

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

DISSERTAÇÃO

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS VIA REML/Blup VISANDO A
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE MELÃO-DE-SÃO-CAETANO
(*Momordica charantia*) PARA PRODUÇÃO DE FRUTOS**

MAYARA DE MELLO MARQUES

2021



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

**ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS VIA REML/Blup
VISANDO A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE MELÃO-
DE-SÃO-CAETANO (*Momordica charantia*) PARA A PRODUÇÃO DE
FRUTOS**

MAYARA DE MELLO MARQUES

*Sob a Orientação do Professor
Pedro Corrêa Damasceno Junior*

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

Seropédica, RJ
Abril de 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)

M357e Marques, Mayara de Mello, 1993 Estimativa de parâmetros genéticos via REML/Blup visando a seleção de genótipos superiores de melão-de são-caetano (*Momordica charantia*) para a produção de frutos / Mayara de Mello Marques. - Seropédica, 2021. 63 f.: il.

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

1. Modelos mistos. 2. Parâmetros genéticos. 3. Plantas medicinais. 4. Melhoramento de plantas. 5. Blup-PCA. I. Damasceno Júnior, Pedro Corrêa , 1973-, orient. II Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Fitotecnia III. Título.

“Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor”.



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO RIO DE JANEIRO
DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA



**HOMOLOGAÇÃO DE DISSERTAÇÃO DE MESTRADO Nº 30 / 2025 - DeptFITO
(12.28.01.00.00.00.32)**

Nº do Protocolo: 23083.027351/2025-57

Seropédica-RJ, 29 de maio de 2025.

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

MAYARA DE MELLO MARQUES

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

DISSERTAÇÃO APROVADA EM 29/04/2021

Pedro Corrêa Damasceno Júnior. D.Sc. UFRRJ.

(Orientador)

Roberto dos Santos Trindade. D.Sc. EMBRAPA Milho e Sorgo.

(Membro Titular)

Bruna Rafaela da Silva Menezes. D.Sc. UFRRJ.

(Membro Titular)

(Assinado digitalmente em 29/05/2025 11:24)
BRUNA RAFAELA DA SILVA MENEZES
PROFESSOR DO MAGISTERIO SUPERIOR
DeptG (12.28.01.00.00.00.50)
Matrícula: 2271445

(Assinado digitalmente em 29/05/2025 21:51)
PEDRO CORREA DAMASCENO JUNIOR
PROFESSOR DO MAGISTERIO SUPERIOR
DATS (11.39.00.35)
Matrícula: 1712769

(Assinado digitalmente em 02/06/2025 14:25)
ROBERTO DOS SANTOS TRINDADE
ASSINANTE EXTERNO
CPF: 087.691.187-44

AGRADECIMENTOS

À Deus, o detentor de toda ciência, o Mestre dos mestres, minha força, minha alegria, meu sustento, quem nunca me deixou desistir. Glórias e Honras a Ele pelos séculos dos séculos.

À Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ) e ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia (PPGF) pela oportunidade de cursar o mestrado e pela estrutura disponibilizada.

Ao meu orientador Pedro Corrêa Damasceno Júnior, pela orientação, por todo o conhecimento compartilhado, pela confiança e pelo incentivo.

Aos meus pais, Ademir e Mirian, pelo amor incondicional, pelo apoio e suporte, por acreditarem e sonharem os meus sonhos. Obrigada pelo colo e pelo zelo. Vocês minhas maiores referências. Não os mereço. Vocês são os maiores e melhores presentes que Deus me deu. Espero que consiga retribuir um dia.

Ao meu irmão, Adynan, meu grande amigo, meu exemplo e suporte. Obrigada por estar sempre ao meu lado.

Ao meu namorado, Thiago, que sempre me olha com olhos de amor. Obrigada por acreditar em mim quando eu mesma não acreditava, pelo companheirismo que trouxe leveza aos meus dias e por ser um instrumento de Deus para me incentivar.

Às minhas grandes amigas, Sara e Thayane, minhas grandes incentivadoras. Não estaria aqui sem vocês. Obrigada por caminharem sempre ao meu lado e por nunca desistirem de mim.

Em memória à minha tia, Maria Edilamar, que sempre esteve comigo em todos os momentos e que certamente estaria comigo celebrando esta importante conquista.

À técnica de laboratório Fernanda pela parceria, pelo conhecimento compartilhado e pelo incentivo.

Aos meus colegas de laboratório Ana Rafaela, Fernanda, Gustavo, Mariana, Tatiana, Thaís, Vivian, os quais se tornaram verdadeiros amigos. Obrigada pela excelente convivência e pelos momentos compartilhados.

Agradeço a todos que, direta e indiretamente, contribuíram com o meu crescimento profissional e pessoal.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ)

RESUMO

MARQUES, Mayara de Mello. **Estimativa de Parâmetros Genéticos via REML/Blup Visando a Seleção de Genótipos Superiores de Melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*) para a Produção de Frutos.** 2021. 63p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia). Instituto de Agronomia, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2021.

O melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*) é uma cucurbitácea, monóica, diplóide, com $2n=2x=22$ cromossomos, conhecida por sua ação hipoglicêmica. Apesar da sua importância, o melhoramento do melão-de-são-caetano ainda é incipiente. Diante disso, estudos relativos a herança de características ligadas a produção são de suma importância para se conhecer o germoplasma disponível e para se buscar as melhores estratégias para o processo de seleção de genótipos superiores. Neste sentido, a estimativa de parâmetros genéticos via método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e a estimativa dos valores fenotípicos dos genótipos via Melhor Preditor Linear Não-Viesado (Blup) se constituem em importantes ferramentas para a seleção de genótipos de melão-de-são-caetano com performance agronômica superior. Dessa forma, os objetivos do presente trabalho foram conhecer a herança de 17 variáveis ligadas a produção de frutos em melão-de-são-caetano, bem como selecionar genótipos com alta performance para a produção de frutos na cultura. Neste trabalho, também foi proposto associar o Blup com o PCA (Análise de Componentes Principais), cujo objetivo foi permitir uma interpretação simultânea dos valores fenotípicos dos genótipos considerando todas as variáveis num mesmo plano bidimensional. Diante disso, foram plantados 22 genótipos de melão-de-são-caetano em vasos de 18 litros contendo substrato apropriado, organizados em casa de vegetação. As plantas foram analisadas quanto a 17 variáveis relativas ao número, tamanho, peso total e peso médio de frutos e de sementes, bem como o peso total e médio do arilo das sementes, durante um ciclo completo de produção. Estimaram-se coeficientes de correlação entre as variáveis, e para cada uma delas, via REML, estimaram-se parâmetros descritivos, variâncias, repetibilidades e acurárias. Os valores fenotípicos e o ranqueamento dos genótipos foram obtidos via Blup. Estes valores foram submetidos a análise de PCA. Modelos de regressão foram ajustados para os melhores genótipos considerando o número de frutos por planta (NFP). Em suma, os coeficientes de repetibilidade estimados foram classificados como baixos para a maioria das variáveis. A variável NFP foi a mais promissora para ganhos genéticos, já que ela apresentou uma das maiores correlações com a produção total (= frutos + sementes + arilo), aliado a sua

estimativa de repetibilidade individual ($r = 0,47$). Esta estimativa (r) é razoável para culturas ainda não melhoradas e para variáveis altamente quantitativas. Verificou-se uma correlação baixa entre a produção de frutos e o tamanho dos frutos. Porém, foi possível identificar genótipos produtivos contendo frutos maiores. Este foi o caso dos genótipos UFRRJ MSC028 e UFRRJ MSC087. Vale ressaltar que, o genótipo mais produtivo produziu 146 frutos, e o menos produtivo, apenas quatro frutos. Os genótipos mais bem ranqueados para a produção de frutos, via Blup-PCA, foram: UFRRJ MSC028, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC044, UFRRJ MSC053, UFRRJ MSC072 e UFRRJ MSC087. O comportamento da variável NFP dos genótipos em destaque se ajustou ao modelo cúbico de regressão. Porém, a depender do genótipo, os pontos de inflexão das curvas (picos de produção) ocorreram em momentos distintos no ciclo de produção. Os genótipos mencionados anteriormente foram elencados como potenciais progenitores femininos no programa de melhoramento do melão-de-são-caetano na UFRRJ.

Palavras-chave: Modelos mistos. Parâmetros genéticos. Plantas medicinais. Melhoramento de plantas. Blup-PCA.

ABSTRACT

MARQUES, Mayara de Mello. **Estimation of Genetic Parameters by REML/Blup Aiming at Selection of Superior Genotypes of Bitter Gourd (*Momordica charantia*) for Fruit Production.** 2021. 63p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia). Instituto de Agronomia, Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropédica, RJ, 2021.

The bitter gourd (*Momordica charantia*) is a cucurbitaceous, monoecious, diploid, with $2n=2x=22$ chromosomes, known for its hypoglycemic action. Despite its importance, the improvement of the bitter gourd is still in its incipient. Therefore, studies on the inheritance of traits linked to production are in show high importance to know the available germplasm and to seek the best strategies for the selection process of superior genotypes. In this aspect, the estimation of genetic parameters by the Restricted Maximum Likelihood (REML) method, and the estimation of the phenotypic values of the genotypes by the Best Linear Unbiased Predictor (Blup) are important tools for the selection of bitter gourd genotypes with superior agronomic performance. Thus, the objectives of the present work were to know the inheritance of 17 traits linked to fruit production in bitter gourd, as well as to select genotypes with high performance for the production of fruits in the crop. In this work, it was also proposed to associate Blup with PCA (Principal Component Analysis), whose objective was to allow a simultaneous interpretation of the phenotypic values of the genotypes considering all the variables in the same two-dimensional plane. Therefore, 22 bitter gourd genotypes were planted in 18 liter vases containing appropriate substrate, organized in a greenhouse. Plants were analyzed for 17 traits related to number, size, total and average weight of fruits and seeds, as well as total and average seed aril weight, during a completed production cycle. Correlation coefficients between these traits were estimated, and for each of them, by REML, descriptive parameters, variances, repeatability and accuracy were estimated. The phenotypic values and genotype ranking were obtained by Blup. These values were subjected to PCA analysis. Regression models were fitted to the best genotypes, considering the number of fruits per plant (NFP). Summing up, the estimated repeatability coefficients were classified as low for most traits. The trait NFP was the most promising for genetic gains, as it showed one of the highest correlations with total production (= fruits + seeds + aril), combined with its estimate of individual repeatability ($r = 0.47$). This estimate (r) is reasonable for unimproved crops and for highly quantitative traits. It was verified a low correlation between

fruit yield and fruit size. However, it was possible to identify productive genotypes containing larger fruits. This was the case for the UFRRJ MSC028 and UFRRJ MSC087 genotypes. It is noteworthy that the most productive genotype produced 146 fruits, and the least productive, only four fruits. The best ranked genotypes for fruit production, by Blup-PCA, were: UFRRJ MSC028, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC044, UFRRJ MSC053, UFRRJ MSC072 and UFRRJ MSC087. The behavior of the NFP variable of the highlighted genotypes fit the cubic regression model. However, depending on the genotype, the inflection points of the curves (production peaks) occurred at different times in the production cycle. The genotypes mentioned above were listed as potential female parents in the bitter gourd breeding program at UFRRJ.

Keywords: Mixed models. Genetic parameters. Medicinal plants. Plant improvement. Blup-PCA.

SUMÁRIO

1 . INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Importância econômica do melão-de-são-caetano	4
2.2. Aspectos botânicos e morfológicos na família das Cucurbitáceas	6
2.3. Aspectos agronômicos de <i>Momordica charantia</i>	7
2.4. Centros de origem e de diversidade do melão-de-são-caetano	8
2.5. Melhoramento genético na família Cucurbitáceas	10
2.5.1. Recursos genéticos e coleções de germoplasmas em Cucurbitáceas	11
2.5.2. Métodos de melhoramento e estratégias utilizadas	12
2.5.3. Principais objetivos do Melhoramento genético de <i>Momordica charantia</i>	14
6. MATERIAL E MÉTODOS	14
6.1. Local do experimento	14
6.2. Material vegetal e condições experimentais	15
6.3. Características avaliadas, época e frequência das avaliações	17
6.4. Análises estatísticas	19
7. RESULTADOS E DISCUSSÃO	21
7.1. Eficiência do uso das medidas repetidas	27
7.2. Componentes de variância e repetibilidade estimados via REML	32
7.3. Seleção de plantas utilizando PCA baseado em valores fenotípicos permanentes obtidos via Blup	36
8. CONCLUSÕES	44
9. REFERÊNCIAS	46
10. ANEXOS	56
ANEXO I	56
ANEXO II	58
ANEXO III	60
ANEXO IV	62

1 . INTRODUÇÃO

Momordica charantia L. é uma importante espécie pertencente ao gênero *Momordica* e à família *Cucurbitaceae* (GAIKWAD et al., 2008; SANTOS, 2018). É conhecida no Brasil popularmente como Melão-de-são-caetano e em outros idiomas como balsam pear (Inglês) e Karella (Hindi) (SANTOS, 2018; TAN et al., 2016). É uma espécie diploide com $2n = 2x = 22$ cromossomos (BHARATHI et al., 2011). Estudos apontam a Índia como centro de origem, onde podemos encontrar a sua forma silvestre (BEHERA et al., 2010; GAIKWAD et al., 2008; RAHMAN, 2015). O melão-de-são-caetano possui hábito de crescimento volúvel, as plantas são herbáceas com caule ramificado, suas folhas são lobuladas e pilosas. Nas axilas das folhas podem ser encontradas as flores, solitárias, amarelas, unisexuais e ambos os sexos podem ser encontrados na mesma planta, isto é, são plantas monóicas (LENZI et al., 2005; CELOTO, 2005; ASSIS et al., 2015). A principal diferença morfológica entre as variedades conhecidas está em seu fruto, por ser a parte da planta mais variável morfologicamente, variando desde o tamanho até a textura da casca (BEHERA et al., 2010).

O Melão-de-são-caetano chegou ao Brasil através do comércio de escravos na África e na América Central (BEHERA et al., 2010). Hoje pode ser encontrado no Nordeste e no Sudeste, explorado de diversas formas e funções nas diferentes regiões. É uma cultura com relevante importância na culinária e na medicina popular, nesta última categoria é utilizada no auxílio ao tratamento de diversas enfermidades, com destaque para sua ação hipoglicêmica, que se deve à presença de charantina, vicina e polipeptídeos-P, presentes em toda planta e em maior concentração nos frutos (SANTOS, 2018; BEHERA et al., 2010). A produção mundial estimada é de 35,3 t/ha, sendo a Índia o principal produtor (MALI et al., 2017).

Por ser uma espécie monóica, ocorrem altas taxas de polinização cruzada, promovendo um complexo modo de herança genética (GOSH et al., 2015). Além disso é um a cultura considerada não domesticada, evidenciada pela ausência da Síndrome de Domesticação, o que faz com que a variabilidade existente entre os genótipos de Melão-de-são-caetano seja expressiva (PICKERSGILL, 2007).

A complexidade da base genética e os efeitos ambientais tornam o processo de seleção e ganho genético complexo do ponto de vista estatístico (FERREIRA, 2009). Diversas culturas têm sido estudadas por meio de modelos mistos utilizando o Método de Máxima Verossimilhança Restrita / Melhor Preditor Linear Não Viesado (*Restricted*

Maximum Likelihood / Best Linear Unbiased Predictor - REML/Blup), pois permite que os genótipos sejam selecionados não só pela produção, como também pela estabilidade e a adaptabilidade destes permitindo maior precisão na estimação e predição de parâmetros genéticos (CARVALHO et al., 2016; CORTES, 2017). A predição de parâmetros genéticos permite estabelecer os critérios de seleção, avaliando e ordenando os genótipos de acordo com a superioridade de um genótipo considerando a característica de interesse para o melhoramento (FERREIRA, 2009).

Um importante parâmetro é a repetibilidade, este expressa a capacidade de um genótipo de repetir seu desempenho num espaço de tempo, o que significa, na agricultura, repetir seu desempenho em diferentes safras ou diferentes épocas de cultivo. Assim é possível distinguir se as variações decorrentes de medidas simples são permanentes ou não e se são provenientes dos efeitos ambientais ou genotípicos. Este parâmetro é fundamental na seleção de plantas em programas de melhoramento, pois permite determinar com precisão e confiabilidade o número de amostras necessárias para que os genótipos superiores mantenham a sua superioridade por muitas gerações (CORTES, 2017).

A utilização de modelos mistos que não necessitam de delineamentos estatísticos para obtenção de parâmetros como a repetibilidade e a identificação de genótipos superiores com base nos seus valores fenotípicos é uma excelente estratégia para análise de genótipos em coleções de germoplasmas, uma vez que nem sempre há possibilidade ou necessidade de se manter os genótipos em um desenho experimental no campo. Neste sentido, o uso do REML/Blup para análise dos genótipos de melão-de-são-caetano no presente trabalho se constitui em uma estratégia muito adequada e de alta confiabilidade para obtenção de resultados e informações a serem utilizadas no programa de melhoramento da cultura. Além disso a metodologia REML/Blup permite flexibilidade nas análises, contornando as dificuldades do desbalanceamento experimental.

Como hipóteses científicas podem ser elencadas as seguintes:

- i) haverá diversidade genética suficiente entre os genótipos de melão-de-são-caetano analisados a fim de que se possa identificar genitores com alta performance agronômica para a produção de frutos;

- ii) as magnitudes das estimativas de acurácia (Ac) obtidas no método de Máxima Verossimilhança Restrita (REML) permitirão o uso desta metodologia para a obtenção dos parâmetros genéticos no presente trabalho;
- iii) A proposição e o uso do Blup-PCA se constituirá em uma metodologia eficiente em termos estatísticos para ser utilizada como ferramenta no processo de seleção das plantas no presente trabalho;
- iv) Será possível conciliar alta produção de frutos com o aumento do tamanho dos frutos nos genótipos selecionados.

O presente trabalho teve como objetivo geral analisar durante um ciclo completo de produção (setembro de 2019 a janeiro de 2020), 22 diferentes genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*) quanto a 17 variáveis ligadas diretamente a produção, cultivados em vasos de 18 litros organizados em casa de vegetação localizada no município de Seropédica, RJ.

Como objetivos específicos, foram elaborados os seguintes:

- i) conhecer a variância e os coeficientes de repetibilidade da média das variáveis analisadas, utilizando-se para tal a metodologia de modelos mistos via Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML). De posse destas informações, pretendeu-se também apontar as variáveis com repetibilidade adequada para serem utilizadas no processo de seleção de genótipos;
- ii) obter os valores fenotípicos dos genótipos para todas as variáveis, utilizando-se a metodologia do Melhor Preditor Linear Não-Viesado (Blup);
- iii) propor uma estratégia via análise dos componentes principais (Principal Component Analysis - PCA) que permita a identificação dos genótipos quanto a sua performance fenotípica conhecidas análises do Blup, mas que considere simultaneamente na análise todas as variáveis;

iv) conhecer os modelos de regressão que explicam o comportamento dos genótipos quanto a produção de frutos, que serão elencados com base nos resultados da seleção Blup-PCA;

v) selecionar genótipos para alta capacidade de produção de frutos a serem utilizados como progenitores femininos a fim de se dar prosseguimento ao programa de melhoramento do melão-de-são-caetano no âmbito do Laboratório de Citogenética e Biologia Molecular de Plantas do Departamento de Fitotecnia da UFRRJ.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Importância econômica do melão-de-são-caetano

A família das cucurbitáceas está entre as principais produtoras de alimento, fibras e fitoterápicos (LENZI et al., 2005). *Momordica charantia* (Melão-de-são-caetano) é um importante representante desta família, podendo ser explorado de diversas formas e com diversas finalidades (BEHERA et al., 2010). Em alguns países na África e na Ásia, é usado como tempero, cozido, recheado, em conserva, entre outras formas. Seu potencial nutritivo o coloca em destaque entre as espécies de sua família (BEHERA et al., 2010). Vale destacar que, no Brasil, o melão-de-são-caetano é considerado uma espécie para uso como fitoterápico (RDC/Anvisa nº 10 de 09/03/2010) (BRASIL, 2010). Tradicionalmente o melão-de-são-caetano é usado na medicina para controle e tratamento de diversas doenças (VIRDI et al., 2003). Seus frutos são ricos em proteínas e vitamina C e quando maduros são ricos e vitamina A (RAHMAN, 2015).

