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

SILVEIRA, T.O. (Estudante de MSc do PPGF, Bolsista do(a)Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES); **DAMASCENO JUNIOR, P.C.** (Orientador, Departamento de Fitotecnia).

O melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.), pertencente a família Cucurbitáceas, apresenta alto potencial para a produção de princípios ativos importantes no tratamento de diversas doenças, como por exemplo, o diabetes. Apesar deste potencial, até o momento, não existem genótipos recomendados para o plantio. Por isso, trabalhos de melhoramento genético são de extrema importância para obtenção de genótipos produtivos. Análises da diversidade genética são importantes para a identificação de genótipos distantes geneticamente, que podem ser envolvidos em cruzamentos para obtenção de populações superiores. Sabe-se que a heterose, ou vigor híbrido, pode ser alcançada a partir do cruzamento de genótipos distantes, desde que sejam produtivos. O objetivo deste trabalho, inicialmente, foi propor uma lista de descritores morfoagronômicos para a cultura do melão-de-são-caetano (*Momordica charantia* L.). Estes serão aplicados a fim de se conhecer a diversidade genética, via análises multivariadas, entre os genótipos da coleção de germoplasma da UFRRJ, e recomendar cruzamentos para obtenção de populações superiores. Para tal, serão caracterizados e avaliados 88 genótipos oriundos de diversos estados brasileiros. Serão desenvolvidos 55 descritores morfológicos e agronômicos (qualitativos e quantitativos). As plantas serão mensuradas em relação a estes descritores. Os dados obtidos serão submetidos a análise dos autovetores associados aos autovalores via componentes principais (PCA). Em seguida, os descritores mais discriminativos serão submetidos as análises de agrupamento via UPGMA e Tocher, e novamente a análise de PCA para a estimação da diversidade genética entre os genótipos analisados. A partir do dendrograma e dos planos de dispersão gerados, serão identificados os genótipos mais distantes. Por fim, serão recomendados cruzamentos entre os mais distantes desde que estes sejam superiores em relação a produção de frutos e de sementes.

Data da apresentação: 21/09/2020 Assinatura do orientador: