA, E. F. R. Compreensão sobre alimentação: visão do portador de diabetes tipo 2. **Revista Brasileira em Promoção da Saúde**, [S.L.], v. 33, p.1-8, 2020.

AZAMBUJA, S., **Estudo e Implementação da Análise de Agrupamento em Ambientes Virtuais de Aprendizagem**. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal do Rio de Janeiro, 2005. 212 p.

BADKE, M. R.; BUDÓ, M. L. D.; SILVA, F. M.; RESSEL, L. B. Plantas medicinais: o saber sustentado na prática do cotidiano popular. **Escola Anna Nery**. v. 15, n. 1, p.132-139, 2011.

BARBIERI, R. L.; CASTRO, C. M.; MITTELMANN, A.; MAGALHÃES JUNIOR, A. M.; PEREIRA, A. S. **Conservação ex situ de recursos genéticos vegetais na Embrapa Clima Temperado**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2005. 28 p.

BARBIERI, R. L.; STUMPF, E. R. T. **Origem e evolução das plantas cultivadas**. 1 ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. 909 p.

BEHERA, T.K.; BEHERA, S.; BHARATHI, L. K. Bitter Gourd: Botany, Horticulture, Breeding. In: RODOV, V.; SKIRVIN, R.; WERLEMARK, G. **Horticultural Reviews**. Nova Jersey: Editora Jules Janick Purdue University, 2010, p. 101-141.

BESPALHOK FILHO., J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. Introdução ao Melhoramento de Plantas. In: BESPALHOK FILHO., J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento de Plantas**. Curitiba: Editora UFPR, 2014. p. 1-9.

BHARATHI, L.K.; MUNSHI, A. D.; VINO; CHANDRASHEKARAN, S.; BEHERA, T. K.; DAS, A. B.; JOHN, K.J.; VISHALNATH. Cytotaxonomical analysis of *Momordica* L. (*Cucurbitaceae*) species of Indian occurrence. **Journal of Genetics**, v. 90, n. 1, p.21-30, 2011.

BIOVERSITY INTERNATIONAL. **Guidelines for the development of crop descriptor lists**. *Bioversity Technical Bulletin Series*. Rome: Bioversity International, 2007. 72 p.

BORBA, B. F. C. **Proposta de um sistema de informação geral para análise de dados baseado no modelo k-means e MCLP sobre a localizações de instalações policiais**. Dissertação de Mestrado. Programa de Pós-graduação em Engenharia da Produção, Universidade Federal de Pernambuco, 2019. 118 p.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 20 ed. Viçosa: Editora UFV, 1997. 547 p.

BOREM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6 ed. Viçosa: Editora UFLA, 2013. 262 p.

BRANDÃO, M. G. L.; PAULA-SOUZA, J.; GRAEL, C. F. F.; SCALON, V., SANTOS, A. C. P.; SALIMENHA, M. F.; MONTE-MOR, R. L. M. Biodiversidade, uso tradicional de plantas medicinais e produção de fitoterápicos em Minas Gerais. In: **Anais do XIV Seminário sobre a Economia Mineira**. Cedeplar, Universidade Federal de Minas Gerais, 2010.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de melão (*Cucumis melo* L.)**. Diário Oficial da República Federativa do Brasil. Brasília, 2008. 15 p.

BRASIL. Conselho Regional de Farmácia do Estado de São Paulo. **Plantas medicinais e fitoterápicos**. 4 ed. Departamento de Apoio Técnico e Educação Permanente. Comissão Assessora de Plantas Medicinais e Fitoterápicos. São Paulo, 2019. 72 p.

BRITTO, F. F. **Aspectos reprodutivos, crescimento in vitro e divergência genética por marcador molecular em *Passiflora trintae* Sacco**. Tese de Doutorado. Programa de Pós-graduação em Agronomia, Universidade Estadual do Sudoeste Bahia, 2017. 114 p.

BRUNING, M. C. R.; MOSEGUI, G. B. G.; VIANNA, C. M. de M. A utilização de fitoterapia e plantas medicinais em unidades básicas de saúde nos municípios de Cascavel e Foz do Iguaçu. **Revista Ciência & Saúde Coletiva**. v. 17, n. 10, p. 2675-2685, 2012.

CARVALHO, D. F.; SILVA, L. D. B.; FOLEGATTI, M. V.; COSTA, J. R.; CRUZ, F. A. Avaliação da evapotranspiração de referência na região de Seropédica-RJ, utilizando lisímetro de pesagem. **Revista Brasileira de Agrometeorologia**, v. 14, n. 2, p. 108-116, 2006.

CARVALHO, S.; CAMPOS, W. **Estatística básica simplificada**. 2 ed. Editora Juspodivm, 2016. 544 p.

CELOTO, M. I. B. **Atividade antifúngica de extratos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) sobre *Colletotrichum musae* (Berk. & Curtis) Arx**. Dissertação de Mestrado em Agronomia. Faculdade de Engenharia, Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho, 2005. 73 p.

CHANG, C. I.; CHEN, C. R.; LIAO, Y. W.; CHENG, H. L.; CHEN, Y. C.; CHOU, C. H. Cucurbitane-type triterpenoids from the stems of *Momordica charantia*. **Journal of Natural Products**, Washington, v.71, n.8, p.1327-1330, 2008.

CHEN, J.C.; LIU, W.Q.; LU, L.; QIU, M.H.; ZHENG, Y.T.; YANG, L.M.; ZHANG, X.M.; ZHOU, L.; LI, Z.R. Kuguacins F-S, cucurbitane triterpenoids from *Momordica charantia*. **Phytochemistry**, v.70, n.1, p.133-40, 2009.

CLARKE, K. R.; GREEN, R. H. Statistical design and analysis for a "biological effects" study. **Marine Ecology Progress Series**, v. 46, n. 1, p. 213-226, 1988.

CLEMENTE, C.; ROCHA, S.F.R.; COLE, D.M.; VIVAN J.L. Conservação *on farm*. In: Nass, L.L.(Ed.) **Recursos Genéticos Vegetais**. Brasília: Embrapa, 2008. p. 511-543.

CLÉSIO, F. **Data Mining/ Machine Learning/ Data Analysis. Medidas de distância.** Disponível em: <<https://mineracaodedados.wordpress.com/2012/02/27/medidas-de-distancia/>>. Acesso em: 21 ago. 21.

CORRENTE, J. E. **Um sistema computacional para análise de agrupamentos.** Tese de Doutorado. Escola Superior de Agricultura Luiz Queiroz, Universidade de São Paulo, 1991. 92 p.

COUTINHO, D. F.; FLORÊNCIO, J. C.; AGUIAR, L. R.; RODRIGUES, K. A. F.; MACHADO, C. V.; BORBA, E. R. C. Estudo farmacobotânico das folhas de *Momordica charantia* L. (Cucurbitaceae). **Visão Acadêmica**, v.10, n.1, p. 7-17, 2009.

CRUZ, R. R. P.; FREIRE, A. I.; PEREIRA, A. M.; RIBEIRO, R. P.; ALVES, M. M. *Momordica charantia* L. no tratamento de *diabetes melittus*. **Research, Society and Development**. v. 9, n. 7, e15973769, 2020.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 3 ed. Viçosa: Editora UFV, 2003. 585 p.

CRUZ, C.D; FERREIRA, F.M; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética.** Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620 p

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados o melhoramento genético.** Imprensa Universitária. UFV. Viçosa, 1994. 390 p.

CRUZ, C.D., REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 1997. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa: Editora UFV, 2012, 514 p.

CUI, J.; YANG, Y.; LUO, S.; WANG, L.; HUANG, R.; WEN, Q.; HAN, X.; MIAO, N.; CHENG, J.; LIU, Z.; ZHANG, C.; FENG, C.; ZHU, H.; SU, J.; WAN, X.; HU, F.; NIU, Y.; ZHENG, X.; YANG, Y.; SHAN, D.; DONG, Z.; HE, W.; DHILLON, N. P.S; HU, K. Whole-genome sequencing provides insights into the genetic diversity and domestication of bitter gourd (*Momordica* spp.). **Horticulture Research**, v. 7, n. 85, p. 3-11, 2020.

DESAI, U. T.; MUSMADE, A. M. Pumpkins, squashes and gourds. In: SALUNKHE, D.K.; KADAM, S.S. **Handbook of vegetable science and technology: production, composition, storage and processing.** New York: Marcel Dekker, 1998. p.273-298.

DUARTE, J. B. **Princípios da utilização de técnicas multivariadas no melhoramento de plantas.** Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação). Escola Superior de Agricultura Luiz Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997. 69 p.

DUARTE, J. B. **Introdução à análise de componentes principais (Com aplicação do SAS – Statistical Analysis System).** Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, 1998. 23 p.

EL-SAID, S. M.; AL-BARAK, A. S. Extraction of Insulin like Compounds from Bitter Melon Plants. **American Journal of Drug Discovery and Development**, v. 1, p. 1-7, 2011.

ESQUINAS-ALCAZAR, J. T.; GULICK, P. J. **Genetic resources of cucurbitaceae**. Roma: IPBGR, 1983. 112 p.

EUROPEAN COOPERATIVE PROGRAMME FOR PLANT GENETIC RESOURCES. **Minimum descriptors for Cucurbita spp., cucumber, melon and watermelon**, 2008. 15 p.

FERREIRA, F. R. Germoplasma de fruteiras. **Revista Brasileira de Fruticultura**, volume Especial, E. 001-006, 2011.

FLOR, A. S. S. O.; BARBOSA, W. L. R. Sabedoria popular no uso de plantas medicinais pelos moradores do bairro do sossego no distrito de Marudá - PA. **Revista Brasileira de Plantas Mediciniais**, [s.l.], v. 17, n. 41, p. 757-768, 2015.

GHOSH, S.; KHAN, M. H.; BHUIYAN, S. R.; AKTER, R.; SAMSUZZAMAN, M. D. Genetic diversity analysis in bitter gourd. **Journal of Eco-friendly Agriculture**, v. 8, n. 11, p. 110-115, 2015.

GOMES-COSTA, G.A.; ALVES, M. Cucurbitaceae Juss. na floresta atlântica de terras baixas ao norte do Rio São Francisco, Brasil. **Iheringia: Série Botânica**, v.71, n.1, p.62-71, 2016.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v. 27, n. 4, p. 857-874, 1971.

HARLAN, J. R. **Crops and Man**. American Society of Agronomy, Madison, Wisconsin, 1975. 295 p.

HAWKES, J. G. **The diversity of crop plants**. Harvard University Press, Cambridge, Mass, 1983. 184 p.

HOLCOMB, J.; TOLBERT, D. M.; JAIN, S. K. A diversity analysis of genetic resources in rice. **Euphytica**, v. 26, n. 2, p. 441-450, 1977.

JANA, S.; SINGH, K. B. Evidence of geographical divergence in Kabuli chickpea from germplasm evaluation data. **Crop Science**, v. 33, p. 626-632, 1993.

JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis. II. Real data. **Journal of Applied Statistics**, v.22, p.21-31, 1973.

JOSEPH, J. K. **Studies on ecogeography and genetic diversity of the genus *Momordica* L. in India**. Dissertação de Mestrado. Mahatma Gandhi University, Kottayam, Kerala, 2005. 312 p.

KESH, H.; KAUSHIK, P. Visiting bitter gourd (*Momordica charantia*) from a breeding perspective: a review. **Preprints.org**. 2020. DOI: 10.20944/preprints202004.0333.v1.

KOLE, C.; MATSUMURA, H.; BEHERA, T. K. **The bitter gourd genome**. Springer. 2020. 148 p.

KORCZOVEI, S. R. M.; ROMAGNOLO, M. B. **Plantas medicinais: Valorização e preservação do conhecimento popular associado ao conhecimento científico.** Produção Didático-Pedagógica. Universidade Estadual de Maringá, 2013. 39 p.

KRESOVICH, S.; McFERSON, J. R. Assessment and management of plant genetic diversity: considerations of intra and interspecific variation. **Field Crops Research**, v. 29, n. 3, p. 185-204, 1992.

KUMAR, D. S.; SHARATHNATH, K. V.; YOGESWARAN, P.; HARANI, A.; SUDHAKAR, K.; SUDHA, P.; BANJI, D. A. A medicinal potency of *Momordica charantia*. **International Journal of Pharmaceutical Sciences Review and Research**, v. 1, n. 2, p. 95-100, 2010.

LENZI, M., ORTH, A.I., GUERRA, T.M. Ecologia da Polinização de *Momordica charantia* L. (Cucurbitaceae), em Florianópolis, SC, Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 8, n.3, p.505-513, 2005.

LEO, R. R. T.; SOUZA, R. M.; FERREIRA, E. S. C.; LUZ, V. C. B. Estudo da Arquitetura Foliar de Três Plantas Medicinais de Interesse ao SUS. In: **Anais do III Seminário de Pesquisa da Estácio**. 2011. Disponível em: <https://portal.estacio.br/media/4229/anais-iii-seminario-pesquisa-estacio.pdf>. Acesso em: 21 ago. 2021.

