

Diversité génétique des cultivars locaux de melon (*Cucumis melo* L.) collecté au sud tunisien: Valorisation pour un programme de sélection et de conservation génétique

Genetic diversity of local cultivars of melon (*Cucumis melo* L.) collected in Southern Tunisia: Valorization for a selection and genetic conservation program

Mokhtar Elbekkay^{1*}, Hammadi Hamza¹, Ali Ferchichi¹ & Naceur Djebali²

¹Laboratoire d'Aridoculture et Cultures Oasiennes, Institut des Régions Arides (IRA) de Médenine, Université de Gabès, 4119 Médenine, Gabès, Tunisie.

²Laboratoire des Substances Bioactives, Centre de Biotechnologie de Borj Cedria (CBBC), BP 901 Hammam-Lif 2050, Borj Cedria, Tunisie.

Article info

Histoire :

Reçu le 15/01/2022

Accepté le 13/03/2022

Mots-Clés : *Cucumis melo*, Oasis, Diversité génétique, marqueurs morphologiques, marqueurs RAPD.

* Auteur correspondant

mokhtar123ira@gmail.com

Article info

Article history:

Received 15/01/2022

Accepted 13/03/2022

Keywords: *Cucumis melo*, Oasis, Genetic diversity, morphological markers, RAPD markers.



Copyright©2022 JOASD

* Corresponding author

mokhtar123ira@gmail.com

Conflict of Interest: The authors declare no conflict of interest

Résumé

Ce travail a pour objectif d'étudier la diversité génétique des cultivars locaux de melon collecté au sud tunisien. La caractérisation morphologique de 22 cultivars locaux de melon en se basant sur 32 traits a montré qu'ils se distinguent de la variété commerciale Ananas. En effet, les cultivars locaux du Sud se caractérisent par leur précocité, avec des fruits de plus gros calibre et une faible teneur en sucre. La diversité moléculaire des cultivars de melon, évaluée à l'aide de quatre marqueurs RAPD, a montré un taux de polymorphisme global de 95 %. L'analyse ACP selon les trois premiers axes qui résument 54,7 % de la variabilité totale indique une séparation nette entre la variété Ananas et les cultivars locaux. Les corrélations entre les matrices de distance des données morphologiques et des données moléculaires ont montré que les paramètres longueur des fruits, diamètre des fruits, taille de l'attache pistillaire et l'épaisseur maximal de la chair sont significativement corrélés avec plusieurs marqueurs RAPD. Cette étude a montré une nette distinction entre les cultivars locaux de melon et celui commercial, ce qui a un impact pratique par la sélection des cultivars les plus intéressants ou leur utilisation comme géniteurs pour améliorer les variétés commerciales.

Abstract

This work has the objective to study the genetic diversity and to evaluate the agronomic potential of local melon cultivars collected in Southern Tunisia. The morphological characterization of 22 local cultivars of melon based on 32 traits showed that they differ from the commercial variety Ananas. Indeed, the local cultivars are characterized by an early production, larger size and low sugar content of fruit. The genetic diversity of the melon cultivars, assessed using four RAPD markers, showed a polymorphism rate of 95 %. The PCA analysis according to the first three axes which explain 54.7% of total variability indicates a clear distinction between the Ananas variety and the local cultivars. The correlations between distance matrices of the morphological and the molecular data showed that the fruit length, fruit diameter, size of pistil scar and maximum thickness of flesh are significantly correlated with some RAPD markers. This study showed the clear distinction of the local melon cultivars in comparison to the commercial one, which has practical impact by the use of local genotypes to improve some traits in the commercial melon cultivars.

1. INTRODUCTION

Le melon (*Cucumis melo* L. ; $2n = 2x = 24$) est une espèce tropicale de l'ancien monde et son origine géographique n'est pas encore claire. L'Afrique est considérée comme le centre d'origine du melon (Schaefer *et al.*, 2009 ; Trimech *et al.*, 2015). Le melon a été domestiqué pour la première fois en Égypte et en Iran au cours des deuxième et troisième millénaires avant JC, respectivement (Pitrat, 2015). Le principal centre de diversité du melon est situé en Asie, du bassin méditerranéen (Turquie) à l'Asie centrale (Iran, Ouzbékistan) en passant par l'Inde et l'Asie de l'Est (Chine, Corée) (Schaefer *et al.*, 2009 ; Fergany *et al.*, 2011, Rad *et al.*, 2017).

