



DIVERSIDADE GENÉTICA COM BASE NA EMISSÃO FLORAL EM MELÃO-DE-SÃO-CAETANO

Mayara de Mello Marques¹; Thaísa de Oliveira Silveira²; Pedro Corrêa Damasceno Junior³

^{1,2}Bolsista CAPES, Mestranda no Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, IA/UFRRJ, e-mail:marquesmmayara@gmail.com; ²e-mail: thaiisa_oliveira@hotmail.com; ³ Professor do Departamento de Fitotecnia, UFRRJ.

Área de concentração: Produção vegetal

O melão-de-são-caetano (*Momordica charantia*), da família das cucurbitáceas, tem sido amplamente utilizada na medicina popular devido a sua ação hipoglicêmica. É uma espécie monóica, apresentando dicogamia, com início de produção de flores femininas em aproximadamente 40 dias após o início da produção de flores masculinas. A sincronia na floração é uma peça chave para o melhoramento pois interfere diretamente nas estratégias de cruzamentos e produção de híbridos. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi estimar a diversidade genética entre genótipos do banco de germoplasma de melão-de-são-caetano da UFRRJ (Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro) com base na emissão de flores masculinas e femininas. O experimento foi implantado em maio de 2019, em casa de vegetação. Foram plantados 91 genótipos de melão-de-são-caetano provenientes de 12 diferentes estados brasileiros, os quais foram caracterizados com base em 4 descritores propostos relacionados à biologia floral avaliados no mês de setembro de 2019, sendo eles: número de flores femininas, número de flores masculinas, razão flores femininas/flores masculinas e número de abortos. Os resultados obtidos foram normalizados e estimou-se as distâncias genéticas via Distância Euclidiana, dando origem a matriz de distâncias (fenética). A análise de agrupamento foi realizada utilizando o algoritmo UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages*), dando origem a uma matriz de agrupamento (cofenética). Foi estimada a correlação cofenética para estimativa da consistência dos dados. Tais dados deram origem a um dendrograma de dissimilaridade genética e em seguida foram estimados o número de grupos ótimos por meio do algoritmo de Kelly-Gardner-Sutcliffe. Todas as análises foram realizadas no programa R, versão i386 3.6.0. A correlação cofenética estimada foi de 0,84 o que mostra que existe uma alta correlação entre as matrizes fenética e cofenética. O dendrograma gerado apresentou dois grandes grupos, um deles abrigando 4 grupos ótimos, os quais juntos abrigaram 17,6% dos genótipos. O segundo grande grupo abrigou o maior número de genótipos, os quais se subdividiram em 5 grupos ótimos, totalizando 9 grupos estatisticamente distintos. O resultado mostra que existe uma alta diversidade genética entre os genótipos em relação à sincronia da floração, devido ao elevado número de grupos ótimos formados. Tais informações servirão para dar prosseguimento ao Programa de Melhoramento Genético da cultura.

Palavras-chave: *Momordica charantia*; biologia floral, melhoramento genético.

Agências financiadoras: CAPES