LI, Y.; WU, S.; CAO, Y. Cluster analysis of an international collection of foxtail Millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.). **Euphytica**, v. 83, n. 1, p. 79-85, 1995.

LIMA, M. N. B. **Extração de compostos fenólicos das folhas de *Momordica charantia* L. e avaliação da atividade antimicrobiana e citotóxica dos extratos orgânicos.** Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação). Universidade Federal de Sergipe, 2018. 72 p.

LOIOLA, C. M. **Diversidade genética em coqueiro-gigante (*Cocos nucifera* L.) por meio de marcadores microssatélites e características morfoagronômicas.** Tese de Doutorado. Universidade Federal Rural do Semi-Árido, 2014. 100 p.

LOMBELLO, R. A.; FORNI-MARTINS, E. R. 1998. Cytological Studies in Climbers of a Brazilian Forest Reserve. *Cytologia*, 63(4), 415-420.

LUDKE, W. H.; ANDRADE, A. C. B.; VOLPATO, L.; ALMEIDA, D. P.; OLIVEIRA, I. C. M.; PAIVA, J. T.; SILVA, M. J.; DEL CONTE, M. V.; SILVA, T. C.; ALMEIDA, V. C.; PINTO, V. B. **Desafios biométricos no melhoramento genético.** 1 ed. Viçosa: GenMelhor, 2017. 166 p.

MAHMOUD, M. F., ASHRY, F. E. Z. Z., MARAGHY, N. N., & FAHMY, A. Studies on the antidiabetic activities of *Momordica charantia* fruit juice in streptozotocin-induced diabetic rats. **Pharmaceutical Biology**, v. 55, n. 1, p. 758-765, 2017.

MALI, S. S., JHA, B. K., SINGH, R., MEENA, M. Bitter gourd response to Surface and subsurface drip irrigation under different fertigation levels. **Irrigation and Drainage**, v. 66, n. 4, p. 615-625, 2017.

MANLY, B. F. J. **Multivariate statistical methods, a primer**. New York: Chapman Hall, 1986. 159 p.

MARDIA, K.V.; KENT, J.T.; BIBBY, J.M. **Multivariate analysis**. 6.ed. London: Academic Press, 1997. 518p.

MARIM, B. G.; SILVA, D. J. H.; CARNEIRO, P. C. S.; MIRANDA, G. V.; MATTEDI, A. P.; CALIMAN, F. R. B. Variabilidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de germoplasma de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [S.L.], v. 44, n. 10, p. 1283-1290, 2009.

MARGALEF, R. **Limnología**. Barcelona: Ediciones Omega, S.A, 1983. 1010 p.

MARTINELLO, G. E.; LEAL, N. R.; AMARAL JR, A. T.; PEREIRA, M. G.; DAHER, R. F. Divergência genética em acessos de quiabeiro com base em marcadores morfológicos. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 1, p. 52-58, 2002.

MENDES, A. D. R.; MARTINS, E. R.; FIGUEIREDO, L. S. Estudo do Sistema de reprodução da fava-d'anta (*Dimorphandra mollis* Benth.). **Revista Brasileira de Plantas Mediciniais**, v.15, n.4, p.607-608, 2013.

MESSETTI, A. V. L. **Utilização de técnicas multivariadas na avaliação da divergência genética de populações de girassol (*Helianthus annuus* L.)**. Tese de Doutorado. Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, 2007. 98 p.

MONTANARI, C. A.; BOLZANI, V. S. Planejamento racional de fármacos baseado em produtos naturais. **Química Nova**, [S.L.], v. 24, n. 1, p. 105-111, 2001.

MOTA, M. M. **Caracterização genética, Fitoquímica e das atividades biológicas de diferentes populações naturais de *Varronia Curassavica* Jacq. e *Momordica Charantia* L. no Espírito Santo**. Tese de Doutorado. Centro de Ciências Humanas e Naturais, Universidade Federal do Espírito Santo, 2019. 171 p.

NEPOMOCENO, T. A. R.; PIETROBON, A. J. Aspectos gerais do melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.). In: **12º Semana Acadêmica de Agronomia**. 2018. Disponível em: <<https://www.fag.edu.br/upload/revista/seagro/5b4735d6ba994.pdf>>. Acesso em: 10 jan. 2019.

OLIVEIRA, A. P. C. de. O conhecimento tradicional sobre plantas medicinais no âmbito da saúde da mulher: uma perspectiva no contexto do produto tradicional fitoterápico. **Revista Fitos**. [S.l.], v. 10, n. 4, p. 28-31, 2017.

OLIVEIRA, S. C.; FILHA, G. K. S. A.; LOPES, J. M. S. Uso da planta “melão-de-são-caetano” (*Momordica charantia* L.) no combate ao carrapato (*Rhipicephalus sanguineus*) de cães – revisão de literatura. **Brazilian Journal of Development**, [S.L.], v. 6, n. 4, p. 22688-22713, 2020.

ORGANIZAÇÃO MUNDIAL DA SAÚDE. **Estratégias da OMS sobre Medicina Tradicional. Documento 2002–2005**. Genebra: Organização Mundial da Saúde, 2002. 78 f.

PAIVA, S. R.; ALBUQUERQUE, M. S. M.; SALOMÃO, A. N.; JOSÉ, S. C. B. R.; MOREIRA, J. R. **Recursos genéticos: o produtor pergunta, a Embrapa responde. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.** Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2019. 304 p.

PAIVA, W. O. Divergência genética entre linhagens de melão e a heterose de seus híbridos. **Horticultura Brasileira**, [s.l.], v. 20, n. 1, p.34-37, 2002.

PAULAN, S. C.; PUPIN, S. **Genética e melhoramento de plantas e animais.** Londrina: Editora e Distribuidora Educacional S.A, 2019. 195 p.

PENTEADO, I. M. **Proteção ao conhecimento tradicional associado a plantas medicinais: a regulação do acesso ao patrimônio genético e o sistema de patentes.** Dissertação de Mestrado. Programa de Pós-graduação em Práticas em Desenvolvimento Sustentável, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, 2014. 119 p.

PÉREZ, L. J. T. **Biología reproductiva de *Momordica charantia* Cucurbitaceae en un bosque de galería en la Orinoquia colombiana.** Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação). Departamento de Ciencias Básicas, Universidad de La Salle, 2018.

PERRY, M. C.; McINTOSH, M. S. Geographical patterns of variation in the USDA soybean germplasm collection: I. Morphological traits. **Crop Science**, v. 31, n. 5, p. 1350-1355, 1991.