Na agricultura o melão-de-são-caetano mostra-se com potencial no controle de pragas e doenças. Faria et al. (2009) detectaram em seu trabalho a ação fungitóxica de *Momordica charantia* no controle do fungo causador da podridão do colo (*Sclerotium rolfsii*), com capacidade de controle de 100% dos escleródios, além de potencial redução da incidência de severidade da doença em até 74%. Outros autores identificaram a eficiência do uso de Melão-de-são-caetano no controle de outras doenças e pragas, tais como: podridão peduncular na cultura da manga, antracnose na cultura da bananeira, no controle de *Spodoptera litura* no feijoeiro, pulgão (*Aphis craccivora*), *Meloidogyne incognita*, *Colletotrichum gloeosporioides* no mamoeiro, *Alternaria alternata* e

Fusarium solani no girassol, por exemplo (CELOTO et al., 2005; FARIA et al., 2009; LINS et al., 2011).

Na Índia, o melão-de-são-caetano é usado ainda no controle de diversas doenças, inclusive da diabetes (XU et al., 2015; GROVER e YADAV, 2004). Todas as partes da planta possuem atividade hipoglicêmica, apresentando três componentes que juntos geram esta ação: vicina, charantina e polipeptídeo-P (GROVER e YADAV, 2004; BEHERA, et al., 2010). A charantina é um tipo de glicosídico semelhante à insulina, resultante da junção de dois outros compostos (β -sitosterol-glicosídeo e 5,25-estigmasteril-glicosídeo) e é encontrado na polpa e nas sementes. É onde também encontramos o polipeptídeo-P. Já a vicina é um alcaloide que é encontrado principalmente nas sementes (TAN et al., 2016). Também há no arilo um tecido mucilaginoso que reveste as sementes, uma fonte natural de licopeno, um importante carotenoide que atua como antioxidante podendo prevenir ou retardar doenças crônicas como a diabetes (FREDA, et al., 2018).

Welihinda et al. (1982) e Ayoub et al. (2007) afirmaram que em seus estudos com ratos diabéticos, o uso de extrato aquoso de melão-de-são-caetano estimulou a produção de insulina pelas células β das ilhotas de Langehrans devido a efeitos diretos sobre a camada lipídica da membrana das células. Ayoub et al. (2007) observaram ainda uma melhora nos níveis de colesterol, triglicerídeos, e melhora no quadro clínico (poliúra, polidipsia, polifagia e perda de peso). Também houve regeneração e reparo nas células β pancreáticas pela ação do extrato aquoso, o que provocou uma melhora na arquitetura do pâncreas (AYOUB et al., 2007). A reposição das células β pancreáticas é fundamental no tratamento da diabetes uma vez que estas células são produtoras de insulina e permitem o controle da flutuação da glicose e consequentemente do estresse oxidativo dos tecidos (NURDIANA, et al., 2017). O uso do melão-de-são-caetano também pode promover melhorias na captação de glicose pelo fígado, pois estimula a ação da glicose-6-fosfato desidrogenase e reduz, concomitantemente, a ação da glicose-6-fosfatase. Tais informações revelam que o melão-de-são-caetano possui, além da ação hipoglicêmica, hipolipidêmica, hepatoprotetor, insulino mimético e secretor de insulina (AYOUB, et al., 2007).

Mesmo diante destas evidências, ainda não há autorização no Brasil dos órgãos regulamentadores para uso oral do melão-de-são-caetano. Segundo a RDC/Anvisa nº 10 de 09/03/2010 (BRASIL, 2010), a espécie em questão é autorizada apenas para uso tópico no controle de dermatites (irritações na pele) e escabiose (sarna). Segundo esta resolução

as folhas, os frutos e as sementes devem submetidos a decocção e aplicadas no local afetado. No Brasil, até o momento, a produção de medicamentos fitoterápicos a partir de melão-de-são-caetano é inexistente.

2.2. Aspectos botânicos e morfológicos na família das Cucubitáceas

A família *Cucurbitaceae* agrupa 130 gêneros e 900 espécies. As espécies representantes desta família são plantas herbáceas, com hábito de crescimento volúvel, muito diversas morfologicamente para as demais características. Seus frutos podem ser globulares, oblongos, alongados, do tipo baga ou cápsula, com cores variando do branco ao vermelho, podendo ou não ter coloração secundária, sendo também de textura variada. Quanto às folhas, são dispostas alternadamente, são palmadas, podendo ser compostas ou apenas lobadas, contendo gavinhas nas axilas. As flores são unissexuais e raramente podem ser hermafroditas, com uma gama diversa de expressões sexuais, podendo ser monoicas, dioicas ou andromonoicas. O número cromossômico também é bastante variável, variando de $n=7$ a $n=20$, sendo raramente poliploides (BARBOSA, 2018).

O melão-de-são-caetano é um típico representante desta família, com hábito de crescimento trepador, o que o inclui no grupo de plantas utilizadas como cerca-viva em algumas regiões do Brasil (LENZI et al., 2005). As plantas são herbáceas, com caule ramificado, pubescente, de coloração verde e de crescimento rápido. (CELOTO, 2005; RAHMAN, 2015).

Suas folhas apresentam, em média, quatro a 12 centímetros de comprimento, são pilosas e lobuladas, com cinco a sete lóbulos ovalado oblongos bem definidos (CELOTO, 2005; RAHMAN, 2015). As folhas são dispostas de forma alterna, são pecioladas, membranáceas e com as bordas dentadas (RODRIGUES et al., 2017; CELOTO, 2005).

Nas axilas das folhas podem ser encontradas as flores, solitárias e amarelas (CELOTO, 2005). Estas são unissexuais e ambos os性es podem ser encontrados na mesma planta, isto é, são plantas monoicas (ASSIS et al., 2015). As flores são incompletas (flor masculina ou flor feminina), actinomofas, apopétalas e pentámeras. As flores femininas são epígeas, pois possuem o ovário ínfero com a aparência de pequenos frutos. A presença do ovário permite que esta seja a principal diferença visual entre os sexos florais. As plantas produzem um número maior de flores masculinas se comparado com o número de flores femininas. Com base em observações práticas, na sua primeira floração, as plantas de melão-de-são-caetano emitem, primeiramente, flores masculinas. Tal fato foi observado no período de maio de 2019 a janeiro de 2021, período de duração

deste experimento, no município de Seropédica/RJ. Porém, pesquisas adicionais são necessárias para se confirmar essa afirmação. A polinização é uma parte importante para a reprodução desta espécie, que se reproduz preferencialmente por sementes. Suas flores declinas a tornam dependentes de transportadores de pólen, sendo assim, a polinização manual é uma boa alternativa para a produção de sementes em boa quantidade e qualidade (LENZI et al., 2005).

Os frutos são verdes quando imaturos, e alaranjados quando maduros. Em sua maioria, são oblongos e com sabor amargo. São frutos descentes, ou seja, quando maduros se abrem e expõe as sementes envolvidas por um arilo mucilaginoso vermelho.

2.3. Aspectos agronômicos de *Momordica charantia*

O melão-de-são-caetano é cultivado em várias regiões do mundo, sendo mais adaptado ao clima tropical e ao subtropical. A média mundial de produção é de 35,3 t/ha (MALI et al., 2017). A temperatura ótima para o crescimento inicial situa-se entre 25° a 30°C, tendo seu crescimento prejudicado em temperaturas abaixo de 25°. Nas regiões subtropicais, o melão-de-são-caetano é cultivado nas estações chuvosas, já nas regiões tropicais há produção durante todo o ano (BEHERA et al., 2010).

É propagado via sementes, e estas podem ser semeadas diretamente no campo de cultivo ou em sementeiras com posterior transplantio (BEHERA et al., 2010). Segundo Santana et al. (2013) a germinação de sementes ocorre em quatro dias, sob temperatura entre 25° e 30°C. Em temperaturas abaixo de 25°C e acima de 30°C a porcentagem de germinação é reduzida e o tempo de germinação aumentado, podendo levar até sete dias para germinação. Já em temperaturas abaixo de 15°C e acima de 40°C pode não haver germinação. A densidade varia com a cultivar plantada, podendo abrigar entre 6.500 plantas/ha e 11.000 plantas/ha (REYES et al., 1994). Recomenda-se um espaçamento de 1 a 3m entre as linhas por 0,5m entre plantas.

As espécies do gênero *Momordica* apresentam similaridades nos cuidados com o cultivo. O pH do solo ótimo está entre 6,0 e 6,7. Como para a maioria das cucurbitáceas, o manejo de plantas daninhas em fase inicial de cultivo é essencial seja por controle tradicional ou com o uso do mulching. Heidari e Mohammad (2012), estudando a dose e o momento da adubação nitrogenada em um solo franco-arenoso no Irã, afirmaram que a dosagem de 150 kg de nitrogênio por hectare era a recomendada, divididos em três partes, a primeira aplicada quando a planta tinha 3 a 4 folhas, a segunda no início da floração e a última após o início da produção de frutos. Naorem e Dakho (2019) estudaram

combinações de doses de fósforo (P_2O_5) e potássio (K_2O), em Tamil Nadu na Índia, e a dose mais adequada foi a dose de 90 kg de P_2O_5 e 80 kg de K_2O . O Centro Asiático de Pesquisa e Desenvolvimento de Vegetais (*Asian Vegetable Research and Development Centre – AVRDC*) recomenda para solos arenosos a aplicação em dose única de 184,0 kg de N, 112,0 kg de P_2O_5 e 124,0 kg de K_2O . O melão-de-são-caetano não tolera seca e a irrigação deve ser realizada semanalmente a partir da semeadura, mantendo sempre os primeiros 50 cm de solo com umidade apropriada (BEHERA, et al., 2010).

Em relação a ocorrência de pragas em melão-de-são-caetano, há registros da ocorrência de mosca-da-fruta (*Dacus cucurbitae*), besouro-vermelho-da-abóbora (*Aulacophora foveicollis*) e pulgão (*Aphis gossypii*). Já em relação a doenças, tem-se na literatura relatos sobre a murcha-do-fusarium (*Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*), antracnose (*Colletotrichum* spp.), oídio (*Sphaerotheca fuliginea*) e míldio (*Pseudoperonospora cubensis*), além da ocorrência de alguns vírus como o *Potyvirus Watermelon Mosaic Virus* (WMV), o vírus do mosaico da mancha verde do pepino (CGMMV) e o vírus do mosaico amarelo do melão amargo (BGYMV) (BEHERA, et al., 2010).

2.4. Centros de origem e de diversidade do melão-de-são-caetano

O conceito de centro de origem foi definido, inicialmente, por Nicolay Ivanovich Vavilov, como as regiões onde se encontravam a máxima diversidade genética do ancestral de uma determinada espécie (AMORIM, 2019). Vavilov definiu oito principais centros de origem das espécies cultivadas: o centro Asiático, o centro Indiano, o centro Interasiático, o centro Caucásico, o centro Mediterrâneo, o centro Abissínio, o centro da América Central e o centro Andino (HARLAN, 1971; HUMMER e HANCOCK, 2015). Mais tarde, com o avanço dos estudos, Zhukovsky (1965) e Zeven e Zhukovsky (1975), acrescentaram mais alguns centros aos já existentes, e propuseram os 12 megacentros de diversidade (AMORIM, 2019).

Harlan (1975) questionou o conceito de centro de origem vigente e afirmou que haviam algumas complexidades não discutidas. Segundo este pesquisador algumas culturas não eram originárias de nenhum dos centros de origem de Vavilov. Outro fato não considerado era que algumas culturas são derivadas de áreas limitadas enquanto outras culturas são amplamente dispersas, como se fossem originárias de várias partes do mundo. Para Harlan isto se devia à exploração da agricultura ao longo do tempo, o que pode ter provocado o aparente desaparecimento de alguns centros de origem e o

surgimento de novos centros. A partir de então, passou-se a considerar que a definição do centro de origem é gradual e abrange, além do padrão geográfico de variação genética, o período de dispersão da espécie em função da atividade humana.

O cultivo contínuo de uma determinada espécie motivado pelo interesse do homem por esta espécie, aliado a dinâmica biológica na região de cultivo (hibridização, segregação e seleção), deram origem aos centros de diversidade (HARLAN, 1975). Estas são regiões isoladas, que apresentam grande diversidade de uma dada espécie, com uma ampla representação dos gêneros e famílias desta, porém em menor frequência que nos centros de origem (AMORIM, 2019).

Atualmente, considerando todas as questões supracitadas, pode-se definir como centro de origem a região geográfica onde o ancestral silvestre de uma espécie pode ser encontrado em seu estado nativo. Já os centros de diversidade são regiões onde se encontram um número elevado de representantes de uma espécie, de um gênero ou de uma família (REIS, 2013).

Segundo Hummer e Hancock (2015), as abóboras são originárias do centro vaviloviano conhecido como o centro da América Central. Whitaker (1933) afirmou que, além deste centro, as cucurbitáceas podem ter se originado da África tropical, do sul do México, e do centro asiático de origem. A família é subdividida em 7 gêneros (*Cucurbita*, *Cucumis*, *Luffa*, *Citrullus*, *Trichosanthes*, *Cocciniae* e *Momordica*), distribuídos predominantemente em regiões tropicais, tais como: África e Madagascar, América Central e do Sul, sudeste Asiático e Malásia (AVINASH e RAI, 2017).

O gênero *Momordica* abriga 45 espécies, destas 30 estão distribuídas na região tropical da África, sendo esta uma região considerada como centro de diversidade do gênero. Outra região também considerada como centro de diversidade é a região indomalaia, onde são encontradas diversas espécies representantes do gênero (SINGH, 2019).

O centro de origem para o melão-de-são-caetano ainda não está claramente definido, porém, a Índia é tida como seu centro de origem, pois os textos religiosos dos povos Indo-arianos faziam menção do cultivo do Melão-de-são-caetano (BEHERA et al., 2010; GAIKWAD et al.; 2008). Além disso, estudos moleculares confirmam esta hipótese, considerando o leste da Índia (Orissa, Bengala Ocidental, Assam, Jharkhand e Biharo) como centro de origem de *Momordica charantia* (BEHERA et al., 2010). É na Índia que encontramos a variedade silvestre de Melão-de-São-Caetano (*Momordica charantia* var *muricata*). A Índia também é tida como centro de diversidade da cultura (RAHMAN, 2015).

São citados como centros de diversidade genética a China, o Sul da Ásia e a África (SANTOS, 2018). O Melão-de-são-caetano chegou ao Brasil através do comércio de escravos na África e na América Central (BEHERA et al., 2010). Hoje pode ser encontrado principalmente no Nordeste e no Sudeste, permitindo que o Brasil seja também considerado um centro de diversidade (SANTOS, 2018).

2.5. Melhoramento genético na família Cucurbitáceas

A família *Cucurbitaceae* é uma das primeiras famílias exploradas pelo homem. Nesta família explorava-se frutos, sementes comestíveis, sementes oleaginosas, forragem e fibras (ESQUINAS-ALGAZAR e GULICK, 1983). A domesticação das espécies da família das cucurbitáceas foi no sentido de selecionar genótipos que apresentassem frutos maiores, menos amargos, com sementes maiores e em menor quantidade (SHAFIIN et al., 2020).

As cucurbitáceas apresentam propriedades nutricionais variadas. A maior contribuição nutricional desta família se dá pela presença de vitaminas e minerais, principalmente vitamina A e C (ESQUINAS-ALGAZAR e GULICK, 1983). Algumas espécies desta família possuem também propriedades medicinais. Logo, o melhoramento destas espécies tem buscado o aumento no conteúdo nutricional, das propriedades medicinais, associado ao aumento na produtividade, à tolerância a doenças e à tolerância a estresses ambientais (SHAFIIN et al., 2020).

Quanto ao seu sistema reprodutivo, a família em questão apresenta uma ampla variação. Algumas espécies são andromonóicas, apresentando flores hermafroditas e flores estaminadas numa mesma planta, e outras podem ser ainda ginóicas, apresentando plantas apenas com flores femininas. Porém, a maioria das espécies de curcubitáceas é monoica, apresentando plantas com flores unisexuais, ou seja, flores masculinas e flores femininas separadas espacialmente na mesma planta (SHAFIIN et al., 2020).

A depressão por endogamia ainda é uma questão a ser elucidada em cucurbitáceas. Há registros que mostram que houve uma perda de vigor híbrido ao longo das gerações de autofecundação em cucurbitáceas, no entanto alguns autores afirmam que as cucurbitáceas não são profundamente afetadas pela depressão por endogamia (CARDOSO, 2004, FERREIRA, 2000, GODOY et al., 2006).

2.5.1. Recursos genéticos e coleções de germoplasmas em Cucurbitáceas

Os recursos genéticos de uma espécie cultivada compreendem suas variedades tradicionais, variedades melhoradas e linhagens avançadas, que são a fração da biodiversidade com potencial de uso imediato ou futuro (RIBEIRO, 2013; VALDUGA, 2017). Os recursos genéticos comportam a soma de todas as combinações de alelos de uma espécie, ou seja, a diversidade genética desta (REIS, 2013; RIBEIRO, 2013).

Segundo Nass et al. (2012), os recursos genéticos vegetais são o pilar da segurança alimentar e da energia global. Logo a perda da diversidade genética devido ao uso dos recursos genéticos sem conhecimento da dinâmica da herança genética pode causar graves problemas à sociedade. Sendo assim, é de extrema importância que estes recursos sejam devidamente conservados, evitando a erosão genética, e caracterizados para uso no melhoramento genético.

Os centros de origem de uma espécie cultivada eram considerados como fontes de diversidade ilimitada desta espécie. No entanto, a exploração agrícola ameaçou a disponibilidade de variedades silvestres e comprometeram a disponibilidade de variabilidade genética de muitas espécies. Neste cenário surgiram as coleções ou bancos de germoplasma (NASS et al., 2012). As coleções de germoplasma têm como objetivo reunir os acessos ou entradas de espécies para fins de conservação, caracterização e avaliação dos recursos genéticos que poderão ser utilizados em pesquisas com fins agrícolas (REIS, 2013; PRIORI et al., 2010). As coleções de germoplasma podem ser: coleção de base, coleção ativa, coleção nuclear e coleção de trabalho (REIS, 2013). A coleção de base é vista como a coleção de segurança, pois conserva, a longo prazo, a maior variabilidade genética possível da espécie de interesse, podendo conter acessos duplicados e estes não se destinam ao intercâmbio. A coleção ativa é uma variação da coleção de base, pois também armazena o máximo de variabilidade possível, porém os acessos são disponibilizados para pesquisas (MARTINS NETO, 2010). A coleção nuclear reúne a maior variabilidade possível na menor amostra possível, isto acontece porque na coleção nuclear são detectadas e removidas as duplicatas, mantendo na coleção os acessos de acordo com as prioridades de avaliação e caracterização. Por fim, a coleção de trabalho, conhecida como a coleção do melhorista, destina-se à conservação a curto prazo das espécies com o objetivo de fornecer material para o melhorista ou grupo de pesquisa (REIS, 2013).

A família *Cucurbitaceae* engloba 825 espécies agrupadas em 118 gêneros. As espécies desta família são cultivadas há anos no Brasil e selecionadas por agricultores.

Isto resultou em seleção de genótipos adaptados a regiões específicas (PRIORI et al., 2010). Os gêneros mais cultivados no Brasil são *Cucurbita*, *Cucumis*, *Citrullus*, *Lagenaria*, *Luffa*, *Sechium*, *Sicana* e *Momordica* (SANTOS, 2018). A coleção de germoplasma mais antiga desta família é o Banco de Germoplasmade Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa, onde 15,7% dos 6.559 acessos ali conservados são cucurbitáceas (QUEIROZ, 2004, SILVA et al., 2001). A Embrapa Hortaliças foi a segunda instituição a formar uma coleção de germoplasma para cucurbitáceas (QUEIROZ, 2004). A Embrapa Semiárido também mantém uma coleção ativa de germoplasma onde são conservados mais de 1500 acessos que são estudados quanto à variabilidade genética existente e caracterizados quanto ao seu potencial nos programas de melhoramento (BORGES et al., 2011).

A coleção de germoplasma da Embrapa Clima Temperado conta com 640 acessos que são variedades locais do sul do Brasil, incluindo o melão-de-são-caetano, cujas sementes foram doadas por agricultores locais ou compradas em feiras ou mercados locais. O objetivo desta coleção de germoplasma é conservar os recursos genéticos das variedades cultivadas na região Sul do Brasil (PRIORI et al., 2018).

Uma das coleções de germoplasma mais recentes é a coleção de germoplasma da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, uma coleção ativa que conserva acessos de melão-de-são-caetano que estão submetidos ao Programa de Melhoramento da espécie com fins medicinais.

2.5.2. Métodos de melhoramento e estratégias utilizadas

O método de obtenção de linhagens mais aplicado entre as cucurbitáceas é o método genealógico. Este método apresenta resultados a curto prazo, fixando alelos em poucas gerações de seleção. No entanto, a fixação traz a desvantagem da homozigose prematura de genes que determinam características mais facilmente observáveis e que geralmente não são características quantitativas (CARDOSO, 2007).

Outro método que apresenta bons resultados para a obtenção de linhagens para a produção de híbridos é a seleção recorrente. Este método apresenta a vantagem de atuar também sobre as variáveis quantitativas e com baixa herdabilidade. Além desses métodos, no Brasil também se utilizam como métodos de melhoramento a introdução de cultivares e o retrocruzamentos (CARDOSO, 2004). O retrocruzamento é um método utilizado com frequência para adicionar resistência a doenças às espécies vegetais alvo do melhoramento (ROBINSON, 1999).

Seja qual for o método de seleção, a eficiência de um programa de melhoramento depende do critério de seleção que é a variável ou conjunto de variáveis em que o processo de seleção se baseia. O critério de seleção permite avaliar e ordenar os genótipos de acordo com a sua superioridade em relação a outros e depende de informações sobre parâmetros genéticos e fenotípicos (FERREIRA, 2009).

O coeficiente de repetibilidade é um parâmetro genético que expressa a capacidade de um indivíduo repetir seu desempenho após avaliações sucessivas, sendo assim este coeficiente permite estimar valores genotípicos e identificar a superioridade de algumas cultivares sobre outras, fator este importante no lançamento de novas cultivares (OLIVEIRA, 2017). A repetibilidade pode ser equivalente à herdabilidade em seu valor máximo, o que o torna um importante parâmetro genético a ser estimado pela simplicidade no processo, uma vez que não exige cruzamentos controlados ou estudos de progêneres (VASCONCELLOS et al., 1985).

Ainda não se pôde encontrar estudos de repetibilidade relacionados ao cultivo do melão-de-são-caetano, porém este parâmetro tem sido amplamente utilizado em espécies cujo interesse produtivo encontra-se na produção de frutos. Cortes (2017) estimou a repetibilidade em mamoeiro para número de frutos viáveis, número de frutos deformados, produção por planta (em kg), massa média do fruto, comprimento e diâmetro de fruto, espessura de polpa, teor de sólidos solúveis, entre outras variáveis não referentes a fruto. Costa (2003) estimou a repetibilidade para número total de frutos por planta, produção de frutos por planta (em kg) e peso médio do fruto (em g) em mangueira.

Dentre as metodologias utilizadas para a estimação da repetibilidade está a metodologia REML/Blup (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Preditor Linear Não-Viesado). Esta metodologia, conhecida como metodologia do modelo misto, apresenta efeitos fixos e aleatórios e o erro experimental, sendo os efeitos fixos os considerados efeitos ambientais (bloco, ano, local) e os efeitos dos genótipos e a interação genótipo *versus* ambiente considerados aleatórios (FERREIRA, 2009; CORTES, 2017).

A metodologia REML permite estimar parâmetros não tendenciosos e se destaca por sua eficiência nas condições experimentais, ou seja, mesmo com fortes efeitos ambientais esta metodologia permite a seleção de genótipos superiores de forma eficaz (CARVALHO et al., 2016). É um método que pode ser utilizado em dados desbalanceados ou experimentos ortogonais, permitindo comparar os genótipos ao longo do tempo e/ou do espaço. Permite estudar dados com estrutura complexa, além de estimar

valores genéticos e componentes de variância com a devida correção para os efeitos ambientais (CORTES, 2017).

A metodologia Blup permite estimar os valores genéticos e genotípicos, que são utilizados para avaliar e ordenar os genótipos de forma precisa, de modo a maximizar os ganhos genéticos. É o procedimento ideal para seleção com base em efeitos aditivos, de dominância e genotípicos (RESENDE, 2016). O Blup utiliza todos os efeitos do modelo estatístico, considera o desbalanceamento, o parentesco genético dos acessos e a coincidência entre unidade de seleção e unidade de recombinação (CORTES, 2017).

2.5.3. Principais objetivos do Melhoramento genético de *Momordica charantia*

O melão-de-são-caetano é uma boa fonte de carboidratos, proteínas, vitaminas e minerais, destacando-se como uma das espécies mais nutritivas entre as cucurbitáceas. Em países asiáticos, o melão-de-são-caetano é consumido em refeições de diversas maneiras (BEHERA, 2010). Por isso, busca-se em programas de melhoramento cultivares com frutos verdes, com tamanho entre 20 e 25cm, pois este é o padrão internacional de exportação. Além disso as cultivares devem possuir alto teor de vitaminas e minerais. No campo as plantas precisam ser resistentes a doenças e a pragas e tolerantes a estresses abióticos. Os frutos devem apresentar maturação tardia e não serem amargos (BEHERA et al., 2011).

O melão-de-são-caetano é utilizado na medicina popular por séculos, logo, os programas de melhoramento devem visar aumentar o conteúdo de proteínas, como a charantina que possui ação hipoglicemiante, o conteúdo de polipeptídeos, glicoalcalóides, compostos fenólicos e as propriedades antioxidantes (BEHERA et al., 2010; BEHERA, et al., 2011).

6. MATERIAL E MÉTODOS

6.1. Local do experimento

O experimento foi conduzido na casa de vegetação do Jardim Botânico da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), em Seropédica, RJ ($22^{\circ}45'S$; $43^{\circ}4'N$). Todas as análises foram realizadas no Laboratório de Recursos Genéticos Vegetais Prof. Élson Viégas, e as análises estatísticas realizadas no âmbito do Laboratório de Citogenética e Biologia Molecular de Plantas (LCBMP), ambos pertencentes ao Departamento de Fitotecnia do Instituto de Agronomia da UFRRJ.

6.2. Material vegetal e condições experimentais

Ao todo, foram analisados 22 genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*). Todos os genótipos analisados pertencem a Coleção de Germoplasma de Melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*) do Departamento de Fitotecnia. O Quadro 1 mostra os códigos “UFRRJ MSC” de cada um dos genótipos analisado, sua respectiva classificação quanto ao tamanho dos frutos e a data do início do florescimento de cada genótipo.

Quadro 1. Genótipos pertencentes a Coleção de Germoplasma de Melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*) do Departamento de Fitotecnia da UFRRJ, com as suas respectivas procedências, classificação quanto ao tamanho do fruto e data do início do florescimento.

Genótipo	Procedência	*Tamanho do fruto	Início do Florestamento
UFRRJ MSC002	Seropédica/RJ	Pequeno	28/08/2019
UFRRJ MSC005	Recife/PE	Pequeno	30/08/2019
UFRRJ MSC014	Seropédica/RJ	Pequeno	21/08/2019
UFRRJ MSC018	Bom Jesus do Itabapoana/RJ	Pequeno	05/09/2019
UFRRJ MSC022	Seropédica/RJ (Floresta)	Pequeno	29/08/2019
UFRRJ MSC027	Lavras/MG	Pequeno	15/08/2019
UFRRJ MSC028	Lavras/MG	Intermediário	13/08/2019
UFRRJ MSC035	Ribeirão Preto/SP	Grande	27/07/2019
UFRRJ MSC042	Mandaguaçu/PR	Pequeno	02/09/2019
UFRRJ MSC044	Mandaguaçu/PR	Pequeno	04/09/2019
UFRRJ MSC046	São Paulo/SP	Intermediário	31/08/2019
UFRRJ MSC053	Diamantina/MG	Pequeno	04/09/2019
UFRRJ MSC055	Diamantina/MG	Pequeno	30/08/2019
UFRRJ MSC056	Monte Azul/MG	Pequeno	23/09/2019
UFRRJ MSC059	Paulista/PE	Pequeno	05/09/2019
UFRRJ MSC062	Paulista/PE	Pequeno	05/09/2019
UFRRJ MSC070	Timbó/SC	Grande	25/07/2019
UFRRJ MSC071	Dourado/SP	Pequeno	02/09/2019

UFRRJ MSC072	Dourado/SP	Pequeno	20/08/2019
UFRRJ MSC083	Vargem Alta/ES	Pequeno	05/09/2019
UFRRJ MSC086	Ibiara/PB	Pequeno	06/09/2019
UFRRJ MSC087	Ibiara/PB	Pequeno	29/08/2019

*Os genótipos foram classificados conforme o comprimento de seu maior fruto (em cm). Frutos pequenos: 1,0 a 4,0 cm; frutos médios: 4,1 a 5,0 cm; e frutos grandes: 5,1 a 10,0 cm.

Inicialmente os genótipos foram semeados em bandejas, no dia 31 de maio de 2019, contendo substrato MacPlant. As mudas foram transplantadas no dia 15 de julho de 2019 para vasos de 18 litros. Esses vasos foram enchidos com solo do tipo Chernosolo, com pH 5,47, 4,76 mg/L de Na, 26 mg/L de K, 7 mg/L de P e 2,57% de matéria orgânica, e não foi realizada nenhuma adubação de base. As mudas foram tutoradas, utilizando estacas de tamanhos variados. Para melhorar o apoio das plantas nas estacas foram utilizadas cordas de sisal. Cada vaso continha apenas uma planta (genótipo). Os vasos contendo as plantas foram organizados aleatoriamente em casa de vegetação (Figura 1). O clima da região onde o experimento foi conduzido é classificado como tropical (Aw), caracterizado por verões chuvosos e invernos secos (Köppen, 1948). Os dados climáticos do município de Seropédica /RJ no período da coleta de dados desta pesquisa são apresentados na Figura 2 (INMET, 2021).



Figura 1. Parte da Coleção de Germoplasma de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*) pertencente ao Departamento de Fitotecnia da UFRRJ, mostrando plantas

desenvolvendo em casa de vegetação, com 01 (um) mês (A) e com três meses (B) de idade.

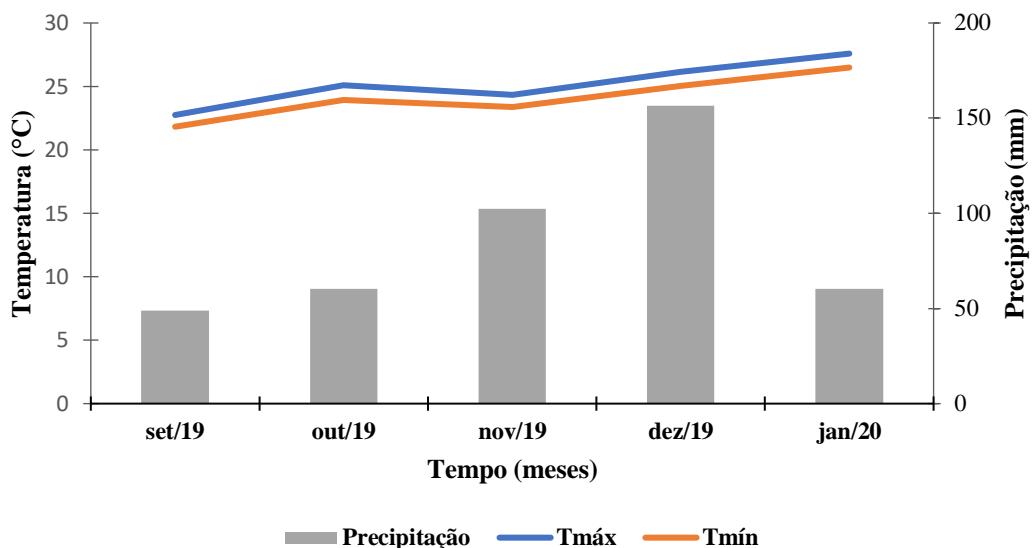


Figura 2. Dados climáticos do município de Seropédica/RJ no período de 15 de setembro de 2019 a 15 de janeiro de 2020.

6.3. Características avaliadas, época e frequência das avaliações

Foram mensuradas 17 variáveis relacionados diretamente a produção de biomassa nas plantas, envolvendo diretamente os frutos, a polpa de frutos, as sementes e o arilo da semente (Quadro 2). Todas as colheitas de frutos foram realizadas diariamente entre setembro de 2019 a janeiro de 2020. Os frutos foram avaliados e os resultados das análises foram organizadas em quatro diferentes épocas. Essas épocas nada mais são do que medidas repetidas ao longo do tempo realizadas em cada um dos 22 genótipos analisados. Cada uma das épocas (repetição) foi constituída de um período de 30 dias. Assim sendo, a coleta de dados total foi construída a partir de 1.320 observações no campo e em laboratório.

Quadro 2. Características avaliadas em 22 genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*) pertencentes a Coleção de Germoplasma do Departamento de Fitotecnia da UFRRJ.

Número de Frutos por Planta (NFP): Os frutos foram colhidos diariamente durante todo o tempo de duração do experimento e os números de frutos observados foram agrupados por genótipos e por época.

Peso Total de Frutos Frescos por Genótipo (PTFf): os frutos foram pesados após serem colhidos e os dados observados foram apresentados em gramas e agrupados em épocas.

Peso Médio de Frutos Frescos por Genótipo (PMFf): dos frutos colhidos foi estimada a média do peso fresco (em gramas) por genótipo, a partir da seguinte equação: $PMFf = PTFqi/NFPqi$, $PTFqi =$ Peso Total de Frutos Frescos por Genótipo na Época i; $NFPqi =$ Número de Frutos por Planta na Época i.

Peso Total de Frutos Secos por Genótipo (PTSf): dos frutos colhidos foram retiradas as sementes para secagem. Os frutos foram secos em estufa de circulação forçada a 45° por 48h. Após a secagem, os frutos foram pesados e os dados observados foram apresentados em gramas e agrupados em Épocas.

Peso Médio de Frutos Secos por Genótipo (PMSf): dos frutos colhidos foi estimada a média do peso seco (em gramas) por genótipo, a partir da seguinte equação: $PMSf = PTSqi/NFPqi$, Onde: $PTSqi =$ Peso Total de Frutos Secos por Genótipo na Época i; $NFPqi =$ Número de Frutos por Planta na Época i.

Comprimento Médio de Frutos (CMF): o comprimento dos frutos foi mensurado através de análise de imagem, utilizando o software ImageJ. Foram observados 10 frutos de cada época e foi obtida a média, em centímetros, destes comprimentos.

Diâmetro Médio de Frutos (DMF): o diâmetro dos frutos foi mensurado através de análise de imagem, utilizando o software ImageJ. Foram observados 10 frutos de cada época e foi obtida a média, em centímetros, destes diâmetros.

Número de Total de Sementes por Genótipo (NTS): os frutos foram colhidos diariamente durante todo o tempo de duração do experimento, as sementes foram removidas dos frutos e contadas. Os números de sementes observados foram agrupados em épocas.

Número médio de sementes por fruto por genótipo (NSF): foi estimada a média do número de sementes por fruto por genótipo, a partir da seguinte equação: $NSF = NTSqi/NFPqi$, onde: $NTSQi =$ Número Total de Sementes por Genótipo na Época i; $NFPqi =$ Número de Frutos por Planta na Época i;

Peso Total de Sementes por Genótipo (PTS): as sementes foram separadas dos frutos e em seguida foram secos em estufa, a $37^{\circ}C$, pelo tempo de 24h. Após a secagem, as sementes foram pesadas e os dados observados foram apresentados em gramas e agrupados em épocas.

Peso Médio de Sementes por Genótipo (PMS): foi estimada a média do peso das sementes (em gramas) por genótipo, a partir da seguinte equação: $PMS = PTSqi/NTSqi$, onde: PTSqi = Peso Total de Sementes por Genótipo na Época i; NTSqi = Número de Frutos por Planta na Época i.

Comprimento Médio de Sementes (CMS): o comprimento das sementes foi mensurado por análise de imagens, utilizando o software ImageJ. Foram observadas 100 sementes de cada época e foi obtida a média em milímetros destes comprimentos.

Diâmetro Médio de Sementes (DMS): o diâmetro das sementes foi mensurado por análise de imagens, utilizando o software ImageJ. Foram observadas 100 sementes de cada época e foi obtida a média em milímetros destes diâmetros.

Espessura Média de Polpa (EMP): a Espessura da polpa foi mensurada utilizando um paquímetro digital. As mensurações foram observadas em 3 pontos de 10 frutos de cada época e foi obtida a média destas espessuras.

Peso Total de Arilo (PTA): o arilo foi seco aderido às sementes, em estufa a 37°C por 24h, em seguida estes foram removidos das sementes e pesados para a obtenção do peso total de arilo por época.

Peso Médio de Arilo (PMA): foi estimada a média do peso de arilo por genótipo, a partir da seguinte equação: $PMA = PTAqi/NSPqi$, onde: NTSqi = Número Total de Sementes por Genótipo na Época i; NTSqi = Número Total de Sementes na Época i.

Produção Total de Frutos (PTO): foi estimada a produção total de frutos por genótipo, a partir da seguinte equação: $PTFs + PTS + PTA$, onde: PTFs = Peso Total de Frutos Secos por Genótipo, PTS = Peso Total de Sementes por Genótipo e PTA = Peso Total de Arilo

6.4. Análises estatísticas

Inicialmente, foram obtidos os valores mínimos e máximos de cada variável, bem como, as médias e os seus respectivos desvio-padrões. Além desses parâmetros, foram também estimados coeficientes de correlação fenotípica (ou correlação de Pearson) entre todas as variáveis aqui obtidas.

Em seguida, todos os dados obtidos foram submetidos a análise de modelos lineares mistos, utilizando-se a metodologia da máxima verossimilhança restrita (REML) e o melhor preditor linear não-viesado (Blup). A metodologia REML tem por finalidade estimar os componentes genéticos de variância. Já o Blup utiliza os resultados do REML

para estimação dos valores genotípicos e, posterior, ranqueamento dos genótipos em relação a cada variável analisada.

As análises REML/Blup foram realizadas no Software SELEGEN REML/Blup (Resende, 2020), utilizando o Modelo Básico de Repetibilidade. Neste caso, considerou-se como repetições as avaliações/mensurações realizadas ao longo das épocas analisadas (medidas repetidas), conforme mencionado no item 3.3. Segue abaixo o detalhamento do referido modelo:

$Y = Xm + Wp + e$, onde:

“Y” é o vetor de dados, “m” é o vetor dos efeitos de medição (assumidos como fixos) somados à média geral, “p” é o vetor dos efeitos permanentes de plantas (efeitos genotípicos + efeitos de ambiente permanente) (assumidos como aleatórios) e “e”, é o vetor de erros ou resíduos (assumidos como aleatórios).

Foram estimados os seguintes parâmetros:

Vpf: Variância fenotípica permanente entre plantas (variância genotípica + variância ambiental permanente)

Vet: Variância de ambiente temporário

Vf: Variância fenotípica individual

$$Vf = Vpf + Vet$$

$r = h^2$: Repetibilidade individual

$$r = \frac{Vpf}{Vpf + Vet}$$

rm: Repetibilidade da média de m colheitas ou medidas repetidas

$$r = \frac{Vpf}{Vpf + Vet/2}$$

Acm: Acurácia da seleção baseada na média de m colheitas ou medidas repetidas

$$Acm = \sqrt{rm}$$

De posse das estimativas dos componentes de variância obtidos no procedimento REML, calculou-se, via melhor preditor linear não-viesado (Blup), os valores genotípicos de cada genótipo analisado (Ver item 3.2) para todas as variáveis estudadas (Ver item 3.3). A partir dos resultados do Blup foram apresentados o ranqueamento dos melhores genótipos para cada variável. O ranqueamento foi baseado nas estimativas do efeito fenotípico permanente (fp) e do valor fenotípico permanente do genótipo ($u + fp$). Foram apresentados o ganho genético do genótipo para a variável, e a nova média, por parcela (quinzena), do genótipo na mesma variável.

A partir dos valores fenotípicos permanentes ($u + fp$) estimados via Blup individual, foi realizada a análise de componentes principais (APC) (do inglês, Principal Component Analysis - PCA) utilizando o Programa R, versão 3.6.1 (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2019). Os genótipos foram então dispersos num plano bidimensional utilizando estimativas dos valores fenotípicos permanentes ($u + fp$) individuais (por genótipo) para cada variável analisada. Essa abordagem permitiu a análise simultânea, no mesmo plano (gráfico bidimensional), das estimativas de Blup estimadas para todas as variáveis em cada um dos genótipos estudados. No presente trabalho, denominou-se a análise dos valores fenotípicos no plano bidimensional de Blup-PCA.

Os genótipos que se destacaram quanto as estimativas do Blup-PCA tiveram a variável NFP (número de frutos produzidos por planta) submetida à análise de regressão. Para isto os resultados das análises diárias foram então reagrupados e as medidas repetidas (épocas) passaram a ser constituídas de períodos de 15 dias, resultando em 8 quinzenas avaliadas. O intuito foi conhecer o modelo de regressão que melhor explica o comportamento destes genótipos em relação a produção de frutos durante 8 quinzenas avaliadas. Os modelos de regressão foram ajustados considerando apenas os valores do coeficiente de determinação R^2 . As análises foram realizadas no Programa R, versão 3.6.1 (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2019).

7. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com base nos resultados aqui obtidos, em média, uma planta de melão-de-são-caetano cultivada em Seropédica/RJ, produziu cerca de 52 frutos num ciclo completo de produção em casa de vegetação. Essa informação pode ser observada na Tabela 1, através da variável número de frutos por planta (NFP). As médias de produção de frutos deste trabalho foram superiores a outros trabalhos encontrados na literatura. Kole et al. (2013),

avaliaram genótipos que produziram entre 12 e 23 frutos. Em outro trabalho, Dey et al. (2006) avaliaram genótipo que produziram entre 7 e 47 frutos.

Tabela 1. Parâmetros estatísticos descritivos estimados em 22 genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*) pertencentes a Coleção de Germoplasma da UFRRJ, avaliados no período de setembro de 2019 a janeiro de 2020.

Variável	Mínimo	Média	Máximo	Desvio-padrão	CV(%)
NFP	4	52	146	40,51	77,90
PTFf	34,69	108,89	242,39	54,45	50,00
PMFf	1,06	3,92	22,77	5,42	138,27
PTFs	3,84	11,17	24,97	6,07	54,34
PMFs	0,13	0,34	1,76	0,37	108,82
CMF	1,75	3,51	4,66	0,81	23,08
DMF	0,84	1,62	2,27	0,38	23,46
EPO	0,43	0,86	2,02	0,33	38,37
NSP	14	260	656	184,97	71,14
NSF	3	5	9	1,82	36,40
PTS	2,33	13,68	34,45	9,14	66,81
PMS	0,04	0,06	0,17	0,03	50,00
CMS	2,21	8,02	11,17	1,74	21,70
DMS	1,29	4,56	6,91	1,03	22,59
PTA	0,28	1,05	2,78	0,80	76,19
PMA	0,003	0,006	0,012	0,002	33,33
PTO	8,75	25,91	56,44	15,46	59,67

Legenda: NFP: Número de frutos por planta (em unidade); PTFf: peso total de frutos frescos (em gramas); PMFf: peso médio de frutos frescos (em gramas); PTFs: peso total de frutos secos (em gramas); PMFs: peso médio de frutos secos (em gramas); CMF: comprimento médio de frutos (em cm); DMF: diâmetro médio de frutos (em cm); EPO: espessura média de polpa (em milímetros); NSP: número de sementes por planta (em unidade); NSF: número médio de sementes por fruto (em unidade); PTS: peso total de sementes secas (em gramas); PMS: peso médio de sementes secas (em gramas); CMS: comprimento médio de sementes (em milímetros); DMS: diâmetro médio de sementes (em milímetros); PTA: peso total de arilo (em gramas); PMA: peso médio de arilo (em gramas); PTO: produção total de frutos (peso total de frutos secos + peso total de sementes + peso total de arilo, em gramas); CV(%): coeficiente de variação em porcentagem.

Observa-se também uma ampla variação para o NPF, confirmada pelo coeficiente de variação para esta variável, estimado em 77,90%. Considerando apenas o número de frutos (NFP), o genótipo mais produtivo produziu 146 frutos (UFRRJ MSC072), e o menos produtivo, apenas 4 frutos (UFRRJ MSC035) (Tabela 1). A Figura 2 mostra o genótipo UFRRJ MSC072 desenvolvendo em casa de vegetação. Em suma, o número de frutos produzidos apresentou uma ampla diversidade genética e uma elevada amplitude.

Em relação ao peso dos frutos, observa-se que o peso médio de fruto fresco (PMFf) e o peso médio de frutos secos (PMFs) foram as variáveis com os maiores coeficientes de variação, respectivamente, de 138,27 e 108,82% (Tabela 1). Porém, o peso total de frutos frescos (PTFf) e de frutos secos (PTFs), apesar de uma amplitude elevada, apresentaram variação bem inferior ao peso médio de frutos, tanto o fresco (PMFf) quanto o seco (PMFs), citados anteriormente. Os coeficientes de variação para o PTFf e PTFs foram estimados em 50,0 e 54,34% (Tabela 1). Ao mesmo tempo em que a ocorrência de variação é satisfatória e muito bem-vinda, a variável peso médio de frutos (PMFf e PMFs) pode ter sido mais influenciada pelas condições de ambiente que a produção de frutos (PTFf e PTFs).

O peso total de frutos frescos (PTFf) variou entre 34,69 g e 242,39 g, já o peso total de frutos secos (PTFs) variou entre 3,84 g e 24,87 g (Tabela 1). No trabalho de Kole et al. (2013) o peso total de frutos frescos variou entre 91,84 g e 244,49 g.

As correlações entre o número de frutos por planta (NFP) e o peso médio de frutos (PMFf e PMFs) foram, respectivamente, -0,21 e -0,15 (Tabela 2). Embora estas correlações tenham sido não significativas, verifica-se em melão-de-são-caetano que existe uma tendência de que o aumento do número de frutos na planta possa resultar na redução do peso médio do fruto. Esta tendência também foi observada por Dey et al. (2006). Estes autores observaram em seu experimento que os genótipos de frutos menores produziam um maior número de frutos e, consequentemente, com peso médio menor. Já o inverso ocorria com os genótipos que produziam frutos grandes, ou seja, o número de frutos produzidos por estes genótipos era menor.



Figura 2. Genótipo UFRRJ MSC072 de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*) pertencente à Coleção de Germoplasma do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ).

Considerando o tamanho dos frutos nos genótipos analisados, nota-se também que há uma ampla variação tanto no comprimento quanto na largura do fruto. Em média, os frutos apresentaram comprimento de 3,51 cm (CMF) e diâmetro de 1,62 cm (DMF). O genótipo com maior comprimento médio (CMF) e maior diâmetro médio de frutos (DMF) alcançou, respectivamente, 4,66 e 2,23 cm (UFRRJ MSC070). Já o menor comprimento médio (CMF) e o menor diâmetro médio de frutos (DMF) foi estimado, respectivamente, em 1,75 e 0,83 cm (UFRRJ MSC027). Verifica-se, portanto, que houve um incremento de 66,42% entre o maior e o menor comprimento médio de fruto.

Em relação ao diâmetro médio de frutos, houve incremento de 62,78% entre o menor e o maior diâmetro médio de fruto. Apesar de uma ampla variação, o comprimento e o diâmetro médio de frutos (CMF e DMF, respectivamente) exibiram uma baixa variação entre os genótipos da coleção, principalmente, quando comparado com as características relacionadas ao número (NFP), peso (PTFf, PMFf, PTFs e PMFs) e produção (PTO) de frutos. Para o CMF e para o DMF o coeficiente de variação foi estimado, respectivamente, em 23,08 e 23,46 % (Tabela 1). A Figura 3 evidencia a variação morfológica de frutos encontrada entre os genótipos da coleção de germoplasma de melão-de-são-caetano analisada.

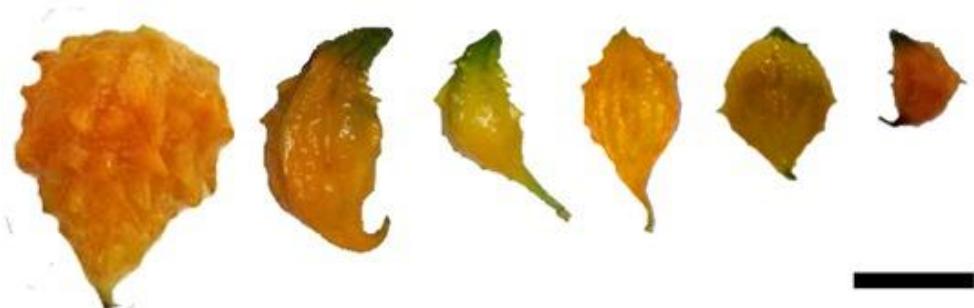


Figura 3. Variação morfológica de frutos encontrada entre os genótipos UFRRJ MSC070, UFRRJ MSC022, UFRRJ MSC071, UFRRJ MSC005, UFRRJ MSC042 e UFRRJ MSC027 da coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*) pertencente ao Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Barra: 2cm.

Kole et al. (2013) avaliaram genótipos que produziram frutos com comprimento médio variando entre 4,51cm e 5,98cm e diâmetro médio variando entre 2,64cm e 3,12cm.

Considerando a espessura média de polpa dos frutos (EPO), o genótipo UFRRJ MSC083 produziu frutos com a polpa menos espessa, cuja média de EPO foi estimada em 0,43 mm. Já o genótipo UFRRJ MSC070 produziu frutos com a polpa mais espessa, com média igual a 2,02 mm. A espessura de polpa (EPO) esteve entre as características com menor variação entre as estudadas ($CV = 38,37\%$) (Tabela 1). Esta variável apresentou correlação quase nula e não significativa com a variável número de frutos por planta (NFP) ($r = -0,04$) (Tabela 2). Isso indica que o aumento do número de frutos não implica em modificações na espessura da polpa em frutos de melão-de-são-caetano. A correlação entre EPO e a variável peso total de frutos frescos (PTFf) foi positiva ($r = 0,34$) (Tabela 2), bem como entre EPO e peso total de frutos secos (PTFs) ($r = 0,13$).

De acordo com a Tabela 1, observa-se que a média do número de sementes por planta (NSP) na coleção de melão-de-são-caetano analisada foi estimada em 260 sementes. A planta com menor produção e maior produção do número de sementes por planta (NSP) foi de 14 e 656 sementes, respectivamente. Isso mostra uma elevada amplitude para o NSP. Os genótipos com menor e maior NSP foram, respectivamente, o UFRRJ MSC035 e UFRRJ MSC083.

Em relação ao número médio de sementes por fruto (NSF), em média são produzidas cinco sementes por fruto. Há genótipos que produziram em média, em um fruto, apenas três sementes (UFRRJ MSC027, UFRRJ MSC056 e UFRRJ MSC072), enquanto outro genótipo produziu nove sementes por fruto (UFRRJ MSC014). Assis et al. (2015) avaliaram frutos que produziam uma média de 17 sementes, sendo que fruto com o menor e o maior número de sementes teve, respectivamente, 6 e 30 sementes. Essas estimativas indicam também uma elevada amplitude, assim como para o número total de sementes produzidas por genótipo (NSP). Os coeficientes de variação estimados para o NSP e para o número de sementes por fruto (NSF) foram, respectivamente, de 71,14 e 36,40 % (Tabela 1).

Uma ampla variação também foi constatada em relação ao peso total de sementes produzidas por genótipo. O genótipo com menor peso total de sementes (PTS) produziu apenas 2,33 gramas e o genótipo com maior valor de PTS produziu 34,45 gramas de sementes. Isso mostra que o genótipo mais produtivo em PTS (UFRRJ MSC087) produziu aproximadamente 14,79 vezes mais que o genótipo menos produtivo (UFRRJ MSC035). Vale também mencionar que o peso médio da semente (PMS) na população de melão-de-são-caetano analisada foi estimado em 0,06 gramas. Porém, há genótipos cujo PMS foi estimado em 0,04 gramas (UFRRJ MSC018 e UFRRJ MSC072), e outro em até 0,17 gramas (UFRRJ MSC035) (Tabela 1).

Apesar da grande amplitude, tanto o comprimento médio de sementes (CMS) quanto o diâmetro médio das sementes (DMS) apresentaram os coeficientes de variação mais baixos em comparação com a maioria das variáveis analisadas. Estes foram estimados em 21,70 e 22,59 %, respectivamente, para o CMS e DMS. A média de CMS foi de 8,02 milímetros, e de DMS foi de 4,56 milímetros. Verificou-se que o genótipo UFRRJ MSC070 (maior CMS) tem sementes cerca de 5,05 vezes maior que o genótipo UFRRJ MSC035, com o menor CMS. Em relação ao DMS, a relação entre o maior e o menor diâmetro (5,36) também é bastante semelhante ao CMS (Tabela 1). A relação entre CMS e DMS, estimada em 1,79, indica que, em média, as sementes não são arredondadas, mas levemente alongadas.

As correlações apresentadas na Tabela 2 indicam que os genótipos com maiores sementes não terão, necessariamente, maior produção ou maior peso total de sementes. Apesar de positiva e significativa, o peso total de sementes (PTS) apresentou baixa correlação com o comprimento médio de sementes (CMS) e com o diâmetro médio de sementes (DMS), estimadas em 0,22 e 0,21, respectivamente. A Figura 4 mostra a

diversidade morfológica de sementes encontrada entre diferentes genótipos na coleção de germoplasma analisada. Como já esperado, o CMS e o DMS apresentaram forte correlação apenas com o peso médio das sementes (PMS), estimadas em 0,74 e 0,76, respectivamente. Existe uma tendência de que frutos maiores apresentem também sementes maiores. A correlação entre o comprimento médio de sementes (CMS) e o comprimento médio dos frutos (CMF) foi de 0,60. A correlação entre o diâmetro médio das sementes (DMS) e o diâmetro médio dos frutos foi de 0,66. É possível observar que as correlações entre comprimento e diâmetro também seguiram as mesmas tendências.



Figura 4. Variação morfológica de sementes encontrada entre os genótipos UFRRJ MSC070, UFRRJ MSC002, UFRRJ MSC083, UFRRJ MSC027, UFRRJ MSC072 da coleção de germoplasmas de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*) pertencente ao Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Barra: 1cm.

Em média, os genótipos da coleção produziram 25,91 gramas (produção total – PTO) (Tabela 1). A produção total (PTO) corresponde a soma, em gramas, dos frutos, das sementes e dos arilos nas sementes. Verifica-se uma enorme amplitude entre o genótipo mais e o genótipo menos produtivo, cujo PTS foi estimado em, respectivamente, 8,75 e 56,44 gramas. O coeficiente de variação estimado para PTO (CV = 59,67 %) (Tabela 1) aponta para uma grande variação na produção total entre os genótipos da coleção de germoplasmas analisada. Isso sugere que a seleção para genótipos para produção total superior é factível quando se considera os genótipos da coleção. Considerando a produção total (PTO), os 10 genótipos com produção, acima da média (25,91 gramas), foram: UFRRJ MSC028 (56,88 gramas), UFRRJ MSC87 (55,64 gramas), UFRRJ MSC042 (48,26 gramas), UFRRJ MSC053 (45,91 gramas), UFRRJ MSC044 (44,93 gramas), UFRRJ MSC072 (41,32 gramas), UFRRJ MSC059 (30,02 gramas) e UFRRJ MSC062 (26,16 gramas).

Tabela 2. Coeficientes de correlação de Pearson entre as variáveis analisadas em 22 genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*) pertencentes a coleção de germoplasma da UFRRJ, avaliados no período de setembro de 2019 a janeiro de 2020.

	NFP	PTFf	PMFf	PTFs	PMFs	CMF	DMF	EPO	NSP	NSF	PTS	PMS	CMS	DMS	PMA	PTA	PTO
NFP	1,00																
PTFf	0,72**	1,00															
PMFf	-0,21 ^{ns}	0,27**	1,00														
PTFs	0,75**	0,63**	0,02ns	1,00													
PMFs	-0,15 ^{ns}	0,18ns	0,66**	0,28**	1,00												
CMF	0,21 ^{ns}	0,45**	0,36**	0,38**	0,56**	1,00											
DMF	0,22*	0,43**	0,31**	0,31**	0,40**	0,93**	1,00										
EPO	-0,04 ^{ns}	0,34**	0,75**	0,13ns	0,48**	0,55**	0,60**	1,00									
NTS	0,85**	0,71**	-0,16ns	0,75**	-0,09ns	0,23*	0,22*	0,02ns	1,00								
NSF	0,02 ^{ns}	0,20ns	0,19ns	0,23*	0,39**	0,42**	0,36**	0,27*	0,33**	1,00							
PTS	0,81**	0,73**	-0,09ns	0,76**	-0,02ns	0,27*	0,27*	0,09ns	0,98**	0,36**	1,00						
PMS	-0,04 ^{ns}	0,26**	0,47**	0,17ns	0,57**	0,56**	0,62**	0,68**	0,00ns	0,32**	0,11ns	1,00					
CMS	0,14 ^{ns}	0,27*	0,10ns	0,24*	0,28**	0,60**	0,65**	0,45**	0,17ns	0,51**	0,22*	0,74**	1,00				
DMS	0,15 ^{ns}	0,28**	0,15ns	0,24*	0,31**	0,61**	0,66**	0,47**	0,16ns	0,48**	0,21*	0,76**	0,99**	1,00			
PMA	0,03 ^{ns}	0,26*	0,41**	0,31**	0,57**	0,41**	0,47**	0,59**	0,07ns	0,21*	0,14ns	0,72**	0,44**	0,45**	1,00		
PTA	0,58**	0,62**	-0,03ns	0,72**	0,10ns	0,25*	0,27*	0,12ns	0,73**	0,31**	0,75**	0,16ns	0,19ns	0,18ns	0,37**	1,00	
PTO	0,83**	0,74**	-0,05ns	0,92**	0,11ns	0,33**	0,30**	0,11ns	0,94**	0,33**	0,96**	0,15ns	0,24*	0,24*	0,23*	0,80**	1,00

Legenda: NFP: Número de frutos por planta; PTFf: peso total de frutos frescos; PMFf: peso médio de frutos frescos; PTFs: peso total de frutos secos; PMFs: peso médio de frutos secos; CMF: comprimento médio de frutos; DMF: diâmetro médio de frutos; EPO: espessura média de polpa; NTS: número total de sementes por planta; NSF: número médio de sementes por fruto; PTS: peso total de sementes secas; PMS: peso médio de sementes secas; CMS: comprimento médio de sementes; DMS: diâmetro médio de sementes; PTA: peso total de arilo; PMA: peso médio de arilo; PTO: produção total de frutos (peso total de frutos secos + peso total de sementes + peso total de arilo)

De acordo com as correlações apresentadas na Tabela 2, verifica-se que o número de frutos e de sementes (NFP e NSP, respectivamente) teve maior impacto na produção total em melão-de-são-caetano que o peso médio destas mesmas estruturas (PMFs e PMS). Neste caso, o aumento da produção se dá em maior parte pelo incremento do número de frutos e de sementes do que pelo peso médio de frutos e de sementes.

As correlações entre PTO com NFP e PTO com NSP foram estimadas em 0,83 e 0,94 (Tabela 2). Já as correlações entre PTO com PMFs e PTO com PMS foram de 0,11 e 0,15, respectivamente, porém, não foram estatisticamente significativas (Tabela 2). Porém, é interessante observar que o aumento do comprimento e do diâmetro de frutos (CMF e DMF) foram mais determinantes sobre o aumento da produção total (PTO) do que o peso destas mesmas estruturas, conforme mencionado. As correlações entre PTO com CMF e PTO com DMF foram estimadas em 0,33 e 0,30, respectivamente (Tabela 2). Apesar de estimativas de correlações ainda mais baixas, o comprimento e o diâmetro de sementes (CMS e DMS, respectivamente) seguiram a mesma tendência que os frutos. Assim como esperado, as correlações entre a produção total (PTO) e os pesos totais dos frutos secos (PTFs), de sementes (PTS) e de arilo (PTA) foram altas, respectivamente, de 0,92, 0,96 e 0,80 (Tabela 2).

7.1. Eficiência do uso das medidas repetidas

A acurácia (Ac) é um parâmetro de grande relevância na avaliação da precisão de estudos aplicados ao melhoramento genético, pois permite avaliar os experimentos não apenas no âmbito estatístico, como também no âmbito genético (RESENDE e DUARTE, 2007). Este parâmetro infere a respeito da confiabilidade nas análises, pois permitem conhecer se o número de medidas repetidas adotadas foi suficiente para se alcançar estimativas de variâncias e de repetibilidade consistentes. A acurácia (Ac) está diretamente relacionada a herdabilidade, associada a maior variabilidade genética e menor variância residual, sendo mais indicada que o coeficiente de variação para estudos aplicados ao melhoramento genético (CARGNELUTTI FILHO et al., 2012). Segundo Resende e Duarte (2007), os valores de acurácia abaixo de 0,4 são considerados baixos, valores entre 0,5 e 0,65 são considerados moderados, valores entre 0,7 e 0,85 são considerados altos e valores acima de 0,9 são considerados muito altos. Valores de acurácia acima de 0,7 são buscados em ensaios com vistas ao processo de seleção para programas de melhoramento, pois permitem inferências estatísticas seguras, independente do cultivar e do caráter em avaliação.

De acordo com Resende e Duarte (2007) é possível inferir, de forma geral, que todas as variáveis aqui analisadas apresentaram estimativas de acurácia (Ac) de moderada a muito alta (Tabelas 3 e 4), exceção apenas para o número médio de sementes por fruto (NSF), cuja estimativa da acurácia foi baixa ($Ac = 0,43$) (Tabela 4). Neste sentido, nota-se que o número de medidas repetidas aqui adotado foi bastante adequado. Por consequência, as estimativas dos parâmetros estatísticos aqui obtidos foram de igual forma bastante consistentes.