En Tunisie, le melon est cultivé en plein champ (8060 ha ; <http://faostat.fao.org/>) et sous serres dans les régions de Béja, Jendouba, Sfax, Gafsa, l'oasis de Tozeur, Gabès, Kairouan, Sidi Bouzid et le Sahel. Actuellement, les cultivars les plus utilisés sont introduits à savoir le Charentais (Pancha F1), le Galia (Gallicum F1, Alma F1), le Canari jaune (Jango F1, Gold mine F1) et le melon ananas (Afamia F1) caractérisés à la fois par une productivité élevée et teneur élevée en sucre. Ces cultivars améliorés ont remplacé en grande partie les variétés traditionnelles les plus connues *Maazoun* et *Galaoui* dont la culture est confinée à de petites zones, alors que d'autres cultivars locaux telles que *Bouricha*, *Kasbar*, *Souri*, *Stambouli*, *Bouzemzouma*, *Chefli*, *Gaouane* et *Abdelaoui* ont été carrément abandonnées (Novikof, 1951; Jebbari *et al.*, 2004 ; Hamza, 2015 ; Trimech *et al.*, 2015).

Le melon présente d'énormes variations dans les caractéristiques des fruits telles que la taille, la forme, la couleur, le goût, la texture et la composition biochimique. Les informations sur la variation génétique du matériel génétique du melon des régions arides au Sud de la Tunisie font défaut dans la littérature. Novikof (1951), Elbakkay *et al.* (2008) et Benouan *et al.* (2014) ont souligné que la variation génétique du melon du nord et du centre de la Tunisie pourrait ne pas représenter la diversité génétique présente dans les périmètres irrigués et les oasis au Sud. Ils ont recommandé que des collections supplémentaires de ressources génétiques du melon soient faites dans le sud pour enrichir les collections nationales existantes de melon.

Dans ce travail des cultivars locaux de melon collectés au Sud de la Tunisie ont été caractérisés selon divers traits morphologiques et 4 marqueurs moléculaires RAPD, et comparés

à deux cultivars collectés au Nord du pays et une variété commerciale Ananas.

2. MATERIEL ET METHODES

2.1. Matériel végétal

L'étude de la diversité génétique et morphologique des cultivars locaux de melon en Tunisie a été focalisée sur 22 accessions collectées et conservées au Laboratoire d'Aridocultures et Cultures Oasiennes de l'IRA Médenine. Les provenances des cultivars locaux étudiés sont présentées au niveau du Tableau 1. Les semences de vingt-deux cultivars locaux de melon en plus de la variété commerciale Ananas ont été mises en culture sous serre chauffée et irriguée par de l'eau géothermique à la station expérimentale de l'Institut des régions arides (IRA) à Kébili dans le sud de la Tunisie. L'espacement des plantes a été de 0,8 m × 0,5 m entre et sur les lignes, respectivement. La solution de fertigation a été préparée en utilisant des engrais chimiques assurant une nutrition minérale complète de la culture. L'essai a été conduit selon un dispositif expérimental en blocs complètement randomisés avec trois blocs et trois répétitions par bloc. Les plantes ont servi à la fois pour les observations morphologiques et le prélèvement des échantillons pour l'extraction d'ADN.

2. Les paramètres morphologiques étudiés

La caractérisation morphologique des cultivars a été faite selon le descripteur de l'UPOV pour le melon sur la base de 40 traits englobant les graines, les fleurs et les fruits à maturité (Tableau 2).