PIELOU, E. C. The measurement of diversity in different types of biological collectios. **Journal of Theoretical Biology**, v. 13, p. 131–144, 1966.

PILLA, M. A. C. **O conhecimento sobre recursos genéticos vegetais alimentares em bairros rurais do Vale do Paraíba - SP.** Dissertação de Mestrado. Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista Julio de Mesquita Filho, 2006. 129 p.

PINHEIRO, J. I. D.; CUNHA, S. B.; CARVAJAL, S. R.; GOMES, G. C. **Princípios de estatística.** Rio de Janeiro: Editora Elsevier, 2011. 50 p.

QUEIRÓZ, M. A. 2011. Germoplasma de Cucurbitáceas no Brasil. In: Congresso Brasileiro de Olericultura, 51. **Horticultura Brasileira**, v. 29, n. 2 (Suplemento - CD ROM), p. S5946-S5954.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing.** R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2019. Disponível em: URL <http://www.r-project.org/>.

RABBANI, M. A.; IWABUCHI, A.; MURAKAMI, Y.; SUZUKI, T.; TAKAYANAGI, K. Phenotypic variation and the relationships among mustard (*Brassica juncea* L.) germplasm from Pakistan. **Euphytica**, v. 101, n. 3, p. 357-366, 1998.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; PINTO, J. C. S. B. **Genética na agropecuária.** 5 ed. Lavras: Editora UFLA, 2012. 567 p.

RAO C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley & Sons, 1952. 390 p.

REGAZZI, A. J.; CRUZ, C. D. **Análise multivariada aplicada**. Viçosa: Editora UFV, 2020.

RENCHER, A. **Methods of multivariate analysis**. 2 ed. Wiley Series in Probability and Statistics. Wiley-Interscience, 2002. 20 p.

REYES, M. E. C.; GILDEMACHER, B. H.; JANSEN, G. J. *Momordica* L. In: SIEMONSMA, J.S.; PILUEK, K. **Plant Resources of South-East Asia: Vegetables. Indonesia**, p. 206-210, 1994.

RIBEIRO, A. C. **Avaliação do uso de *Momordica charantia* L. no tratamento de asma em modelo animal**. Dissertação de Mestrado. Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Universidade de São Paulo, 2016. 78 p.

SALOMÃO, A. N. **Manual de curadores de germoplasma**. Glossário Vegetal. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010. 326 p.

SANTANA, S. H.; TORRES, S.B.; BENEDITO, C. P.. Biometria de frutos e sementes e germinação de melão-de-são-caetano. **Revista Brasileira de Plantas Mediciniais**, [S.L.], v. 15, n. 2, p. 169-175, 2013.

SANTONIERI, L.; BUSTAMANTE, P. G. Conservação *ex situ* e *on farm* de recursos genéticos: desafios para promover sinergias e complementaridades. **Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi. Ciências Humanas**, [S.L.], v. 11, n. 3, p. 677-690, 2016.

SANTOS, D. D. M. **Avaliação do Efeito Inseticida de *Momordica charantia* L. (Cucurbitaceae) sobre *Lutzomyia longipalpis* (Diptera: Psychodidae), vetor da leishmaniose visceral no Brasil**. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, 2018. 70 p.

SANTOS, E.; BETTENCOURT, E. **Manual de apoio à formação e treino em conservação *ex situ* de recursos fitogenéticos**. International Plant Genetic Resources Institute, 2001. 207 p.

SHAHIDI, F. **Antinutrients and phitochemicals in food**. Washington: American Chemical Society, 1997. 344 p.

SHANKAR, R.; BAGLE, B. G.; MORE, T. A. Diversity analysis of bitter gourd (*Momordica charantia* L.). **The Asian and Australasian Journal of Plant Science and Biotechnology**. p. 21-25, 2009.

SHANNON, C. E. A Mathematical Theory of Communication. Reprinted with corrections from **The Bell System Technical Journal**, v. 27, p. 379–423, 623–656, 1948.

SIDHU, G. K.; PATHAK, M. Genetic diversity analysis in bitter gourd (*Momordica charantia* L.) using morphological traits. **International Journal of Agriculture Innovations and Research**, v. 5, n. 1, p. 2319-1473, 2016.

SILVA, M. L.; QUEIRÓZ, M. A.; FERREIRA, M. A. J. F.; BUSO, G. S. C. Caracterização morfológica e molecular de acessos de melancia. **Horticultura Brasileira**, v. 24, n. 4, p. 405-409, 2006.

SILVA, T. D.; SOUZA, P. G. V. D. *Momordica charantia* L., uma planta medicinal e seu potencial antitumoral: uma revisão sistemática / *Momordica charantia* L., a medicinal plant and its antitumor potencial. **Brazilian Journal of Development**, [S.L.], v. 6, n. 11, p. 92949-92962, 2020.

SILVA, W. C. J. **Escolha de descritores mínimos e estabelecimento de coleções nucleares em *Capsicum* spp.**. Tese de Doutorado. Universidade Federal de Goiás, 2008. 140 p.

SIMON, M. F. **Manual de curadores de germoplasma**. Vegetal: Conservação *in situ*. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010. 13 p.

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

SINGH, S. P.; GUTIERREZ, J. A.; MOLINA, A.; URREA, C.; GEPTS, P. Genetic diversity in cultivated common bean: II. Marker-based analysis of morphological and agronomic traits. **Crop Science**, v. 31, p. 23-29, 1991.

SOUZA FILHO, A. P. S.; ALVES, S. M. **Alelopatia: princípios básicos e aspectos gerais**. Belém: Embrapa Amazônia Oriental, 2002. 260 p.

SOUZA, D. C. L. Técnicas moleculares para caracterização e conservação de plantas medicinais e aromáticas: uma revisão. **Revista Brasileira de Plantas Mediciniais**, [s.l.], v. 17, n. 3, p.495-503, 2015.

STRAPASSON, E. **Seleção de descritores na caracterização de germoplasma de *Paspalum* através de componentes principais**. Dissertação de Mestrado. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 1997. 107 p.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Plant physiology**. 4. ed. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates Inc., 2006.

TAN, M. J.; YE, J. M. TURNER, N.; HOHNEN-BEHRENS, C.; KE, C. Q.; TANG, C. P.; CHEN, T.; WEISS, H. C.; GESING, E. R.; ROWLAND, A.; JAMES, D. E.; YE, Y. Antidiabetic activities of triterpenoids isolated from bitter melon associated with activation of the AMPK pathway. **Chemical Biology**, v. 15, n. 3, p. 263- 73, 2008.