A condução do experimento em casa de vegetação também foi um fator crucial na Acurácia dos resultados, uma vez que no interior destas as espécies cultivadas podem ser protegidas contra alguns fatores meteorológicos (BUSSAB, 2007). As boas práticas de manejo também contribuem para a acurácia de um experimento, pois a presença de plantas espontâneas, pragas e doenças podem provocar um aumento dos erros experimentais (CARGNELUTTI FILHO et al., 2003). Por fim a acurácia também pode ser maximizada através da eficiência do pesquisador na amostragem, nas mensurações e análises.

As variáveis com valores de acurácia classificados como muito alto foram: peso médio de frutos secos (PMFs) ($Ac = 0,98$), espessura da polpa (EPO) ($Ac = 0,98$), comprimento médio de sementes (CMS) ($Ac = 0,92$) e diâmetro médio de sementes (DMS) ($Ac = 0,90$) (Tabelas 3 e 4).

As acurárias classificadas como altas foram detectadas para as seguintes variáveis: número de frutos por planta (NFP) ($Ac = 0,88$), peso médio de frutos frescos (PMFF) ($Ac = 0,89$), comprimento médio do fruto (CMF) ($Ac = 0,87$), diâmetro médio do fruto (DMF) ($Ac = 0,79$), número total de sementes (NTS) ($Ac = 0,72$) e peso médio de sementes (PMS) ($Ac = 0,89$) (Tabelas 3 e 4).

Valores de acurárias considerados moderados foram estimados para as variáveis peso total de frutos frescos (PTFf) ($Ac = 0,61$), peso total de frutos secos (PTFs) ($Ac = 0,56$), peso total de sementes (PTS) ($Ac = 0,68$), peso total de arilo (PTA) ($Ac = 0,59$), peso médio de arilo (PMA) ($Ac = 0,55$) e produção total (PTO) ($Ac = 0,67$) (Tabelas 3 e 4). Nota-se, portanto, que todas as variáveis em que se avaliou o peso total, a acurácia foi moderada, conforme classificação proposta por Resende e Duarte (2007). Estas variáveis foram relacionadas ao fruto (PTFf e PTFf), a semente (PTS), ao arilo (PTA) e a estas três juntas (PTO). Exceção apenas para o peso médio do arilo (PMA). Segundo Resende e Duarte (2007), este é um comportamento esperado por se tratar de variáveis de natureza quantitativa.

Tabela 3. Estimativas de coeficiente de determinação (R^2), acurácia (Ac) e eficiência das medições (Ef) para “m” medições de 8 variáveis avaliadas em 22 genótipos pertencentes a coleção de germoplasma de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) da UFRRJ analisadas via REML individual.

m	NFP				PTFf				PMFf				PTFs				PMFs				CMF				DMF				EPO			
	R^2	Ac	Ef																													
1	0,47	0,69	1,00	0,13	0,36	1,00	0,49	0,70	1,00	0,10	0,32	1,00	0,88	0,94	1,00	0,45	0,67	1,00	0,30	0,55	1,00	0,83	0,91	1,00	0,82	0,90	1,00					
2	0,64	0,80	1,17	0,23	0,48	1,33	0,65	0,81	1,16	0,19	0,44	1,35	0,94	0,97	1,03	0,62	0,79	1,18	0,46	0,68	1,24	0,91	0,95	1,04	0,89	0,93	1,04					
3	0,73	0,85	1,24	0,31	0,55	1,55	0,74	0,86	1,23	0,26	0,51	1,57	0,96	0,98	1,04	0,71	0,84	1,26	0,56	0,75	1,37	0,94	0,97	1,06	0,87	0,94	1,06					
4	0,78	0,88	1,29	0,37	0,61	1,70	0,79	0,89	1,28	0,32	0,56	1,74	0,97	0,98	1,05	0,76	0,87	1,31	0,63	0,79	1,45	0,95	0,98	1,07	0,86	0,92	1,07					
5	0,82	0,90	1,31	0,42	0,65	1,82	0,83	0,91	1,30	0,37	0,61	1,88	0,97	0,99	1,05	0,80	0,90	1,34	0,68	0,83	1,51	0,96	0,98	1,07	0,84	0,92	1,07					
6	0,84	0,92	1,34	0,47	0,68	1,91	0,85	0,92	1,32	0,41	0,64	1,98	0,98	0,99	1,05	0,83	0,91	1,36	0,72	0,85	1,55	0,97	0,98	1,08	0,85	0,93	1,08					
7	0,86	0,93	1,35	0,51	0,71	1,99	0,87	0,93	1,34	0,45	0,67	2,07	0,98	0,99	1,05	0,85	0,92	1,38	0,75	0,87	1,58	0,97	0,99	1,08	0,86	0,94	1,08					
8	0,88	0,94	1,36	0,54	0,74	2,05	0,88	0,94	1,35	0,48	0,70	2,15	0,98	0,99	1,06	0,87	0,93	1,39	0,77	0,88	1,61	0,98	0,99	1,08	0,87	0,94	1,08					
9	0,89	0,94	1,37	0,57	0,75	2,11	0,89	0,95	1,36	0,51	0,72	2,21	0,99	0,99	1,06	0,88	0,94	1,40	0,79	0,89	1,63	0,98	0,99	1,08	0,88	0,95	1,08					
10	0,90	0,95	1,38	0,60	0,77	2,15	0,90	0,95	1,36	0,54	0,73	2,27	0,99	0,99	1,06	0,89	0,94	1,41	0,81	0,90	1,65	0,98	0,99	1,09	0,89	0,96	1,09					

Legenda: NFP: Número de frutos por planta; PTFf: peso total de frutos frescos; PMFf: peso médio de frutos frescos; PTFs: peso total de frutos secos; PMFs: peso médio de frutos secos; CMF: comprimento médio de frutos; DMF: diâmetro médio de frutos; EPO: espessura média de polpa.

Tabela 4. Estimativas de coeficiente de determinação (R^2), acurácia (Ac) e eficiência das medições (Ef) para “m” medições de 6 variáveis avaliadas em 22 genótipos pertencentes a coleção de germoplasma de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) da UFRRJ, analisados via REML individual.

m	NTS			NSF			PTS			PMS			CMS			DMS			PTA			PMA			PTO		
	R^2	Ac	Ef	R^2	Ac	Ef																					
1	0.22	0.46	1.00	0.05	0.23	1.00	0.18	0.42	1.00	0.48	0.69	1.00	0.59	0.77	1.00	0.51	0.71	1.00	0.12	0.35	1.00	0.10	0.31	1.00	0.2	0.4	1
2	0.36	0.60	1.28	0.10	0.32	1.38	0.31	0.55	1.30	0.65	0.80	1.16	0.74	0.86	1.12	0.68	0.82	1.15	0.21	0.46	1.34	0.17	0.42	1.35	0.3	0.5	1.3
3	0.45	0.67	1.45	0.15	0.39	1.64	0.40	0.63	1.49	0.73	0.86	1.24	0.81	0.90	1.17	0.76	0.87	1.22	0.29	0.54	1.56	0.24	0.49	1.59	0.4	0.6	1.5
4	0.52	0.72	1.56	0.19	0.43	1.85	0.47	0.68	1.61	0.78	0.89	1.28	0.85	0.92	1.20	0.81	0.90	1.26	0.35	0.59	1.71	0.30	0.55	1.76	0.5	0.7	1.6
5	0.58	0.76	1.64	0.23	0.47	2.02	0.52	0.72	1.71	0.82	0.91	1.31	0.88	0.94	1.22	0.84	0.92	1.28	0.41	0.64	1.84	0.35	0.59	1.90	0.5	0.7	1.7
6	0.62	0.79	1.70	0.26	0.51	2.17	0.57	0.75	1.78	0.85	0.92	1.33	0.90	0.95	1.23	0.86	0.93	1.30	0.45	0.67	1.94	0.39	0.62	2.01	0.6	0.7	1.8
7	0.66	0.81	1.75	0.29	0.54	2.29	0.61	0.78	1.83	0.86	0.93	1.35	0.91	0.95	1.24	0.88	0.94	1.31	0.49	0.70	2.02	0.43	0.65	2.11	0.6	0.8	1.9
8	0.69	0.83	1.78	0.32	0.56	2.40	0.64	0.80	1.88	0.88	0.94	1.36	0.92	0.96	1.25	0.89	0.94	1.32	0.52	0.72	2.08	0.46	0.68	2.19	0.6	0.8	1.9
9	0.71	0.84	1.82	0.34	0.59	2.50	0.66	0.81	1.92	0.89	0.94	1.37	0.93	0.96	1.25	0.90	0.95	1.33	0.55	0.74	2.14	0.49	0.70	2.26	0.7	0.8	2
10	0.73	0.86	1.84	0.37	0.61	2.59	0.69	0.83	1.95	0.90	0.95	1.37	0.94	0.97	1.26	0.91	0.96	1.34	0.58	0.76	2.19	0.51	0.72	2.32	0.7	0.8	2

Legenda: NTS: número total de sementes por genótipo; NSF: número médio de sementes por fruto; PTS: peso total de sementes secas por genótipo; PMS: peso médio de semente secas; CMS: comprimento médio de sementes; DMS: diâmetro médio de sementes; PTA: peso total de arilo; PMA: peso médio de arilo; PTO: produção total de frutos

Buscando-se maior eficiência na estimação dos parâmetros genéticos, e considerando as variáveis peso total de frutos, de sementes, de arilo e produção total, esses resultados sugerem que o número de medidas repetidas pode ser ainda maior do que quatro. Porém, vale também mencionar que características altamente poligênicas, influenciadas fortemente pelo ambiente podem não resultar em aumento da acurácia quando são implementadas um maior número de medidas. Segundo Resende e Duarte (2007), este é um comportamento esperado quando a variável é de natureza quantitativa. Estes autores afirmaram que acurácia acima de 0,90 são alcançadas por variáveis cujo coeficiente de determinação genética seja elevado, sendo necessário, em alguns casos, um número de repetições maior ou igual a 6.

7.2. Componentes de variância e repetibilidade estimados via REML

Dentre as variáveis relativas ao fruto em melão-de-são-caetano, nota-se, na Tabela 5, que para a maioria das variáveis as estimativas de repetibilidade individual (r) foram baixas, exceção apenas para o peso médio de fruto seco (PMFs) e para a espessura de polpa (EPO). Para estas duas variáveis a repetibilidade individual (r) foi estimada em 0,88 e 0,83, respectivamente. As variáveis que tiveram estimativas de repetibilidade individual (r) baixas foram: número de frutos por planta (NFP), $r = 0,47$, peso total de frutos frescos (PTFf), $r = 0,13$, peso médio de frutos frescos (PMFf), $r = 0,49$, peso total de frutos secos (PTFs), $r = 0,10$, comprimento médio de frutos (CMF), $r = 0,45$, e, por fim, diâmetro médio de frutos (DMF), $r = 0,30$. Uma alternativa para esses casos seria aumentar o número de repetições para maximizar a eficiência na seleção de indivíduos (CORTES, 2017). Porém, a repetibilidade é um parâmetro genético influenciado, entre outros fatores, pela natureza do caráter avaliado.

Outro fator que pode influenciar as estimativas de repetibilidade é a constituição genética da população. Estimativas baixas para a estimativa do coeficiente de repetibilidade são esperadas em populações em início de seleção com vistas ao melhoramento. Isso ocorre porque muitas variáveis ainda não se encontram estabilizadas na população. Nestes casos, e como o que aconteceu neste estudo, a expressão fenotípica de um caráter pode ser inflacionada pela variação genótipo *versus* ambiente temporário e a repetibilidade pode ser subestimada mesmo com o aumento das repetições (MARTUSCELLO et al., 2007; CARVALHO et al., 2016).

Tabela 5. Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos para as variáveis mensuradas em 22 genótipos com 4 repetições de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) via REML Individual, com zeros não significativos.

Variável	Vfp	Vet	Vf	r	rm	Ac	Média
NFP	79,41	88,39	167,80	0,47±0,21	0,78	0,88	13,08
PTFf	67,36	457,86	525,22	0,13±0,11	0,37	0,61	28,94
PMFf	18,37	19,48	37,85	0,49±0,22	0,79	0,89	3,91
PTFs	0,71	6,03	6,74	0,10±0,10	0,32	0,56	3,09
PMFs	0,36	0,05	0,41	0,88±0,30	0,97	0,98	0,42
CMF	0,57	0,71	1,28	0,45±0,22	0,76	0,87	4,31
DMF	0,07	0,15	0,22	0,30±0,18	0,63	0,79	1,95
EPO	0,51	0,10	0,62	0,83±0,30	0,95	0,98	1,11
NTS	1076,19	3903,77	4979,97	0,22±0,15	0,52	0,72	68,80
NSF	0,48	8,30	8,78	0,05±0,07	0,19	0,43	5,54
PTS	2,43	11,05	13,47	0,18±0,14	0,47	0,68	3,70
PMS	0,000402	0,000441	0,000843	0,48±0,22	0,78	0,89	0,06
CMS	1,06	0,73	1,79	0,59±0,24	0,85	0,92	8,84
DMS	0,33	0,32	0,65	0,51±0,23	0,81	0,90	5,03
PTA	0,016	0,119	0,136	0,12±0,12	0,35	0,59	0,31
PMA	0,000005	0,000043	0,000048	0,10±0,10	0,30	0,55	0,01
PTO	5,89	28,81	34,71	0,17±0,13	0,45	0,67	6,72

Legenda: NFP: número de frutos por planta; PTFf: peso total de frutos frescos; PMFf: peso médio de fruto fresco; PTFs: peso total de frutos secos; PMFs: peso médio de fruto seco; CMF: comprimento médio de fruto; DMF: diâmetro médio de fruto; NTS: número total de sementes por genótipo; NSF: número médio de sementes por fruto; PTS: peso total de sementes secas por genótipo; PMS: peso médio de semente secas; CMS: comprimento médio de sementes; DMS: diâmetro médio de sementes; EPO: espessura média de polpa; PTA: peso total de arilo; PMA: peso médio de arilo; PTO: produção total de frutos; Vfp: variância fenotípica permanente; Vet: variância de ambiente temporário; Vf: variância fenotípica individual; r: repetibilidade individual (herdabilidade); rm: repetibilidade da média de m colheitas ou medidas repetidas; Ac: acurácia.

*Média por parcela ou repetição ao longo do tempo (repetição).

Este trabalho revelou que maiores ganhos genéticos são esperados para o peso médio de frutos secos (PMFs) e para espessura de polpa (EPO), visto que as repetibilidades foram estimadas em 0,88 e 0,83, respectivamente (Tabela 5). Isto foi resultado da variância de

ambiente temporário (Vet) reduzida e dos altos valores encontrados para variância fenotípica permanente (Vfp), o que representa alta regularidade na expressão destas variáveis a cada ciclo de produção. No entanto basear a seleção nestas duas variáveis pode ser laborioso. Além disso, a correlação entre PMFs e EPO com a variável produção total de frutos (PTO) foi baixa e não significativa (Tabela 2), indicando que a seleção baseada nestas variáveis pode não resultar em ganho na produção de frutos.

Os resultados acima mencionados podem indicar certa dificuldade no melhoramento do melão-de-são-caetano quando se pretende o aumento do número de frutos, do peso total de frutos e, também, para o aumento ou redução do tamanho dos frutos. Chama a atenção os valores extremamente reduzidos de repetibilidade individual (r) para o peso total de frutos frescos (PTFf) e secos (PTFs). As estimativas de variância fenotípica temporária (Vet) para essas variáveis ($Vet = 457,86$ e $6,03$, respectivamente) apontam para forte variação ou influência do ambiente temporário sobre tais variáveis. Essas variáveis se constituem em variáveis de difícil controle. Possivelmente, PTFf e PTFs se tratam de variáveis altamente poligênicas. De acordo com Lira Junior et al. (2014), os valores de repetibilidade esperados para características quantitativas são, em geral, baixos, por se tratar de variáveis poligênicas e bastante influenciadas pelo ambiente. Maiores ganhos genéticos para o aumento do peso de frutos serão realizados sobre a variável número de frutos por planta (NFP), já que os valores de repetibilidade individual foram da ordem de $0,47$. NFP tem estimativas de variância fenotípica permanente (Vfp) e variância de ambiente temporário (Vet) muito próximas, respectivamente de $79,41$ e $88,39$ (Tabela 5). Esses valores são esperados para variáveis poligênicas e em populações ainda não melhoradas, como a população aqui analisada.

Em relação as variáveis relativas às sementes, nota-se também valores baixos para a repetibilidade individual. As maiores estimativas foram para as variáveis peso médio de sementes (PMS), comprimento médio de sementes (CMS) e diâmetro médio de sementes (DMS), com repetibilidade individual (r) estimadas em $0,48$, $0,59$ e $0,51$, respectivamente. As variáveis número de sementes por planta (NTS) e peso de sementes por planta (PTS) exibiram estimativas de repetibilidade individual (r) muito baixas ($r = 0,22$ e $0,18$, respectivamente). As estimativas da variância de ambiente temporário (Vet) foram muito superiores as estimativas da variância fenotípica permanente (Vfp) para NTS e PTS, respectivamente, de $0,22$ e $0,18$ (Tabela 5). Isso demonstra que o aumento do número de sementes nos frutos de melão-de-são-caetano é ainda mais laborioso do que o aumento do

número de frutos. Ao contrário do número de sementes por planta (NTS) e do peso de sementes por planta (PTS), as características relativas ao tamanho da semente se mostraram em melhor condição de serem melhoradas. Isso decorre em função das maiores estimativas de repetibilidade individual observadas para as variáveis peso médio de sementes (PMS), comprimento médio de sementes (CMS) e diâmetro médio de sementes (DMS).

Chama também muito atenção a imensa variação para a característica número médio de sementes por fruto (NSF), cuja repetibilidade individual foi estimada em apenas 0,05. Os valores da variância fenotípica permanente (Vfp) e da variância de ambiente temporário (Vet) foram bastante discrepantes, respectivamente de 0,48 e 8,30 (Tabela 5). Isso sugere que, de toda variância fenotípica (Vf) estimada, o controle desta variável é quase que, na sua totalidade, devido ao ambiente temporário. Talvez a condição monoica da espécie, aliado ao fato de ter sido cultivada em casa de vegetação, tenha afetado a eficiência do processo de polinização. Com isso, os genótipos analisados exibiram forte influência do ambiente em diferentes medidas sobre a produção de sementes nos frutos.

O arilo das sementes avaliado através do peso total de arilo por planta (PTA) e pelo peso médio de arilo seco (PMA) mostraram também que são variáveis altamente influenciadas pelo ambiente. Isso pode ser demonstrado através das estimativas de variância fenotípica permanente (Vfp) e de variância de ambiente temporário (Vet). Esta última foi bem superior a primeira. Para PTA, Vet e Vfp foram estimadas em 0,119 e 0,016, respectivamente (Tabela 5). Em PMA, Vet e Vfp foram estimadas em 28,81 e 5,89. Em suma, a variável arilo se constitui em um fator complicador no melhoramento genético do melão-de-são-caetano, dado o seu controle genético. Possivelmente, o arilo das sementes é uma variável bastante poligênica. Porém, deve-se mencionar aqui, que a metodologia para avaliação do peso do arilo precisa ainda ser melhorada. Por isso, não se descarta que parte da variação encontrada possa ter sua causa oriunda de questões metodológicas.

A variável produção total de frutos (PTO) mostrou-se bastante influenciada pelo ambiente. As estimativas da variância de ambiente temporário (Vet) e de variância fenotípica permanente (Vfp) apontam para forte influência de fatores de ambiente sobre a variável (28,81 e 5,89, respectivamente) (Tabela 5). A repetibilidade individual foi estimada em 0,17. Esses resultados já eram esperados para PTO, já que ela é constituída pela soma de três outras variáveis, também com forte influência do ambiente, a saber: peso total de frutos secos (PTFs), peso total de sementes (PTS) e peso total de arilo (PTA).

Dentre de todas as variáveis analisadas em relação aos efeitos de ambiente permanente e temporário, verifica-se que a variável número de frutos por planta (NFP) pode ser a mais adequada na seleção de genótipos com maiores ganhos genéticos para a produção em melão-de-são-caetano. Isso se justifica, primeiramente, porque o NFP está altamente correlacionado com variáveis ligadas diretamente a produção, como o peso total de frutos (PTO) ($r = 0,83$), com o peso total de frutos secos ($r = 0,75$), com o número total de sementes (NTS) e o peso total de sementes ($r = 0,81$) (Tabela 2). Segundo Rahman (2015) a correlação entre as variáveis ligadas à produção é importante para o planejamento eficaz da seleção em programas de melhoramento. Variáveis com herdabilidade baixa e que apresentam alta correlação com outra variável podem ser melhoradas via seleção indireta. Em segundo lugar, dentre as variáveis ligadas diretamente a produção, o NFP foi a que exibiu maior proporção da variância fenotípica permanente (Vfp) em relação a variância fenotípica total (Vf) (Tabela 5). Isso indica que esta variável se comporta de forma mais previsível no ambiente em que a população de plantas analisada se desenvolve. Ainda segundo Rahman (2015) as variáveis que apresentam valores genotípicos e fenotípicos semelhantes permitem a seleção baseada nestas, uma vez que a expressão ambiental não é significativa na expressão dos genes que controlam o caráter. Além dos argumentos anteriores, verifica-se também que NFP (número de frutos por planta) teve a estimativa de repetibilidade individual estimada com bastante consistência. A acurácia estimada para o NFP foi estimada em 0,88, sendo considerada alta, conforme classificação proposta por Resende e Duarte (2007).

7.3. Seleção de plantas utilizando PCA baseado em valores fenotípicos permanentes obtidos via Blup

A Figura 5 mostra a dispersão dos genótipos de melão-de-são-caetano com base em PCA, utilizando estimativas dos valores fenotípicos permanentes ($u + fp$) individuais (por genótipo) para cada variável analisada via Blup. Esses valores são mostrados também na Tabela 9 em anexo (Anexo I). O uso do PCA Blup visa tão somente facilitar a análise simultânea dos genótipos, num mesmo plano gráfico, em relação a sua performance baseada nos valores fenotípicos permanentes ($u + fp$) obtidos via Blup em cada uma das características analisadas. Os valores fenotípicos permanentes ($u + fp$) refletem também os ganhos de seleção com a característica e as novas médias estimadas para cada um dos genótipos. Neste caso, é possível também, inferir sobre as magnitudes das novas médias obtidas via Blup.

A viabilidade da aplicação da técnica de componentes principais se dá pela capacidade de resumir o conjunto original de variáveis em apenas poucos componentes os quais devem acumular no mínimo 70% da variação total. Isto permite a eliminação de características redundantes e de difícil mensuração (PAIVA et al., 2010).

A Análise de Componentes principais (*Principal Component Analysis-PCA*) combina caracteres quaisquer e de interesse do pesquisador dando origem a um novo grupo de caracteres mais resumido com a mesma variação inicial, os chamados componentes principais. Estes são independentes entre si e a maior parte da variância total concentra-se nos primeiros componentes. Assim esta técnica pode ser aplicada em agrupamentos e comparação de indivíduos. Além disso a Análise de Componentes Principais apresenta uma distribuição gráfica da divergência existente, o que facilita as análises (PEREIRA, 1989).

De acordo com a Figura 5 (PCA), nota-se no plano bidimensional duas divisões bastante distintas. Vale informar que os dois primeiros componentes principais acumularam 77,81% da variação. Os dois quadrantes inferiores do plano foram divididos com vetores que apontam para maiores valores de variáveis ligadas diretamente a produção (lado direito) e o lado esquerdo, para variáveis que apontam para maior tamanho e peso de fruto. O lado direito abrigou maiores valores fenotípicos permanentes ($u + fp$) para número de frutos por planta (NFP), número total de sementes (NTS), peso total de sementes (PTS), peso total de frutos frescos (PTFf), peso total de frutos secos (PTFs), peso total de arilo (PTA) e produção total de frutos (PTO). Já no quadrante inferior esquerdo, maiores estimativas para os valores fenotípicos permanentes ($u + fp$) ocorreram para as variáveis comprimento médio do fruto (CMF), diâmetro médio de frutos (DMF), comprimento médio de sementes (CMS), diâmetro médio de sementes (DMS), espessura de polpa (EPO), peso médio de sementes (PMS), peso médio de arilo (PMA), número médio de sementes por fruto (NSF), peso médio de fruto fresco (PMFf) e peso médio de fruto fresco (PMFF). De certa forma, percebe-se também, no geral, que existe uma correlação baixa entre o tamanho de fruto e a produção. Esses resultados corroboram os resultados obtidos para as estimativas de correlação. A correlação entre o aumento do número de frutos (NFP) com o comprimento médio de frutos (CMF) e com o diâmetro médio de frutos (DMF) foi estimada em 0,21 e 0,22 (Tabela 2). Vale informar que a primeira correlação citada não foi estatisticamente significativa. O aumento do número de frutos por planta (NFP) implicou na redução do peso médio de frutos frescos (PMFf) ($r = -0,21$). Esta correlação também não foi significativa. Apesar disso, ela mostra que há uma tendência de direção oposta entre o NFP e o PMFf.

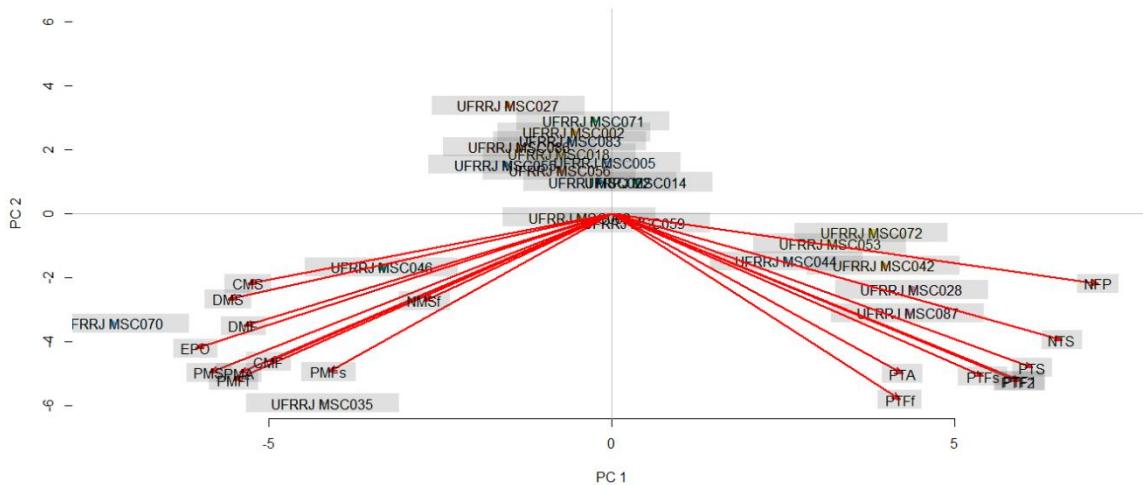


Figura 5. Gráfico de dispersão PCA-Blup. Dispersão de genótipos UFRRJ MSC's de melão-de-são-caetano via PCA, utilizando os valores fenotípicos permanentes ($u+fp$) obtidos via Blup individual.

O quadrante referente a produção, abrigou seis genótipos de melão-de-são-caetano que tendem a valores fenotípicos permanentes mais altos, a saber: UFRRJ MSC072, UFRRJ MSC053, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC044, UFRRJ MSC028 e UFRRJ MSC087. Já o quadrante referente a valores maiores para o tamanho e peso de frutos, abrigaram apenas três genótipos que tendem a valores fenotípicos permanentes mais altos, são eles: UFRRJ MSC070, UFRRJ MSC035 e UFRRJ MSC046. Os demais genótipos (UFRRJ MSC027, UFRRJ MSC071, UFRRJ MSC083, UFRRJ MSC086, UFRRJ MSC018, UFRRJ MSC055, UFRRJ MSC056, UFRRJ MSC005, UFRRJ MSC022, UFRRJ MSC014, UFRRJ MSC062 e UFRRJ MSC059) tendem a valores menos expressivos para a maioria das variáveis. É certo que a maioria deles tende para ganhos genéticos mais relacionados ao tamanho dos frutos do que para a produção. Tais resultados mostram que o uso da ferramenta PCA-Blup é eficiente em ranquear os genótipos quanto aos valores fenotípicos permanentes simplificando o processo do ponto de vista da interpretação dos resultados, uma vez que o gráfico de dispersão expressou o resultado do Blup.

Considerando o aumento do número de frutos por planta (NFP), nota-se na Figura 5 que os maiores valores fenotípicos permanentes ($u + fp$) e, consequentemente, maiores ganhos genéticos para o NFP serão obtidos com a seleção dos genótipos UFRRJ MSC072, UFRRJ MSC053, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC044, UFRRJ MSC028 e UFRRJ MSC087. O ranqueamento mostrado na Tabelas 6 confirma estes resultados. Nesta tabela é possível

observar ainda que, em média, o número de frutos produzidos por estes genótipos será da ordem de 31,40 (UFRRJ MSC072), 29,64 (UFRRJ MSC028), 28, 41 (UFRRJ MSC087), 27,20 (UFRRJ MSC042), 26,12 (UFRRJ MSC053) e 24,43 (UFRRJ MSC044) frutos por mês. Dessa forma, num ciclo de produção, espera-se que estes mesmos genótipos, UFRRJ MSC072, UFRRJ MSC053, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC044, UFRRJ MSC028 e UFRRJ MSC087, produzam em torno de 125,61, 118,56, 113,61, 108,79, 104,48 e 97,70 frutos.

Tabela 6. Ranqueamento (POS), estimativa de ganho de seleção (Ganho) e da nova média obtidos via Blup individual dos 6 genótipos de melão-de-são-caetano da coleção de germoplasma da UFRRJ mais bem ranqueados considerando três variáveis relacionadas à produção de frutos.

GENÓTIPOS	NFP			PTFf			PTFs		
	POS	Ganho	Nova Média	POS	Ganho	Nova Média	POS	Ganho	Nova Média
UFRRJ MSC028	2	16,56	29,64	2	10,93	39,87	1	1,00	4,10
UFRRJ MSC042	4	14,12	27,20	3	9,78	38,72	3	0,77	3,87
UFRRJ MSC044	6	11,35	24,43	7	5,49	34,43	7	0,58	3,67
UFRRJ MSC053	5	13,04	26,12	8	4,93	33,87	2	0,84	3,93
UFRRJ MSC072	1	18,32	31,40	4	8,23	37,17	5	0,66	3,75
UFRRJ MSC087	3	15,32	28,40	1	11,73	40,67	4	0,70	3,80

Legenda: NFP: número de frutos por planta; PTFf: peso total de frutos frescos; PTFs: peso total de frutos secos.

Em relação aos genótipos anteriormente mencionados (UFRRJ MSC072, UFRRJ MSC028, UFRRJ MSC087, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC053 e UFRRJ MSC044), e com base em modelos de regressão, verifica-se para a variável número de frutos por planta (NFP), que os genótipos apresentaram as mesmas tendências ou comportamentos. Para todos eles, o modelo cúbico foi o que mais se ajustou ao comportamento dos genótipos em relação à variável NFP (Figura 6).

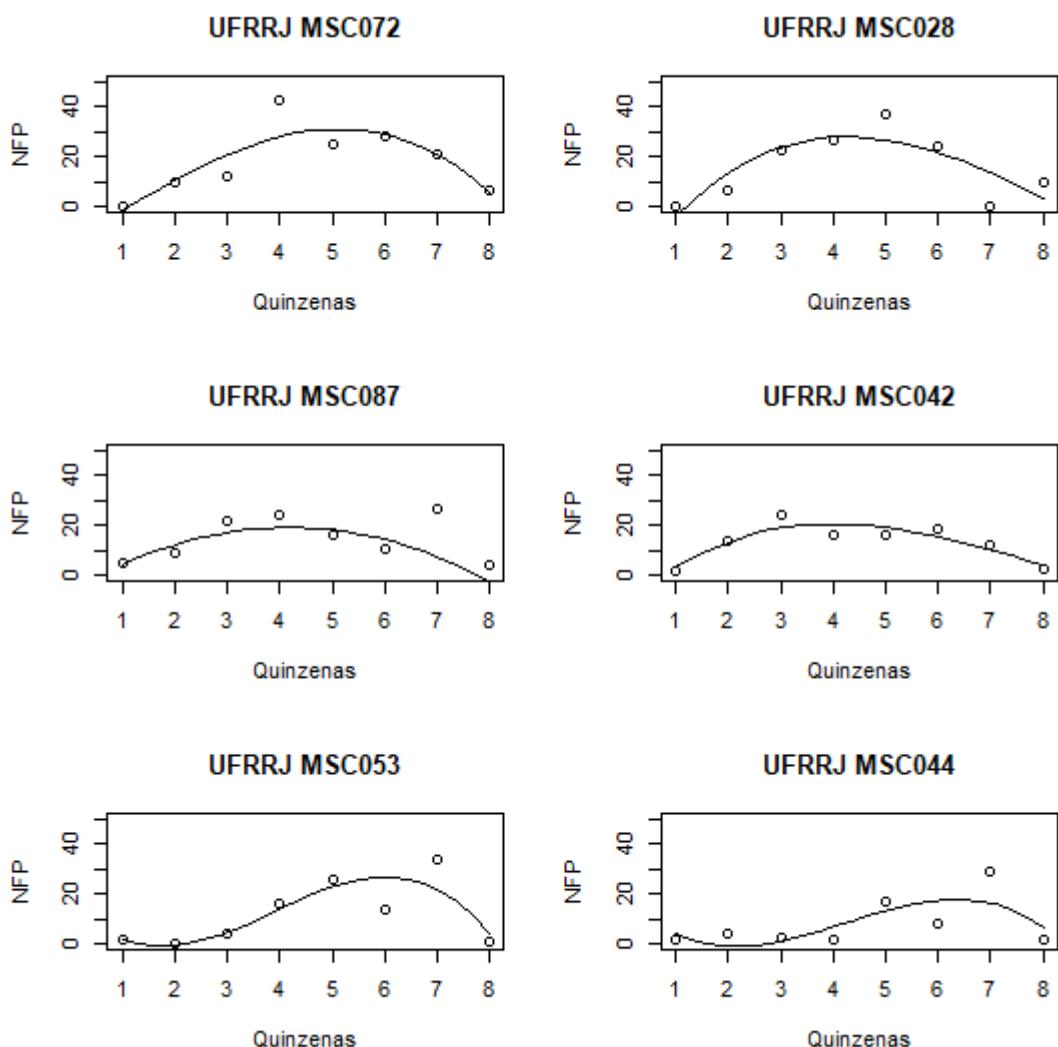


Figura 6. Modelos de regressão para a variável número de frutos produzidos por planta (NFP) mensurada em genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*) durante um ciclo completo de produção (8 quinzenas).

As equações que explicaram a produção do número de frutos por planta (NFP) foram as seguintes: $y = -14,857 + 13,629x - 0,08006x^2 - 0,161618x^3$, com $R^2 = 73,96\%$ (UFRRJ MSC072); $y = 17,2142 - 22,4109x + 8,19911x^2 - 0,699494x^3$, com $R^2 = 70,50$ (UFRRJ MSC053); $y = -12,6429 + 18,7626x - 3,12988x^2 + 0,131313x^3$, com $R^2 = 80,90$ (UFRRJ MSC042); $y = 19,7142 - 21,2259x + 6,58982x^2 - 0,517677x^3$, com $R^2 = 49,10$ (UFRRJ MSC044); $y = -29,3569 + 29,986x - 4,60386x^2 + 0,171714x^3$, com $R^2 = 69,70$ (UFRRJ MSC028); e $y = -5,8572 + 11,7344x - 1,32684x^2 + 0,010101x^3$, com $R^2 = 45,41$ (UFRRJ MSC087). É certo de que as estimativas relativas ao coeficiente de determinação (R^2) para os genótipos UFRRJ MSC044 e UFRRJ MSC087 foram muito baixas. Por isso, para eles, as

interpretações referentes aos seus respectivos comportamentos em relação ao NFP devem ser analisadas com muitas ressalvas.

Os modelos cúbicos sugerem dois pontos de inflexão na curva de produção do número de frutos por planta (NFP). Os gráficos referentes aos genótipos UFRRJ MSC053 e UFRRJ MSC028 (Figura 6), esses pontos de inflexão são notados de forma clara. Nos demais genótipos (UFRRJ MSC072, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC044 e UFRRJ MSC087) com destaque para o NFP, esse ponto adicional de inflexão não é visível (Figura 6). Porém, nestes genótipos nota-se claramente que esse ponto de inflexão não visível possa ocorrer no pico de produção de frutos, os quais ocorrem em diferentes momentos (ou quinzenas) entre os genótipos.

No genótipo UFRRJ MSC072 o pico de produção da variável número de frutos por planta (NFP) no início da terceira quinzena. Já no UFRRJ MSC028, o pico do NFP ocorre no início da quinta quinzena, enquanto no UFRRJ MSC087, no final da sexta quinzena. No genótipo UFRRJ MSC042, o pico do NFP ocorre entre a segunda e a terceira quinzena. Já os genótipos UFRRJ MSC053 e UFRRJ MSC044 tiveram o pico do NFP entre a sexta e sétima quinzena. Diante desses resultados, é possível inferir que entre os genótipos em destaque para o NFP, os picos de produção de frutos em melão-de-são-caetano em Seropédica/RJ, podem ocorrer em momentos distintos, a depender do genótipo. Alguns deles são mais precoces (UFRRJ MSC072 e UFRRJ MSC042) e outros, mais tardios (UFRRJ MSC028, UFRRJ MSC087, UFRRJ MSC053 e UFRRJ MSC044).

Considerando os mesmos genótipos anteriormente mencionados, nota-se na Figura 5 que, além do ganho em número de frutos, haverá também ganhos em relação ao número total de sementes (NTS) e ao peso total de sementes (PTS). Os ranqueamentos mostrados na Tabela 7 corroboram com esses resultados. Isso reforça a possibilidade e a viabilidade de interpretação dos resultados do ranqueamento estimado via Blup diretamente no gráfico PCA (Figura 5). No geral, os genótipos em questão também se apresentaram bem ranqueados para o aumento do peso total de arilo na planta (Figura 5 e Tabela 7).

Tabela 7. Ranqueamento (POS), estimativa de ganho de seleção (Ganho) e da nova média obtidos via Blup individual dos 6 genótipos de melão-de-são-caetano da coleção de germoplasma da UFRRJ mais bem ranqueados considerando quatro variáveis relacionadas à produção de frutos.

GENÓTIPOS	NTS	PTS	PTA	PTO
-----------	-----	-----	-----	-----

		POS	Ganho	Nova	Média	POS	Ganho	Nova	Média	POS	Ganho	Nova	Média
UFRRJ MSC028	2	44,15	113,0	2	2,06	5,76	11	0,058	0,37	1	3,1943	10,20	
UFRRJ MSC042	3	39,61	108,4	3	1,80	5,50	3	0,1212	0,43	3	2,8582	9,86	
UFRRJ MSC044	4	36,91	105,7	4	1,67	5,37	1	0,1355	0,45	5	2,4974	9,50	
UFRRJ MSC053	6	33,27	102,1	6	1,45	5,16	5	0,1052	0,42	4	2,6466	9,65	
UFRRJ MSC072	5	35,06	103,9	5	1,55	5,25	6	0,0975	0,41	6	2,3303	9,34	
UFRRJ MSC087	1	49,92	118,7	1	2,30	6,00	2	0,1293	0,44	2	3,1499	10,16	

Legenda: NTS: número total de sementes por genótipo; PTS: peso total de sementes secas por genótipo; PTA: peso total de arilo; PTO: produção total de frutos.

O aumento da produção de biomassa de frutos por planta em melão-de-são-caetano pode ocorrer via aumento do número de frutos por planta e/ou aumento do tamanho e do peso de frutos. No presente trabalho verificou-se que existe uma tendência para haver baixa correlação (ou até mesmo uma tendência oposta) entre as variáveis que compõem essas duas características. Neste sentido, a seleção de genótipos ou a produção de híbridos que agreguem, simultaneamente, alta produção de frutos e frutos maiores, pode se constituir em um importante gargalo no melhoramento do melão-de-são-caetano.

Verifica-se no presente trabalho que o genótipo UFRRJ MSC028 pode agregar, simultaneamente, produção de frutos e frutos maiores. Este genótipo foi elencado entre os genótipos com maior produção de frutos por planta (NFP). A Tabela 6 mostra que ele apresentou a segunda maior nova média para o NFP (29,64 frutos produzidos por mês durante o ciclo de produção = 4 meses). O genótipo UFRRJ MSC028 se destacou também por apresentar o sétimo maior comprimento médio de frutos (CMF) e o oitavo maior diâmetro médio de frutos (DMF), respectivamente, de 4,93 e 2,13 cm (Tabela 8). Com estes mesmos argumentos, vale também citar o genótipo UFRRJ MSC087, entre os 10 genótipos com maior comprimento e diâmetro de frutos (Tabela 8), e também o terceiro maior número de frutos por planta (NFP) (Tabela 6).