3. Extraction et amplification de l'ADN

L'extraction de l'ADN génomique a été faite selon le protocole décrit par Aras *et al.* (2003) et Touil *et al.* (2008) avec quelques modifications. Ce protocole consiste à préchauffer 800 µl du tampon d'extraction et l'ajouter à 200mg de matériel végétal dans des tubes de 1,5 ml puis placer le mélange, pendant 30 mn, dans l'étuve préchauffée à 60°C. Après avoir refroidir à la température ambiante, le mélange est centrifugé à 17,000 g. Par la suite, on récupère le surnageant et on lui ajoute 4 µl de protéinase K (10 mg/ml) puis on l'incube pendant 20 mn à 37°C puis à 65°C pendant 30 mn et on lui ajoute 250 µl d'une solution d'acétate de sodium. Après une incubation dans la glace pendant 30 mn, on passe à une centrifugation à 17,000 g. Le surnageant est mélangé avec 500 µl de phénol-

Tableau 1. Liste des cultivars de melon étudiés et leurs provenances

Cultivars	Provenances	Coordonnées GPS (E/N)	
M3	Lbness (ElgatayaKebili)	33.681425	8.92313333
M5	Isteftimi (Kebili)	33.7997639	9.01092222
M6	Hniche (Douze)	33.4617722	9.029025
M9	Elrabta (Kébili)	33.6990111	8.99921667
M15	Elrabta (Kébili)	33.7322778	8.91771389
M16	Elrabta (Kébili)	33.7322778	8.91771389
M17	Elrabta (Kébili)	33.7322778	8.91771389
M18	Sud-Ouest Elmenchia (Souk Lahad)	33.7770056	8.86074167
M19	Elmenchia (Souk Lahad)	33.7770056	8.86074167
M20	Rabta (Kébili)	33.7322778	8.91771389
M24	Dgache (Tozeur)	34.0019028	8.91771389
M26	Elmenchia (Souk Lahad)	33.7770056	8.86074167
M97	Oum Elsoumaa (Souk Lahad)	33.7752111	8.84284444
M125	Hammet (Tozeur)	34.0030083	8.16041111
M131	Elrabta (Kébili)	33.7304444	8.89622778
M29	Rogba (Tataouine)	32.90055	10.4261083
M31	Ferche (Tataouine)	32.9597472	10.3582694
M58	Sud-Est Gannouche (Gabès)	33.9432694	10.0664833
M61	Bir Amir (Tataouine)	32.5713917	10.2685806
M95	Ben Guerdane (Médenine)	33.143475	11.2172972
M120	Nord KalaatElandalous (Bizerte)	37.0625111	10.1193
M122	Ghar El Melh, (Bizerte)	37.1478778	10.209525
Ananas	Variété commerciale		

chloroforme-isoamylalcool (25 :24 :1) puis on l'agite doucement par inversion 40 à 50 fois. Après une centrifugation pendant 5 mn à une vitesse de 17,000 g, le surnageant est transféré dans un autre tube et un égal volume d'isopropanol est ajouté. Incuber pendant 15 mn dans la glace puis centrifuger à 17,000 g pendant 5 mn, le culot est ensuite lavé avec de l'éthanol à 70% puis séché. En fin, l'acide nucléique obtenu doit être dissoudre dans 200 µl d'eau ultra pure, un volume de 1,5 µl d'RNase (10 mg/ml) lui est ajouté puis il est conservé à -20°C. La qualité de l'ADN a été faite par électrophorèse sur un gel d'agarose 2% avec BET et la quantification a été faite par spectrophotométrie à 260 nm (Santoni *et al.*, 2000).

L'amplification de l'ADN a été faite par PCR moyennant 4 amorces RAPD (Mliki *et al.*, 2001 ; Staub *et al.*, 2004) (Tableau 3) et selon le programme suivant (Staub *et al.*, 2004) : (i) 4 min à 94°C ; (ii) 3 cycles : 15 s à 94°C puis 15 s à 35°C ; (iii) 40 cycles : 94°C pendant 15 s, 40°C pendant 15 s, 72°C pendant 75 s et (iv) élongation pendant 7 mn à 72°C. Les mélanges des réactifs PCR sont décrits dans le Tableau 3. La séparation des produits PCR a été faite par migration sur gel d'agarose 1% dissous dans du

TBE 1×concentré (60,55 g de Tris-HCl, 30 g d'acide Borique et 2,22 g d'EDTA) avec deux types de marqueurs de poids moléculaire *Jules* (70 ng/µl) et *Gene ruler* (0,5 µg/µl). Le marquage des bandes des produits PCR a été faite par le Bromure d'Ethidium dissous dans le gel à raison de 180 µl (1 M) et leur visualisation sous rayonnement ultraviolet. Les profils obtenus ont été photographiés par le système *Bioprint* (KAISER).