TEIXEIRA, R. B. **Avaliação e estimação de componentes genéticos de características produtivas e da qualidade de ovos de linhagens de codorna de corte**. Dissertação de Mestrado. Programa de Pós-graduação em Zootecnia, Universidade Federal de Viçosa, 2008. 2008. 75 p.

UNIÃO INTERNACIONAL PARA A PROTEÇÃO DE NOVAS VARIEDADES DE PLANTAS. **Guidelines for the conduct of tests for distinctness, uniformity and stability**, 2007. 25 p.

VALADARES, R. N.; ARAÚJO, K. S.; COSTA, I. J. N.; NÓBREGA, D. A.; LIMA, T. V.; MENEZES, D. Divergência genética entre linhagens de *Cucumis melo* L. (Grupo *Momordica*). In: Congresso Brasileiro de Olericultura, 54. **Anais do 54 Congresso Brasileiro de Olericultura**. Recife, 2016. p. 355.

VALADARES, R. N.; MELO, R. A.; SILVA, J. A. S.; ARAÚJO, A. L. R.; SILVA, F. S.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; MENEZES, D. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações em acessos de melão do grupo *Momordica*. **Horticultura Brasileira**, v. 35, n. 4, p. 557-563, 2017.

VALADARES, R. N.; MELO, R. A.; SARINHO, I. V. F.; OLIVEIRA, N. S.; ROCHA, F. A. T.; SILVA, J. W.; MENEZES, D. Genetic diversity in accessions of melon belonging to momordica group. **Horticultura Brasileira**, [S.L.], v. 36, n. 2, p. 253-258, 2018.

VILELA-MORALES, E. A.; VALOIS, A. C. C. Recursos genéticos autóctones e seus usos no desenvolvimento sustentável. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, v. 17, n. 2, p. 11-42, 2000.

VOIDALESKI, M.; GELINSKI, J. L. N.; SALAMONI, S. P.; MITIDIERI, S. Avaliação in vitro de extratos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.): potencial antibacteriano e de inibição da formação de biofilmes. In: I International Symposium on Science and Biotechnology. **Anais do I International Symposium on Science and Biotechnology**. Videira, 2015. p.49-50.

WALTERS, T. W.; DECKER-WALTERS, D. S. Balsam-Pear (*Momordica charantia*, Cucurbitaceae). **Economic Botany**, v. 42, n. 2, p. 286-288, 1988.

YANG, S. L.; WALTERS, T. W. Ethnobotany and the economic role of the Cucurbitaceae of China. **Economic Botany**, v.46, n.4, p.349-367, 1992.

ZHU, Y.; DONG, Y.; QIAN, X.; CUI, F.; GUO, Q.; ZHOU, X.; WANG, Y.; ZHANG, Y.; XIONG, Z. Effect of Superfine Grinding on Antidiabetic Activity of Bitter Melon Powder. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 13, p. 14203-14218, 2012.

ZOCOLER, A. M. D.; MOURÃO, K. S. M.; MELLO, J. C. P.; MARQUES, L. C. Contribuição ao Controle de Qualidade Farmacognóstico das Folhas e Caules de Melão-de-São Caetano (*Momordica charantia* L.- Cucurbitaceae). **Acta Farmacêutica Bonaerense**, v. 25, p. 22- 27, 2006.

## 9. ANEXOS

**Anexo I: Tabela 5:** Mensuração de variáveis quantitativas direcionadas à caracterização dos genótipos de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L) dos LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ.

**Anexo II: Tabela 6:** Coeficientes de correlação entre as 38 variáveis quantitativas voltadas a caracterização dos 88 genótipos do Banco de Germoplasma de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ.

**Anexo III: Figura 13:** Valores percentuais relativos à caracterização dos 88 genótipos do Banco de Germoplasma de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ no que tange aos descritores morfoagronômicos de caráter qualitativo.

Anexo I

**Tabela 5:** Mensuração de variáveis quantitativas direcionadas à caracterização dos genótipos de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L) dos LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ.