É importante também verificar combinações híbridas que resultem em progêniess segregantes que possam conter genótipos que expressem simultaneamente maior capacidade de produção de frutos e maior tamanho de frutos. Porém, o conhecimento do sucesso desta combinação em melão-de-são-caetano ainda é desconhecido. Estes estudos podem ser conduzidos a partir de hibridações envolvendo os genótipos UFRRJ MSC072, UFRRJ MSC053, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC044, UFRRJ MSC028 ou UFRRJ MSC087 com os genótipos UFRRJ MSC046, UFRRJ MSC70 ou UFRRJ MSC035. O primeiro grupo,

conforme já mencionado, é composto pelos genótipos mais bem ranqueados para o número de frutos por planta (NFP) (Tabela 6). Já o segundo grupo, se constitui de genótipos mais bem ranqueados para o comprimento (CMF) e diâmetro de frutos (DMF) (Tabela 8).

Tabela 8. Ranqueamento (POS), estimativa de ganho de seleção (Ganho) e da nova média obtidos via Blup individual dos 5 genótipos de melão-de-são-caetano da coleção de germoplasma da UFRRJ mais bem ranqueados considerando duas variáveis relacionadas à produção de frutos.

GENÓTIPOS	CMF			DMF		
	POS	Ganho	Nova Média	POS	Ganho	Nova Média
UFRRJ MSC 28	7	0,63	4,93	8	0,18	2,13
UFRRJ MSC 35	1	2,20	6,51	2	0,48	2,43
UFRRJ MSC 46	11	0,37	4,68	13	0,10	2,06
UFRRJ MSC 70	2	1,75	6,06	1	0,59	2,54
UFRRJ MSC 87	9	0,48	4,78	10	0,15	2,10

Legenda: CMF: comprimento médio de frutos; DMF: diâmetro médio de frutos.

Em se tratando do melhoramento populacional, os genótipos mais bem ranqueados para o número de frutos por planta (UFRRJ MSC072, UFRRJ MSC053, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC044, UFRRJ MSC028 e UFRRJ MSC087) (Figura 5 e Tabela 6) podem ter as suas progêneres recombinadas visando a continuidade do programa de melhoramento genético de melão-de-são-caetano na UFRRJ. Como estes genótipos tiveram as sementes produzidas via polinização aberta, é provável, que a nova população seja bastante segregante. Vale informar que a indicação final para compor uma nova população de acasalamento ao acaso ainda depende do conhecimento da distância genética entre estes genótipos, que pode ser conhecida a partir de uma caracterização morfoagronômica com maior amplitude, e o uso de marcadores de DNA. Neste caso, os riscos de redução da base genética de uma nova população poderão ser minimizados.

8. CONCLUSÕES

A partir dos resultados aqui expressos conclui-se que:

- I) Os coeficientes de repetibilidade estimados foram classificados como baixo para a maioria das variáveis analisadas, indicando haver um forte efeito ambiental sobre estas, fator este esperado ao considerarmos variáveis quantitativas e gerações iniciais de programas de melhoramento como é o caso. Do ponto de vista da seleção para aumento da produção de frutos, recomenda-se a seleção com base no número de frutos produzido por planta (NFP). Esta variável é mais promissora para ganhos genéticos superiores uma vez que as variâncias fenotípica e ambiental apresentaram proporcionalmente semelhantes. Um outro fator que permite classificar NFP como promissora é sua correlação com as variáveis intimamente ligadas à produção (peso total de frutos frescos e secos);
- II) A metodologia do Melhor Predictor Linear Não-Viesado (Blup) permitiu a estimativa dos valores fenotípicos permanentes ($u + fp$), a partir dos quais foram estimados também os ganhos de seleção e as médias esperadas após a seleção. Tais informações foram úteis na identificação e no ranqueamento dos genótipos com base nas variáveis avaliadas no presente trabalho.
- III) A análise de componentes principais utilizando os valores fenotípicos permanentes estimados via Melhor Predictor Linear Não-Viesado (Blup) foi eficiente em mostrar a dispersão dos genótipos e das variáveis num plano bidimensional. As variáveis intimamente ligadas à produção (número de frutos por planta (NFP), número total de sementes (NTS), peso total de sementes (PTS), peso total de frutos frescos (PTFf), peso total de frutos secos (PTFs), peso total de arilo (PTA) e produção total de frutos (PTO)) foram alocadas no quadrante inferior direito, juntamente com os genótipos UFRRJ MSC028, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC044, UFRRJ MSC053, UFRRJ MSC072 e UFRRJ MSC087. Já no quadrante inferior esquerdo encontram-se dispersos as demais variáveis e os genótipos UFRRJ MSC035, UFRRJ MSC046 e UFRRJ MSC070. Pode-se concluir também que as variáveis da produção apresentam correlação baixa com as variáveis de tamanho de fruto;
- IV) Considerando a variável número de frutos por planta (NFP) e os genótipos identificados como superiores para esta variável podemos o modelo de regressão cúbico foi o mais adequado para explicar o comportamento dos genótipos quanto

- ao NFP. O modelo infere que os genótipos apresentam picos de produção em épocas distintas;
- V) Dos genótipos estudados, os genótipos indicados para prosseguirem no Programa de Melhoramento da UFRRJ são os genótipos UFRRJ MSC028, UFRRJ MSC042, UFRRJ MSC044, UFRRJ MSC053, UFRRJ MSC072 e UFRRJ MSC087. Estes genótipos destacaram-se como superiores no número de frutos produzidos. Podemos destacar entre estes os genótipos UFRRJ MSC028 e UFRRJ MSC087 que também foram ranqueados entre os 10 genótipos com maiores comprimento e diâmetro médio de frutos.

9. REFERÊNCIAS

AMORIM, G.T.S. **Modo de reprodução preferencial em genótipos de vinca (*Catharathus roseus* [L.] G. Don).** 2019. 81f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia). Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Rio de Janeiro. 2019

ASSIS, J.P., SOUZA, 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 Medicinais**, Botucatu, v.17, n.4, p.505-514, 2015.

AVINASH, T.S., RAI, V.R. An ethanobotanical investigation of *Cucurbitaceae* from South India: a review. **Journal of Medicinal Plants Studies**, v.5, n.3, p. 250-254, 2017.

AYOUB, S.M., RAO, S., BYREGOUWDA, S.M., SATYANARAYANA, M.L., BHAT, N., SHRIDHAR, N.B., SHRIDHAR, P.B. Evaluation of hypoglycemic effect of *Momordica charantia* extract in distilled water in streptozotocin-diabetic rats. **Brazilian Journal of Veterinary Pathology**, v. 6, n. 2, p. 56-64, 2007.

BARBOSA, P.H.M. **Influência de inseticidas aplicados em cucurbitáceas na apicultura do estado de Goiás.** 2018. 29f. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Agronomia). Centro Universitário de Goiás – Uni-ANHANGUERA. Goiânia. 2018.

BEHERA, T.K., BEHERA, S., BHARATHI, L. K. Bitter gourd: botany, horticulture, breeding. In: RODOV, V.; SKIRVIN, R.; WERLEMARK, G. **Horticultural reviews**. New Jersey: Editora Jules Janick Purdue University, 2010, p. 101-141.

BEHERA, T.K., SUJERA, A.K., ISLAM, S., MUNCHI, A.D., SIDHU, A.S. Minor cucurbits. In: CSEKE, L. J.; KYRAKOSYAN, A.; KAUFMAN, P.B.; WESTFALL, M.V. **Handbook of Molecular and Cellular Methods in Biology and Medicine**. ‘CRC Press’, 2011, p.61-86.

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.

BORGES, R.M.; RESENDE, G.M.; LIMA, M.A.C.; DIAS, R.C.S.; LUBARINO, P.C.C.; OLIVEIRA, R.C.S.; GONÇALVES, N.P.S. Phenotypic variability among pumpkin accessions in the Brazilian semiarid. **Horticultura Brasileira**, v. 29, N. 4, p. 461-464, 2011.

BRASIL, Resolução RDC nº 10, de 9 de março de 2010. Dispõe sobre a “notificação de drogas vegetais junto à Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA) e dá outras providências”, constante do ANEXO I desta Resolução. Órgão emissor: ANVISA – Agência Nacional de Vigilância Sanitária. Disponível em: www.anvisa.gov.br =>. Acesso em: 4 de setembro de 2020.

BUSSAB, M.A. **Modelagem ambiental de uma casa de vegetação utilizando rede de osciladores Van Der Pol.** 2007. 109f. Tese (Doutorado). Escola Politécnica da Universidade de São Paulo. São Paulo. 2007.

CARDOSO, A.I.I. **Seleção recorrente em abobrinha ‘Piramoita’ (*Cucurbita moschata* Duch).** 2004. 148f. Tese (Livre-Docência). Faculdade de Ciências Agronômicas, UNESP. Botucatu. 2004.

CARDOSO, A.I.I. Seleção recorrente para produtividade e qualidade de frutos em abobrinha braquítica. **Horticultura Brasileira**, v. 25, N. 2, p. 143-148, 2007.

CARGNELUTTI FILHO, A., STORCK, L., LÚCIO, A.D. Ajuste de quadrado médio do erro em ensaios de competição de cultivares de milho pelo método Papadakis. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, N.4, p 467-473, 2003.

CARGNELUTTI FILHO, A., MARCHESAN, E., SILVA, L.S., TOEBE, M. Medidas de precisão experimental e número de repetições em ensaios de genótipos de arroz irrigado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, N.3, p336-343, 2012.

CARVALHO, L.P.; LANZA, M.A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J.W. Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, N.10, p1149-1155, 2003.

CARVALHO, L.P.; FARIAS, F.J.C.; MORELLO, C.L.; TEODORO, P.E. Uso da metodologia REML/Blup para seleção de genótipos de algodoeiro com maior adaptabilidade e estabilidade produtiva. **Bragantia**, v.75, n.3, 2016.

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

CORTES, D.F.M. **Desenvolvimento de linhagens de mamoeiro assistido por imagens digitais.** 2017. 159f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes. 2017.

COSTA, J.G. Estimativa de Repetibilidade de Alguns Caracteres de Produção em Mangueira. **Ciência Rural**, v.33, n.2, p.263-266, 2003.

DEY, S.S., SINGH, A.K., CHANDEL, D., BEHERA, T.K. Genetic diversity of bitter gourd (*Momordica charantia* L.) genotypes revealed by RAPD markers and agronomic traits. **Scientia Horticulturae**, v. 109, n. 1, p. 21-28, 2006.

ESQUINAS-ALCAZAR, J. T.; GULICK, P. J. **Genetic resources of cucurbitaceae.** Rome: IBPGR, 1983. 101 p. (IBPGR-82/84).

FARIA, F.A., BUENO, C.J., PAPA, M.F.S. Atividade fungitóxica de *Momordica charantia* L. no controle de *Sclerotium rolfsii* Sacc. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.31, n.3, p.383-389, 2009.

FERREIRA, M.A.J.F. **Sistema Reprodutivo e potencial para o melhoramento genético de uma população de melancia *Citrullus lunatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai.** 2000. 148f.

Tese (Doutorado em Agronomia). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. Piracicaba. 2000.

FERREIRA, R.T. **Seleção de genótipos de cedro australiano (*Toona ciliata*) via metodologia REML/Blup e marcadores de DNA.** 2009. 103f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes. 2009.

FREDA, S.A., LUVIELMO, M.M., RUTZ, J.K., ZAMBIAZI, R.C. Licopeno: efeito do processamento térmico sobre a estrutura química e biodisponibilidade. **Estudos Tecnológicos em Engenharia**, v.12, n.2, p. 1-23, 2018.

GAIKWAD, A.B.; BEHERA, T. K.; SINGH, A.K., CHANDEL, D.; KARIHALOO, A.L.; STAUB, J.E. Amplified fragment lenght polymorfism analysis provides strategies for improvement of Bittergourd (*Momordica charantia* L.). **HortScience**, v.43, n.1, p.127-133, 2008.

GODOY, A.R., OVIEDO, V.R.S., CASTRO, M.M., CARDOSO, A.I.I. Efeito da endogamia na produção de sementes de Pepino caipira. **Bragantia**, v. 65, n. 4, p. 569-573, 2006.

GOSH, S.; KHAN, M.K.; BHUIYAN, S.R.; AKTER, R.; SAMSUZZAMAN, M. Genetic diversity analysis in Bitter gourd (*Momordica charantia* L.). **Eco-friendlyAgriL J.** v.8, N.11, p.110-115, 2015.

GROVER, J.K.; YADAV, S.P. Pharmacological actions and potencial uses of *Momordica charantia*: a review. **Jornal of Etnopharmacology**, v. 93, p. 123-132, 2004.

HARLAN, J.R. Agricultural Origins: Center Noncenters. **Science**, v. 174, n. 4008, p. 468-474, 1971.

HARLAN, J.R. **Crops and Man.** American Society of Agronomy, Madison, Wisconsin, p. 468-474, 1975.

HEIDARI, M.; MOHAMMAD, M.M. Effect of rate and time of nitrogen application of fruit yield and accumulation of nutrient Elements in *Momordica charantia*. **Journal of The Saudi Society of Agricultural Sciences**, v. 11, n. 2, p.129-133, 2012.

HUMMER, K. E., HANCOCK, J. F. Vavilovian centers of plant diversity: implications and impacts. **HortScience**, v. 50, n. 6, p. 780-783, 2015

INMET – Instituto Nacional de Meteorologia. Disponível em:<https://tempo.inmetgov.br/TabelaEstacoes/A001>. Acesso em: 10/06/2021.

KOLE, C., KOLE, P., RANDUNU, K.M., CHOUDHARY, P., PODILA, R., KE, P.C., RAO, A.M., MARCUS, R.K. Nanobiotechnology can boost crop production and quality: first evidence from increased plant biomass, fruit yield and phytomedicine content in bitter melon (*Momordica charantia*). **BCM Biotechnology**, v.13, n.37, p.1-10, 2013.

KÖPPEN, W. **Climatología: con un estudio de los climas de La Tierra**, México: Fondo de Cultura Económica, 479 p. 1948.

LENZI, M., ORTH, A.I., GUERRA, T.M. Ecologia da polinização de *Momordica charantia* L. (*Curcubitaceae*), em Florianópolis, SC, Brasil. **Rev. Bras. Bot.**, v. 8, n.3, p.505-513, 2005.

LINS, S.R.O., OLIVEIRA, S.M.A., XAVIER, H.S., RANDAU, K.P. Prospeção fitoquímica de extratos de plantas e controle da podridão peduncular em manga. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.7, n. 1, p. 97-103, 2012.

LIRA JÚNIOR, J.S., BEZERRA, J.E.F., MOURA, R.J.M., SANTOS, V.F. Repetibilidade da produção, número e peso de fruto em cirigueira (*Spondias purpurea* L.). **Revista Brasileira de Fruticultura**, vol.36, no.1, p. 214-220, 2014.

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.

MARTINS NETO, D.A. **Coleção de base e coleção ativa: o banco de germoplasma de sorgo.** Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2010. 27 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Documentos, 99).

MARTUSCELLO, J.A., JANK, L., FONSECA, D.M., CRUZ, C.D., CUNHA, D.N.F.V., Repetibilidade de caracteres agronômicos em *Panicum maximun* Jacq. **Revista Brasileira de Zootecnia**, vol.36, no.6, p. 1975-1981, 2007.

NAOREM, J., DAKHO, J. Effect of phosphorus and potassium on yield and quality caracteres of Bitter gourd (*Momordica charantia* L.) ecotype “Mithipagal”. **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**, v.8, n.6, p.1686-1688, 2019.

NASS, L.L.; SIGRIST, M.S.; RIBEIRO, C.S.C.; REIFSCHNEIDER, F.J.B. Genetic resources: the basis for sustainable and competitive plant breeding. **Crop Breeeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. spe, p. 75-86, 2012.

NURDIANA, S., GOH, Y.M., AHMAD, H., DOM, S.M., AZMI, N.S., ZIN, N.S.N.M., EBRAHIMI, M. Changes in pancreatic histology insulin secretion and oxidative status in diabetic rats following treatment with *Ficus deltoidea* and vitexin. **BMC Complementary and Alternative Medicine**, v. 23, n. 290, 2017.

OLIVEIRA, A. J. M. **Estimativas de repetibilidade e herdabilidade de caracteres do morangueiro.** 2017. 37f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, 2017.

OLIVEIRA, J. S. **Recursos genéticos de Passiflora spp.: Diversidade genética, caracterização morfoagronômica, molecular, germinação e armazenamento de sementes.** 2018. 205f. Tese (Doutorado em Agronomia) Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, Brasília. 2018.

PAIVA, A.L.C.; TEIXEIRA, R.B.; YAMAKI, M.; MENEZES, G.R.O.; LEITE, C.D.S., TORRE, R.A. Análise de componentes principais em características de produção de aves de postura. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n.2, p. 285-288, 2010.

PEREIRA, A.V. Utilização de análise multivariada na caracterização de mandioca (*Manihot esculenta* Cranz). 1989. 180f. Tese (Doutorado em Agronomia) Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba. 1989.

PICKERSGILL, B. Domestication of plants in the Americas: insights from mendelian and molecular genetics. **Annals of Botany**, v.100, p.925-940, 2007.

PRIORI, D.; BARBIERI, R.L.; NIETZKE, R.S.; VASCONCELOS, C.S.; OLIVEIRA, C.S.; MISTURA, C.C.; COSTA, F.A. **Acervo do banco ativo de germoplasma de cucurbitáceas da Embrapa Clima Temperado – 2002 a 2010.** Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2010. 37 p. (Embrapa Clima Temperado. Documentos, 295).

PRIORI, D.; BARBIERI, R.L.; MISTURA, C.C.; VILLELA, J.C.B. Caracterização morfológica de variedades crioulas de abóboras (*Cucurbita maxima*) do sul do Brasil. **Revista Ceres**, v. 65, n. 4, p.337-345. 2018.

QUEIROZ, M.A. Germoplasm of Cucurbitaceae in Brazil. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.4, p.377-383. 2004.

RAHMAN, M.M. **Morphological characterization and diversity analysis in Bitter gourd (*Momordica charantia* L.).** 2015. 130f. Dissertação (Master of Science in Genetics and Plant Breeding). Sher-e-Bangla Agricultural University. Bangladesh. 2015.

REIS, M.V.M. **Lista preliminar de descritores, caracterização morfoagronômica e diversidade genética em germoplasma de Pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.).** 2013. 118f. Dissertação (Mestrado em Ciências). Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Seropédica. 2013.

RESENDE, M.D.V. Software SELEGEM-REML/Blup: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.16, p. 339-339, 2016.

RESENDE, M.D.V. Software SELEGEM-REML/Blup: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. **Embrapa Florestas**, v.1, n.1, p. 1-360. Colombo. 2007.

RESENDE, M.D.V., DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **PesqAgropecTrop**, v. 37, n.3, p. 182-194, 2007.

REYES, M. E. C., GILDEMACHER, B. H. AND JANSEN, G. J. 1994. Momordica L. In: **Plant resources of South-East Asia: Vegetables**. (Ed.: Siemonsma, J. S. and K. Piluek). Wageningen, The Netherlands, Pudoc Scientific Publishers 206-210.

RIBEIRO, N.V.S. **Comportamento de Progêneres de Pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) em Casa de Vegetação e no Campo Quanto a Variáveis Morfoagronômicas**. 2013. 80f. Dissertação (Mestrado em Ciências). Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Seropédica. 2013.

ROBINSON, R.W. Rationale and methods for producing hybrid cucurbits seed. **Journal of New Seeds**, v. 1, n.3/4, p. 1-47, 1999.

RODRIGUES, H.S., CRUZ, C.D., MACÊDO, J.L.V., RESENDE, M.D.V., LOPES, R., BORÉM, A. Genetic variability and progeny selection of Peach Palm via mixed models (REML/BLUP). **Acta Scientiarum**, v. 39, n.2, p. 165-173, 2017.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2019. Disponível em <http://www.r-project.org/> [cited 2020april].

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 Medicinais**, v.15, n.2, p.169-175, 2013.

SANTOS, D.D.M. **Avaliação do Efeito Inseticida de *Momordica charantia* L. (Cucurbitaceae) sobre *Lutzomyia longipalpis* (Diptera: Psychodidae), vetor da**

leishmaniose visceral no Brasil. 2018. 70f. Dissertação (Mestrado em Ciências Farmacêuticas). Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri. Diamantina. 2018.

SHAFIIN, W.N.S.S.W., ABLAH, N.L., FATIHAH, H.N.N., ALAM, M.A., MA'ARUP, R., JAHAN, M.S., MUSTAFA, K.A., ALIAS, N. Breeding strategies for enhancing nutrient content and quality in Cucurbitaceae: a Review. **International Journal of Vegetable Science**, 2020.

SILVA, D.J.H.; MOURA, M.C.C.L.; CASALI, V.W.D. Recursos genéticos do banco de germoplasma de hortaliças da UFV: histórico e expedições de coleta. **Horticultura Brasileira**, v. 19, n. 2, p.118-114, 2001.