Genótipo	NFP	CMF (mm)	LMF (mm)	EPO (mm)	CHP (m)	Genótipo	NFP	CMF (mm)	LMF (mm)	EPO (mm)	CHP (m)	Genótipo	NFP	CMF (mm)	LMF (mm)	EPO (mm)	CHP (m)	Genótipo	NFP	CMF (mm)	LMF (mm)	EPO (mm)	CHP (m)
UFRRJ MSC001	14	51,1	19	1,6	3,48	UFRRJ MSC023	16	35,75	17,85	1,2	1,63	UFRRJ MSC045	18	29,53	12,97	0,99	5,01	UFRRJ MSC067	4	159,3	45,34	2,3	2,15
UFRRJ MSC002	32	39,94	17,87	0,85	1,13	UFRRJ MSC024	17	34,85	16,8	1,1	3,8	UFRRJ MSC046	16	29,58	13,54	1,3	5,98	UFRRJ MSC068	2	50,2	31,08	5,04	4,15
UFRRJ MSC003	14	22,25	12	1,41	1,37	UFRRJ MSC025	14	29,55	14,2	1,08	1,8	UFRRJ MSC047	2	62,7	28	2,1	4,3	UFRRJ MSC069	5	110,84	48,51	4	1,74
UFRRJ MSC004	25	38,66	16,55	0,8	2,68	UFRRJ MSC026	27	47,59	17,59	0,8	2,11	UFRRJ MSC048	7	74,75	31,39	1,2	1,68	UFRRJ MSC070	7	118,98	39,73	2,02	2,45
UFRRJ MSC005	41	41,93	18,41	1	2,9	UFRRJ MSC027	25	38,51	21,4	0,58	2,28	UFRRJ MSC049	1	53,2	21,6	1	3,78	UFRRJ MSC071	41	39,52	15,63	0,71	1,37
UFRRJ MSC006	16	39,14	17,13	1,1	1,7	UFRRJ MSC028	128	43,52	19,88	0,71	4,25	UFRRJ MSC050	4	69,13	33,03	0,8	7,95	UFRRJ MSC072	146	35,61	18,07	0,67	8,19
UFRRJ MSC007	3	40,15	18,23	1,9	1,88	UFRRJ MSC029	16	40,56	18,73	1,4	1,68	UFRRJ MSC051	25	35	16,13	1,3	1,63	UFRRJ MSC073	26	50,68	18,17	1,6	1,85
UFRRJ MSC008	6	59,26	33,32	2,38	2,31	UFRRJ MSC030	20	53,04	20,89	1,2	1,7	UFRRJ MSC052	18	40,3	19,13	1	2,2	UFRRJ MSC074	23	36,15	19,03	1,3	7,51
UFRRJ MSC009	3	92,76	54,24	1,9	2,94	UFRRJ MSC031	5	111,59	23,63	1,45	1,85	UFRRJ MSC053	97	37,7	16,52	0,82	8,95	UFRRJ MSC075	10	41,2	20,3	1,1	2,23
UFRRJ MSC010	3	43,3	17,07	1,5	3,65	UFRRJ MSC032	3	78	38,5	3,2	3,92	UFRRJ MSC054	14	30,77	19,08	1,59	3,52	UFRRJ MSC076	9	40,45	18,35	1,7	2,32
UFRRJ MSC011	3	63,56	24,12	2,3	2,86	UFRRJ MSC033	4	161,43	43,86	2,81	2,03	UFRRJ MSC055	31	33,16	17,47	0,81	4,3	UFRRJ MSC077	7	37,8	19,8	0,9	2,69
UFRRJ MSC012	14	66,96	31,3	0,9	1,56	UFRRJ MSC034	2	160,9	39,8	3,6	1,74	UFRRJ MSC056	40	33,17	15	0,68	1,74	UFRRJ MSC078	8	33,02	15,71	0,8	5,51
UFRRJ MSC013	35	37,6	15,41	1,29	2,16	UFRRJ MSC035	4	150,9	39,78	1,2	2,28	UFRRJ MSC057	7	35,1	16,1	0,9	3,43	UFRRJ MSC079	13	43,3	17,35	1,1	1,07
UFRRJ MSC014	27	41,02	16,53	0,57	2,14	UFRRJ MSC036	20	38,52	15,33	0,9	0,71	UFRRJ MSC058	16	39,47	18,97	1	3,03	UFRRJ MSC080	29	40,37	17	1,4	3,78
UFRRJ MSC015	20	28,93	15,46	1	1,5	UFRRJ MSC037	20	36	18,9	1,2	3,13	UFRRJ MSC059	41	37,62	17,61	0,7	8,96	UFRRJ MSC081	8	39	18,1	1,1	2,59
UFRRJ MSC016	22	36,3	17	1,1	3,06	UFRRJ MSC038	14	31,62	15,97	0,7	2,69	UFRRJ MSC060	13	37,45	19,2	0,9	1,74	UFRRJ MSC082	38	49,1	19,16	1,1	11,92
UFRRJ MSC017	10	44,3	20,5	0,7	2,28	UFRRJ MSC039	30	47,5	16,8	1,2	2,59	UFRRJ MSC061	12	29,3	12,55	1,3	2,89	UFRRJ MSC083	25	40,17	18,64	0,42	4,65
UFRRJ MSC018	32	30,23	14,14	0,86	2,03	UFRRJ MSC040	30	46,03	20,9	1,12	1,95	UFRRJ MSC062	36	40,13	19,74	0,93	4,1	UFRRJ MSC084	9	36,1	14,8	1,3	1,85
UFRRJ	19	25,1	12,7	1,1	2,42	UFRRJ	11	43,85	17,42	1,1	5,36	UFRRJ	7	34,96	17,14	1,2	3,12	UFRRJ	12	38,36	16,25	1	2,69

MSC019						MSC041						MSC063						MSC085					
UFRRJ	33	41,64	20,01	1,3	2,91	UFRRJ	106	36	15,92	0,72	2,61	UFRRJ	3	77,75	43,55	5,5	0,89	UFRRJ	28	32,61	14,86	0,58	1,95
MSC020						MSC042						MSC064						MSC086					
UFRRJ	20	21,53	10,48	1,3	2,37	UFRRJ	27	31,35	17,9	1,6	2,07	UFRRJ	2	29,1	16,7	0,6	2,03	UFRRJ	118	42,22	19,58	0,91	5,51
MSC021						MSC043						MSC065						MSC087					
UFRRJ	45	45,55	20,08	1,06	1,7	UFRRJ	67	40,88	19,14	0,68	4,56	UFRRJMCS066	2	36,53	19,68	1,5	2,15	UFRRJ	23	37,82	14,57	1,1	2,05
MSC022						MSC044												MSC088					

Legenda: NFP = Número de frutos por planta; Comprimento médio dos frutos; LMF = Largura média dos frutos; EPO = Espessura da polpa; CHP = Comprimento da haste principal.

## Anexo II:

**Tabela 6:** Coeficientes de correlação entre as 38 variáveis quantitativas voltadas a caracterização dos 88 genótipos do Banco de Germoplasma de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ.

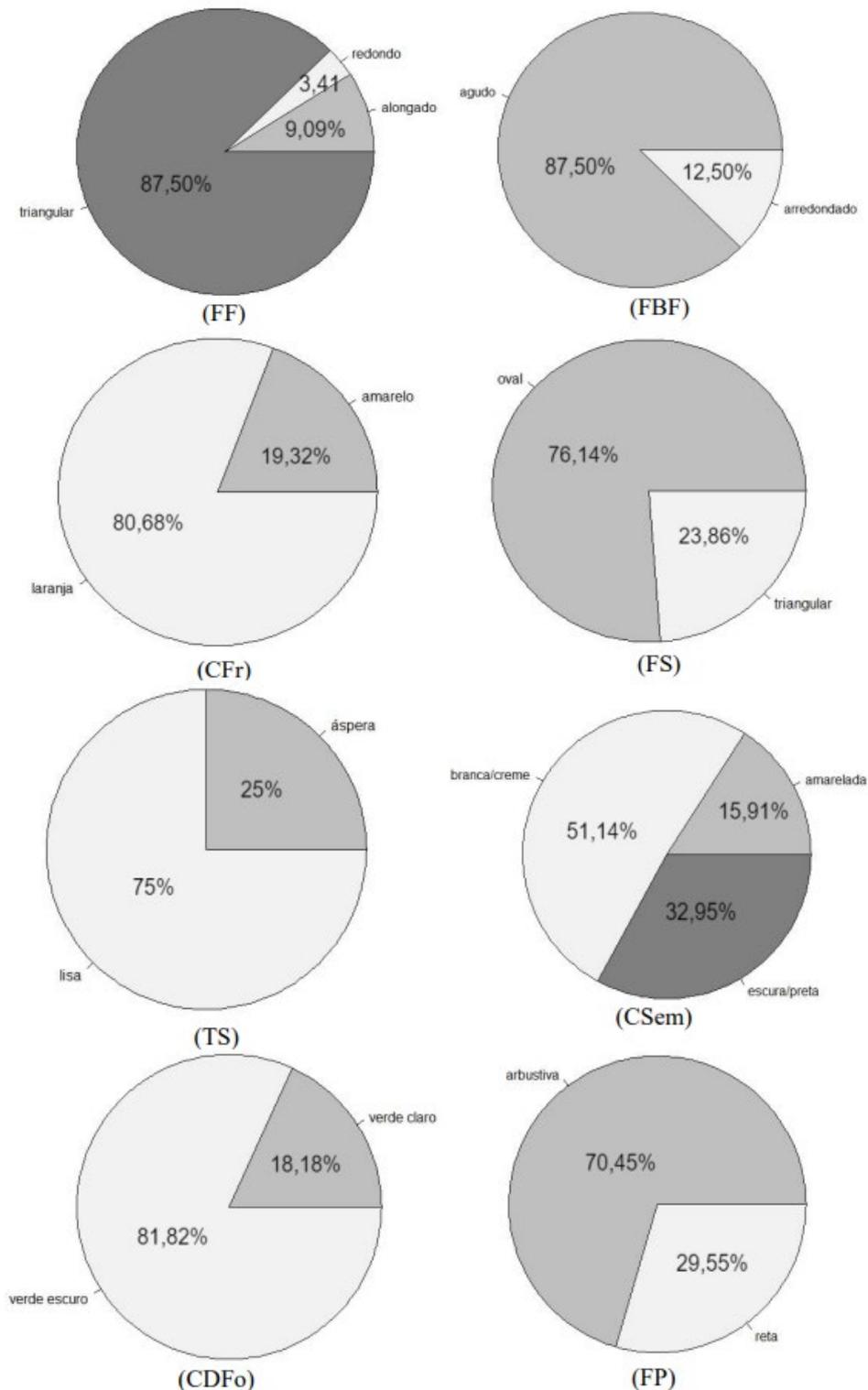
Var.	NFP	PTFf	PMFf	PTFs	PMFs	CMF	LMF	CMFLMF	EPO	NC	NFFa	NSP	NMSF	PTS	PMS	CMS	LMS	CMSLMS	PMA	PTS.1	CF	LF	CF/LF	CPC	AIP	NL	NFm	NFf	Nf/NFf	CPfM	CPFf	CHP	DHP	NRB	CEN	NEN	APR	NFP/CHP
NFP	1,00	0,75*	-0,33	0,88*	-0,26	-0,26	-0,28	-0,12	-0,35	-0,15	0,84*	0,93*	-0,19	0,68*	-0,19	-0,33	-0,31	-0,13	-0,22	0,82*	-0,32	-0,32	-0,11	-0,08	-0,11	-0,36	0,61*	0,91*	-0,36	0,08	0,56*	0,38	-0,00	0,47	0,12	0,28	0,14	0,72*
PTFf		1,00	0,23	0,85*	0,22	0,20	0,17	0,14	-0,01	0,04	0,64*	0,80*	0,05	0,68*	0,10	0,03	-0,04	0,16	0,10	0,81*	0,18	0,16	0,11	0,13	-0,07	0,20	0,51*	0,69*	-0,26	0,26	0,49*	0,27	0,23	0,01	0,12	0,18	-0,16	0,55*
PMFf			1,00	-0,11	0,71*	0,62*	0,63*	0,29	0,58*	0,33	-0,20	-0,27	0,40	-0,15	0,35	0,58*	0,44	0,45	0,42	-0,15	0,72*	0,69*	0,27	0,16	0,05	0,86*	-0,22	-0,24	0,18	0,23	-0,16	-0,13	0,16	-0,69*	-0,10	-0,10	-0,51*	-0,35
PTFs				1,00	0,07	-0,02	-0,05	0,02	-0,22	-0,12	0,74*	0,90*	-0,07	0,67*	-0,07	-0,12	-0,14	-0,00	-0,00	0,86*	-0,07	-0,07	-0,01	0,00	-0,08	-0,10	0,57*	0,80*	-0,32	0,15	0,51*	0,38	0,08	0,24	0,15	0,25	0,04	0,64*
PMFs					1,00	0,76*	0,75*	0,42	0,54*	0,14	-0,16	-0,21	0,30	-0,10	0,42	0,69*	0,60*	0,37	0,59*	-0,04	0,66*	0,66*	0,20	0,20	0,08	0,80*	-0,20	-0,19	0,13	0,01	-0,26	-0,07	0,15	-0,64*	-0,12	-0,04	-0,47	-0,29
CMF						1,00	0,85*	0,72*	0,52*	0,29	-0,18	-0,21	0,34	-0,14	0,28	0,51*	0,37	0,46	0,56*	-0,10	0,67*	0,63*	0,25	0,20	0,06	0,65*	-0,25	-0,21	0,11	0,09	-0,28	-0,13	0,20	-0,57*	-0,08	-0,10	-0,45	-0,27
LMF							1,00	0,29	0,66*	0,18	-0,18	-0,23	0,33	-0,14	0,33	0,59*	0,44	0,50*	0,60*	-0,12	0,63*	0,65*	0,13	0,32	0,06	0,67*	-0,27	-0,21	0,09	0,08	-0,29	-0,08	0,27	-0,63*	-0,08	-0,06	-0,52*	-0,30
CMFLMF								1,00	0,12	0,29	-0,11	-0,09	0,19	-0,07	0,12	0,23	0,18	0,18	0,25	-0,04	0,46	0,36	0,30	-0,01	0,00	0,33	-0,13	-0,12	0,14	-0,00	-0,19	-0,13	0,01	-0,26	-0,05	-0,09	-0,15	-0,08
EPO									1,00	0,13	-0,27	-0,33	0,23	-0,25	0,31	0,62*	0,52*	0,36	0,49*	-0,26	0,53*	0,56*	0,11	0,19	0,15	0,66*	-0,26	-0,30	0,11	0,03	-0,36	-0,16	0,25	-0,54*	-0,02	-0,11	-0,43	0,36
NC										1,00	-0,08	-0,14	0,05	-0,10	0,14	0,18	0,11	0,21	0,13	-0,11	0,30	0,18	0,37	0,08	0,01	0,34	-0,06	-0,10	0,07	0,08	-0,14	-0,04	-0,05	-0,25	-0,11	-0,02	-0,24	0,18
NFFa											1,00	0,77*	-0,10	0,56*	-0,11	-0,21	-0,20	-0,07	-0,13	0,68*	-0,19	-0,19	-0,09	-0,00	-0,10	-0,21	0,73*	0,99*	-0,27	0,11	0,53*	0,46	-0,02	0,32	0,06	0,38	0,18	0,56*
NSP												1,00	-0,02	0,74*	-0,19	-0,27	-0,27	-0,07	-0,17	0,86*	-0,25	0,26	-0,01	0,01	-0,12	-0,31	0,60*	0,83*	-0,32	0,14	0,63*	0,41	0,05	0,38	0,18	0,29	0,09	0,67*
NMSF													1,00	-0,01	0,03	0,33	0,30	0,17	0,19	-0,04	0,30	0,31	0,09	0,26	0,04	0,29	-0,05	-0,12	0,43	0,19	0,10	0,10	0,08	-0,31	0,06	0,04	-0,01	-0,22
PTS														1,00	0,44	-0,21	-0,18	-0,14	-0,11	0,96*	-0,25	-0,28	0,04	0,09	-0,11	-0,17	0,50*	0,61*	-0,24	0,19	0,50*	0,27	0,03	0,26	0,09	0,18	0,04	0,55*
PMS															1,00	0,39	0,38	0,11	0,31	0,27	0,27	0,24	0,16	0,26	0,02	0,45	-0,08	-0,14	0,17	0,12	-0,15	-0,09	0,05	-0,37	-0,11	-0,05	-0,27	-0,13
CMS																1,00	0,93*	0,46	0,58*	-0,19	0,67*	0,65*	0,23	0,34	-0,03	0,72*	-0,17	-0,25	0,50*	0,08	-0,21	0,02	0,18	-0,64*	-0,12	0,04	-0,47*	-0,39
LMS																	1,00	0,10	0,50*	-0,18	0,51*	0,52*	0,10	0,28	-0,07	0,63*	-0,11	-0,24	0,49*	0,00	-0,19	0,06	0,08	-0,48*	-0,16	0,10	-0,35	-0,37
CMSLMS																		1,00	0,33	-0,10	0,56	0,48*	0,35*	0,26	0,07	0,39	-0,16	-0,09	0,19	0,21	-0,06	-0,07	0,34	-0,55*	0,08	-0,12	-0,41	-0,16