SINGH, A. K. Cytogenetics and evolution in the *Cucurbitaceae*. In: BATES, D.M., ROBINSON, R.W., JEFFREY, C. **Biology and utilization of the Cucurbitaceae**, Cornell University Press, p. 10–28, 2019.

TAN, S.P.; KHA, T.C.; PARKS, T.C.; ROACH, P.D. Bitter melon (*Momordica charantia* L.) bioactive composition and health benefits: a review. **Food Reviews International**, v. 32, n. 2, p. 181–202, 2016.

VALDUGA, E. **Caracterização morfológica e análise de compostos bioativos em acesso de variedades crioulas de Cucurbitaceae**. 2017. 58f. Dissertação (Mestrado em Ciências). Universidade Federal de Pelotas. Pelotas. 2017.

VASCONCELLOS, M.E.C., GONÇALVES, P.S., PAIVA, J.R., VALOIS, A.C.C. Métodos de estimativa do coeficiente de repetibilidade no melhoramento da seringueira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.20, n.4, p.433-37, 1985.

VIRDI, J.; SIVAKAMI, S.; SHAHANI, S.; SUTHAR, A.C.; BANAVALIKAR, M.M.; BIYANI, M.K. Antihyperglycemic effects of three extracts from *Momordica charantia*. **Jornal of Ethnopharmacology**, v. 88, n. 1, p. 107-111, 2003.

WELIHINDA, J., ARVIDSON, G., GYLFE, E., HELLMAN, B., KARLSSON, E. The insulin-releasing activity of the tropical plant *Momordica charantia*. **Acta Biologica et Medica Germanica**, v. 41, n. 12, p. 1229-1240, 1982.

WHITAKER, T.W. Cytological e phylogenetic studies in the *Cucurbitaceae*. **Botanical Gazette**, v.94, n.4, p. 780-790, 1933.

XU, X.; SHAN, B.; LIAO, C.; XIE, J.H.; WEN, P.; SHI, J. Anti-diabetic properties of *Momordica charantia* L. polysaccharide in alloxan-induce diabetic mice. **International Journal of Biological Macromolecules**, v. 81, p. 538-543, 2015.

10. ANEXOS

ANEXO I

Tabela 9 – Estimativas de valor fenotípico permanente ($u + fp$) individual para as variáveis analisadas via Blup Total de Frutos (PTF) em genótipos de melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.) pertencentes a coleção de germoplasma da UFRRJ.

GENÓTIPOS	NFP	PTFf	PMFf	PTFs	PMFs	CMF	DMF	EPO	NTS	NSF	PTS	PMS	CMS	DMS	PTA	PMA	PTO
UFRRJ MSC002	9,11	24,65	2,62	2,62	0,22	4,07	1,85	1,14	54,49	5,72	2,94	0,05	8,35	4,58	0,25	0,01	5,57
UFRRJ MSC005	10,87	27,01	2,75	2,95	0,29	4,22	1,88	1,01	58,42	5,39	3,08	0,05	8,39	4,89	0,26	0,01	6,20
UFRRJ MSC014	9,59	25,58	2,30	2,80	0,22	4,16	1,82	1,14	75,50	5,75	3,86	0,05	8,43	4,90	0,30	0,01	6,76
UFRRJ MSC018	9,11	24,52	2,51	2,93	0,31	4,26	1,94	0,88	57,63	5,62	2,92	0,05	8,98	4,92	0,26	0,01	5,68
UFRRJ MSC022	11,65	29,79	3,35	2,87	0,17	4,50	1,99	1,06	62,48	5,29	3,50	0,06	8,71	5,10	0,26	0,01	6,47
UFRRJ MSC027	7,74	21,43	1,80	2,47	0,16	3,90	2,04	0,80	42,16	4,96	2,42	0,06	8,52	4,85	0,25	0,01	4,84
UFRRJ MSC028	27,88	39,07	2,41	4,10	0,26	4,34	1,98	0,73	107,19	5,29	5,52	0,06	8,29	4,65	0,30	0,01	10,20
UFRRJ MSC035	5,48	31,06	17,12	3,52	2,93	6,51	2,32	2,29	65,75	5,60	3,78	0,11	8,90	5,08	0,35	0,01	7,90
UFRRJ MSC042	23,58	36,44	2,27	3,73	0,23	3,77	1,73	0,75	99,32	5,39	4,99	0,05	8,42	4,70	0,42	0,01	9,28
UFRRJ MSC044	15,95	30,31	2,83	3,43	0,25	4,14	1,93	0,71	97,62	5,72	4,96	0,06	8,34	4,78	0,45	0,01	8,91
UFRRJ MSC046	5,49	30,99	6,36	2,84	0,51	4,20	1,90	1,71	50,08	5,91	3,77	0,10	12,06	6,45	0,31	0,01	6,70
UFRRJ MSC053	21,82	29,90	2,03	3,77	0,24	3,90	1,76	0,83	93,16	5,44	4,70	0,05	8,27	4,77	0,38	0,01	9,02
UFRRJ MSC055	8,91	24,12	2,79	2,76	0,36	4,54	2,19	1,10	52,65	5,58	2,94	0,06	8,62	4,77	0,24	0,01	5,74
UFRRJ MSC056	11,32	26,00	2,69	3,20	0,35	4,54	2,01	0,93	48,87	5,17	2,80	0,06	8,82	4,89	0,26	0,01	6,24
UFRRJ MSC059	10,87	26,94	2,42	3,22	0,35	3,89	1,83	0,96	72,05	6,00	3,62	0,05	9,46	5,35	0,41	0,01	7,23
UFRRJ MSC062	9,89	28,07	3,26	2,85	0,32	4,08	1,97	0,95	68,25	5,95	3,74	0,06	9,30	5,22	0,36	0,01	6,80

UFRRJ MSC070	4,22	29,48	12,92	2,69	0,96	5,61	2,54	3,74	40,33	5,95	2,61	0,10	10,83	6,54	0,27	0,01	5,33
UFRRJ MSC071	10,87	24,18	2,20	2,70	0,20	4,04	1,71	0,74	53,31	5,25	2,88	0,05	8,56	4,97	0,24	0,01	5,61
UFRRJ MSC072	31,40	32,50	1,72	3,57	0,13	3,74	1,86	0,70	96,44	5,15	4,77	0,05	7,73	4,66	0,37	0,01	8,50
UFRRJ MSC083	7,67	26,63	3,60	2,82	0,41	3,62	1,77	0,61	50,08	5,67	2,84	0,05	8,39	4,82	0,24	0,01	5,70
UFRRJ MSC086	8,40	27,33	3,57	2,61	0,23	4,49	2,00	0,81	49,17	5,37	2,79	0,06	8,85	4,97	0,25	0,01	5,35
UFRRJ MSC087	25,93	40,67	2,49	3,59	0,18	4,24	1,96	0,92	118,73	5,62	6,00	0,05	8,37	4,78	0,44	0,01	10,11

Legenda: NFP: número de frutos por planta; PTFF: peso total de frutos frescos; PMFF: peso médio de fruto fresco; PTFs: peso total de frutos secos; PMFs: peso médio de fruto seco; CMF: comprimento médio de fruto; DMF: diâmetro médio de fruto; NTS: número total de sementes por genótipo; NSF: número médio de sementes por fruto; PTS: peso total de sementes secas por genótipo; PMS: peso médio de semente secas; CMS: comprimento médio de sementes; DMS: diâmetro médio de sementes; EPO: espessura média de polpa; PTA: peso total de arilo; PMA: peso médio de arilo; PTO: produção total de frutos.

ANEXO II

Tabela 10 –Rankeamento (POS), estimativa de ganho de seleção (Ganho) e da nova média obtidos via Blup individual dos genótipos de melão-de-são-caetano da coleção de germoplasma da UFRRJ com base em 7 variáveis estudadas.

GENÓTIPOS	NFP			PTFf			PMFf			PTFs			PMFs			CMF			DMF		
	POS	Ganho	Nova Média	POS	Ganho	Nova Média	POS	Ganho	Nova Média	POS	Ganho	Nova Média	POS	Ganho	Nova Média	POS	Ganho	Nova Média	POS	Ganho	Nova Média
UFRRJ MSC002	14	3,40	16,48	18	1,20	30,13	12	1,41	5,32	20	0,06	3,15	16	0,09	0,51	15	0,22	4,53	16	0,07	2,02
UFRRJ MSC005	9	6,97	20,04	13	2,80	31,74	10	1,95	5,85	10	0,42	3,51	10	0,26	0,68	10	0,42	4,73	14	0,09	2,05
UFRRJ MSC014	13	3,97	17,05	17	1,52	30,46	17	0,56	4,47	16	0,17	3,26	17	0,07	0,50	12	0,33	4,64	18	0,05	2,00
UFRRJ MSC018	15	2,91	15,99	19	0,90	29,84	13	1,20	5,10	11	0,36	3,46	9	0,30	0,72	8	0,54	4,85	11	0,13	2,08
UFRRJ MSC022	7	9,52	22,60	9	4,48	33,41	6	3,91	7,82	12	0,31	3,41	20	0,03	0,45	5	0,83	5,14	7	0,20	2,15
UFRRJ MSC027	18	1,64	14,71	22	0,00	28,94	21	0,10	4,01	22	0,00	3,09	21	0,01	0,44	18	0,12	4,43	4	0,32	2,27
UFRRJ MSC028	2	16,56	29,64	2	10,93	39,87	16	0,70	4,60	1	1,00	4,10	11	0,22	0,64	7	0,63	4,93	8	0,18	2,13
UFRRJ MSC035	21	0,42	13,50	5	7,01	35,95	1	13,21	17,12	6	0,62	3,71	1	2,51	2,93	1	2,20	6,51	2	0,48	2,43
UFRRJ MSC042	4	14,12	27,20	3	9,78	38,72	18	0,44	4,35	3	0,77	3,87	14	0,13	0,56	20	0,06	4,37	21	0,01	1,96
UFRRJ MSC044	6	11,35	24,43	7	5,49	34,43	8	2,72	6,63	7	0,58	3,67	12	0,19	0,61	13	0,29	4,60	12	0,12	2,07
UFRRJ MSC046	20	0,82	13,90	6	6,18	35,12	3	8,23	12,13	14	0,23	3,33	3	1,04	1,47	11	0,37	4,68	13	0,10	2,06
UFRRJ MSC053	5	13,04	26,12	8	4,93	33,87	20	0,22	4,12	2	0,84	3,93	13	0,16	0,58	17	0,15	4,46	20	0,02	1,98
UFRRJ MSC055	16	2,47	15,55	21	0,36	29,30	9	2,29	6,20	17	0,14	3,23	5	0,61	1,03	3	1,25	5,55	3	0,40	2,35
UFRRJ MSC056	8	8,11	21,19	16	1,82	30,76	11	1,66	5,57	9	0,48	3,57	6	0,50	0,92	4	0,99	5,30	5	0,27	2,22
UFRRJ MSC059	10	6,05	19,13	14	2,46	31,40	15	0,84	4,75	8	0,52	3,62	7	0,42	0,84	19	0,09	4,40	17	0,06	2,01
UFRRJ MSC062	12	4,59	17,67	11	3,63	32,57	7	3,26	7,17	13	0,27	3,36	8	0,35	0,77	14	0,25	4,56	9	0,16	2,11
UFRRJ MSC070	22	0,00	13,08	10	4,08	33,02	2	11,11	15,02	19	0,08	3,18	2	1,52	1,94	2	1,75	6,06	1	0,59	2,54

UFRRJ MSC071	11	5,30	18,37	20	0,62	29,56	19	0,33	4,23	18	0,11	3,20	18	0,06	0,48	16	0,19	4,50	22	0,00	1,95
UFRRJ MSC072	1	18,32	31,40	4	8,23	37,17	22	0,00	3,91	5	0,66	3,75	22	0,00	0,42	21	0,03	4,34	15	0,08	2,03
UFRRJ MSC083	19	1,27	14,34	15	2,14	31,08	4	6,09	10,00	15	0,20	3,29	4	0,78	1,20	22	0,00	4,31	19	0,03	1,99
UFRRJ MSC086	17	2,05	15,13	12	3,19	32,13	5	4,81	8,71	21	0,03	3,12	15	0,11	0,53	6	0,72	5,03	6	0,23	2,18
UFRRJ MSC087	3	15,32	28,40	1	11,73	40,67	14	1,01	4,92	4	0,70	3,80	19	0,04	0,46	9	0,48	4,78	10	0,15	2,10

Legenda: NFP: número de frutos por planta; PTFF: peso total de frutos frescos; PMFF: peso médio de fruto fresco; PTFs: peso total de frutos secos; PMFs: peso médio de fruto seco; CMF: comprimento médio de fruto; DMF: diâmetro médio de fruto.

ANEXO III

Tabela 11 – Ranqueamento (POS), estimativa de ganho de seleção (Ganho) e da nova média obtidos via Blup individual dos genótipos de melão-de-são-caetano da coleção de germoplasma da UFRRJ com base em 6 variáveis estudadas.

GENÓTIPOS	NTS			NSF			PTS			PMS			CMS			DMS		
	POS	Ganho	Nova Média															
UFRRJ MSC002	14	11,70	80,50	7	0,32	5,86	14	0,53	4,23	18	0,00	0,06	18	0,15	9,00	22	0,00	5,03
UFRRJ MSC005	12	15,77	84,58	15	0,15	5,69	13	0,63	4,33	17	0,00	0,06	16	0,23	9,08	11	0,28	5,31
UFRRJ MSC014	7	29,48	98,28	5	0,38	5,91	7	1,27	4,97	16	0,00	0,06	13	0,39	9,23	10	0,32	5,35
UFRRJ MSC018	13	13,70	82,50	10	0,26	5,79	16	0,37	4,07	19	0,00	0,06	5	1,28	10,13	9	0,37	5,40
UFRRJ MSC022	11	18,15	86,95	18	0,09	5,63	12	0,73	4,43	5	0,02	0,09	9	0,70	9,55	5	0,70	5,73
UFRRJ MSC027	21	1,36	70,16	22	0,00	5,54	22	0,00	3,70	8	0,01	0,07	12	0,46	9,30	13	0,21	5,24
UFRRJ MSC028	2	44,15	112,96	17	0,11	5,65	2	2,06	5,76	11	0,01	0,07	20	0,08	8,93	21	0,02	5,05
UFRRJ MSC035	10	20,60	89,40	11	0,24	5,78	8	1,12	4,82	1	0,05	0,11	6	1,08	9,92	6	0,59	5,62
UFRRJ MSC042	3	39,61	108,41	14	0,17	5,71	3	1,80	5,50	12	0,01	0,07	14	0,33	9,18	19	0,06	5,09
UFRRJ MSC044	4	36,91	105,71	6	0,34	5,88	4	1,67	5,37	7	0,02	0,08	19	0,12	8,96	15	0,15	5,18
UFRRJ MSC046	17	6,67	75,47	4	0,42	5,96	9	1,00	4,70	3	0,04	0,10	1	3,21	12,06	2	1,47	6,50
UFRRJ MSC053	6	33,27	102,08	13	0,20	5,73	6	1,45	5,16	22	0,00	0,06	21	0,05	8,90	17	0,10	5,13
UFRRJ MSC055	16	8,26	77,06	12	0,22	5,76	15	0,44	4,14	10	0,01	0,07	10	0,61	9,45	18	0,08	5,11
UFRRJ MSC056	20	2,76	71,56	20	0,05	5,58	19	0,17	3,87	6	0,02	0,08	8	0,81	9,65	12	0,24	5,27
UFRRJ MSC059	8	26,20	95,00	1	0,46	6,00	11	0,82	4,52	20	0,00	0,06	3	1,94	10,78	3	1,08	6,11
UFRRJ MSC062	9	23,23	92,03	3	0,43	5,97	10	0,91	4,61	4	0,03	0,09	4	1,57	10,41	4	0,86	5,89
UFRRJ MSC070	22	0,00	68,80	2	0,44	5,98	21	0,06	3,76	2	0,05	0,11	2	2,60	11,44	1	1,51	6,54
UFRRJ MSC071	15	9,89	78,69	19	0,07	5,61	17	0,30	4,00	15	0,00	0,07	11	0,53	9,37	7	0,50	5,53

UFRRJ MSC072	5	35,06	103,86	21	0,03	5,56	5	1,55	5,25	21	0,00	0,06	22	0,00	8,84	20	0,04	5,07
UFRRJ MSC083	18	5,26	74,06	8	0,30	5,83	18	0,23	3,93	13	0,01	0,07	15	0,28	9,12	14	0,18	5,21
UFRRJ MSC086	19	3,95	72,75	16	0,13	5,67	20	0,12	3,82	9	0,01	0,07	7	0,93	9,77	8	0,43	5,46
UFRRJ MSC087	1	49,92	118,73	9	0,27	5,81	1	2,30	6,00	14	0,01	0,07	17	0,19	9,04	16	0,13	5,16

Legenda: NTS: número total de sementes por genótipo; NSF: número médio de sementes por fruto; PTS: peso total de sementes secas por genótipo; PMS: peso médio de semente secas; CMS: comprimento médio de sementes; DMS: diâmetro médio de sementes.

ANEXO IV

Tabela 12 – Ranqueamento (POS), estimativa de ganho de seleção (Ganho) e da nova média obtidos via Blup individual dos genótipos de melão-de-são-caetano da coleção de germoplasma da UFRRJ com base em 4 variáveis estudadas.

GENÓTIPOS	EPO			PMA			PTA			PTO		
	POS	Ganho	Nova Média	POS	Ganho	Nova Média	POS	Ganho	Nova Média	POS	Ganho	Nova Média
UFRRJ MSC002	5	0,89	2,01	22	0,0000	0,0080	19	0,011	0,3232	19	0,289	7,2945
UFRRJ MSC005	8	0,54	1,65	16	0,0003	0,0084	13	0,0425	0,3547	14	0,8736	7,8791
UFRRJ MSC014	4	1,11	2,22	14	0,0005	0,0085	10	0,0654	0,3776	10	1,4644	8,4699
UFRRJ MSC018	13	0,26	1,37	18	0,0002	0,0083	14	0,036	0,3481	17	0,49	7,4954
UFRRJ MSC022	7	0,63	1,74	19	0,0002	0,0082	16	0,025	0,3372	12	1,15	8,1555
UFRRJ MSC027	16	0,15	1,27	9	0,0009	0,0089	18	0,0153	0,3275	22	0	7,0055
UFRRJ MSC028	19	0,07	1,18	21	0,0001	0,0081	11	0,058	0,3702	1	3,1943	10,1998
UFRRJ MSC035	2	1,90	3,02	2	0,0028	0,0109	8	0,0833	0,3955	7	2,1245	9,13
UFRRJ MSC042	17	0,12	1,24	13	0,0005	0,0086	3	0,1212	0,4334	3	2,8582	9,8637
UFRRJ MSC044	20	0,05	1,16	11	0,0007	0,0087	1	0,1355	0,4477	5	2,4974	9,5029
UFRRJ MSC046	3	1,47	2,58	3	0,0022	0,0103	9	0,0738	0,386	11	1,3031	8,3086
UFRRJ MSC053	14	0,22	1,33	6	0,0013	0,0093	5	0,1052	0,4174	4	2,6466	9,6521
UFRRJ MSC055	6	0,74	1,85	7	0,0011	0,0092	20	0,0071	0,3193	15	0,7308	7,7363
UFRRJ MSC056	11	0,34	1,46	8	0,0010	0,0090	15	0,0303	0,3424	13	1,0027	8,0082
UFRRJ MSC059	9	0,46	1,57	5	0,0015	0,0096	4	0,1147	0,4269	8	1,887	8,8925
UFRRJ MSC062	10	0,40	1,51	4	0,0018	0,0099	7	0,0898	0,402	9	1,6542	8,6597
UFRRJ MSC070	1	2,63	3,74	1	0,0028	0,0109	12	0,0501	0,3623	21	0,1032	7,1086
UFRRJ MSC071	18	0,10	1,21	20	0,0001	0,0082	22	0	0,3122	18	0,385	7,3905

UFRRJ MSC072	21	0,02	1,14	12	0,0006	0,0087	6	0,0975	0,4097	6	2,3303	9,3358
UFRRJ MSC083	22	0,00	1,11	10	0,0008	0,0088	21	0,0035	0,3157	16	0,6037	7,6092
UFRRJ MSC086	15	0,18	1,30	17	0,0003	0,0083	17	0,0201	0,3323	20	0,1918	7,1973
UFRRJ MSC087	12	0,30	1,41	15	0,0004	0,0084	2	0,1293	0,4415	2	3,1499	10,1554

Legenda: EPO: Espessura Média de Polpa; PMA: peso médio de arilo; PTA: peso total de arilo; PTO: produção total de frutos.