PMA	1,00	-0,08	0,49*	0,52*	0,09	0,30	0,06	0,53*	-0,13	-0,16	0,15	0,23	-0,17	-0,04	0,12	-0,49*	-0,17	0,00	-0,33	-0,23
PTS.1		1,00	-0,20	-0,22	0,02	0,06	-0,11	-0,15	0,57*	0,74*	-0,29	0,19	0,54*	0,33	0,05	0,27	0,12	0,23	0,04	0,63*
CF			1,00	0,94*	0,38	0,23	0,07	0,81*	-0,11	-0,23	0,37	0,24	-0,20	-0,06	0,29	-0,73*	0,02	-0,10	-0,44	-0,37
LF				1,00	0,07	0,24	0,10	0,79*	-0,11	-0,23	0,38	0,23	-0,23	-0,06	0,33	-0,69*	0,04	-0,10	-0,41	-0,33
CF/LF					1,00	0,07	-0,07	0,27	-0,03	-0,10	0,08	0,08	0,01	-0,02	0,01	-0,36	-0,04	-0,01	-0,21	-0,21
CPC						1,00	0,01	0,27	0,02	-0,02	0,20	0,29	0,13	0,30	0,21	-0,43	-0,08	0,31	-0,24	-0,18
AIP							1,00	0,06	-0,12	-0,11	0,04	0,08	-0,00	-0,13	0,38	-0,02	0,58*	-0,20	0,05	0,00
NL								1,00	-0,14	-0,25	0,24	0,18	-0,23	-0,12	0,22	-0,76*	-0,13	-0,09	-0,57*	-0,39
NFm									1,00	0,72*	-0,06	0,29	0,66*	0,49*	0,04	0,25	0,15	0,34	0,29	0,37
NFf										1,00	-0,30	0,10	0,56*	0,45	-0,02	0,37	0,07	0,37	0,18	0,62*
NFm/NFf											1,00	0,22	-0,06	0,04	0,08	-0,37	0,02	-0,00	-0,05	-0,38
CPFm												1,00	0,48*	0,28	0,17	-0,19	0,13	0,18	0,01	-0,07
CPFf													1,00	0,40	0,14	0,18	0,17	0,29	0,18	0,35
CHP														1,00	0,01	0,13	0,08	0,91*	0,08	-0,14
DHP															1,00	-0,20	0,41	-0,09	-0,21	-0,11
NRB																1,00	0,15	0,08	0,43	0,46
CEN																	1,00	-0,25	0,12	0,11
NEN																		1,00	0,05	-0,17
APR																			1,00	0,21
NFP/CHP																				1,00

Legenda: Var. = Variável; NFP = Número de frutos por planta; PTFf = Peso total dos frutos frescos; PMFf = Peso médio dos frutos frescos; PTFs = Peso total dos frutos secos; PMFs = Peso médio dos frutos secos; CMF = Comprimento médio dos frutos; LMF = Largura média dos frutos; CMFxLMF = Razão entre o comprimento e largura média dos frutos; EPO = Espessura da polpa; NFC = Número de cristas; NFFa = Número de flores e/ou frutos abortados; NSP = Número de sementes por planta; NMSF = Número médio de sementes por fruto; PTS = Peso total da semente; PMS = Peso médio da semente; CMS = Comprimento médio da semente; LMS = Largura média da semente; CMSxLMS = Razão entre o comprimento e a largura média da semente; PMA = Peso médio do arilo; PTS.1 = Peso total seco de frutos e sementes; CF = Comprimento da folha; LF = Largura da folha; CFxLF = Razão entre comprimento e largura da folha; CPC = Comprimento do pecíolo; AIP = Ângulo de inserção do pecíolo; NL = Número de lóbulos; NFm = Número de flores masculinas, NFf = Número de flores femininas; NFm/NFf = Razão entre flores masculinas e femininas; CPFm = Comprimento do pedúnculo floral masculino; CPFf = Comprimento do pedúnculo floral feminino; CHP = Comprimento da haste principal; DHP = Diâmetro da haste principal; NRB = Número de ramificações na base; CEN = Comprimento do entrenó; NEN = Número de entrenós; APR = Altura da primeira ramificação; NFP/CHP = Número de frutos por planta por metro. \*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste *t*.

### Anexo III

**Figura 13:** Valores percentuais relativos à caracterização dos 88 genótipos do Banco de Germoplasma de melão-de-são-caetano (*M. charantia* L.) do LCBMP/DFITO/IA/UFRRJ no que tange aos descritores morfoagronômicos de caráter qualitativo.



Legenda: FF = formato do fruto, FBF = formato da base do fruto, CFr = cor do fruto, FS = formato da semente, TS = textura da semente, CSem = cor da semente, CDFo = cor da folha, FP = formato da planta.