4. Analyses statistiques

L'analyse de la variance (ANOVA), la comparaison multiple post-hoc Tukey des moyennes et l'analyse en composante principale (ACP) des données morphologiques ont été faites à l'aide du programme statistique SPSS 16.0 (SPSS Inc, 2007).

Les données moléculaires relatives aux profils moléculaires RAPD des cultivars de melon ont été analysées selon la procédure suivante : des fragments de même poids moléculaire ont été considérés comme le même locus, les nombres de bandes produites pour chaque amorce ont été notés manuellement avec présence (1) et absence (0).

Tableau 2. Les paramètres morphologiques utilisés pour la caractérisation des cultivars de melon.

Paramètres	Description et note attribuée	Paramètres	Description et note attribuée
Graine : longueur	Très courte (1), courte (3), moyenne (5), longue (7), très longue (9)	Fruit : forme de la base	Pointue (1), arrondie (2), tronquée (3)
Graine : couleur	Blanchâtre (1), crème (2)	Fruit : forme du sommet	Pointue (1), arrondie (2), tronquée (3)
Fleur : expression du sexe	Monoïque (1), andromonoïque (2)	Fruit : taille de l'attache pistillaire	Petite (3), moyenne (5), grande (7)
Fleur : date de floraison	Précoce (3), moyenne (5), tardive (7)	Fruit : sillons	Absents ou très faiblement exprimés (1), faiblement exprimés (2), fortement exprimés (3)
Fleur : taille de l'ovaire	Court (3), moyen (5), long (7)	Fruit : aspect ridé de la surface	Absent ou très faible (1), faible (3), moyen (5), fort (7), très fort (9)
Fruit : changement de couleur de l'épiderme du jeune fruit au fruit à maturité	Au début du développement du fruit (1), tardivement lors du développement du fruit (2), très tardivement lors du développement du fruit ou sans changement (3)	Fruit : broderie	Absente (1), présente (9)
Fruit : longueur	Très court (1), court (3), moyen (5), long (7), très long (9)	Fruit : épaisseur de la broderie	Très fine (1), fine (3), moyenne (5), épaisse (7), très épaisse (9)
Fruit : diamètre	Très étroit (1), étroit (3), moyen (5), large (7), très large (9)	Fruit : répartition de la broderie	Ponctuelle seulement (1), ponctuelle et linéaire (2), linéaire seulement (3), linéaire et en résille (4), en résille seulement (5)
Fruit : rapport longueur/diamètre	Très petit (1), très petit à petit (2), petit (3), petit à moyen (4), moyen (5), moyen à grand (6), grand (7), grand à très grand (8), très grand (9)	Fruit : densité de la broderie	Très lâche (1), lâche (3), moyenne (5), compacte (7), très compacte (9)
Fruit : localisation du diamètre Maximal	Vers la base (1), au milieu (2), vers le sommet (3)	Fruit : couleur principale de la chair	Blanche (1), blanche verdâtre (2), verte (3), blanche jaunâtre (4), orange (5), orange rougeâtre (6)
Fruit : forme en section longitudinale	Ovale (1), elliptique moyen (2), elliptique large (3), circulaire (4), rectangulaire (5), aplati (6), obovale (7), allongé (8)	Fruit : durée de conservation du fruit sur l'étalage	Très courte (1), courte (3), moyenne (5), longue (7), très longue (9)
Fruit : couleur de fond de l'épiderme	Blanc (1), jaune (2), vert (3), gris (4)	Fruit : poids	Faible (3), moyen (5), élevé (7)
Fruit : densité des taches	Nulle ou très lâche (1), lâche (3), moyenne (5), dense (7), très dense (9)	Fruit : brix	Faible (3), moyen (5), élevé (7)
Fruit : verrues	Absentes (1), présentes (9)	Fruit : époque de maturité	Très précoce (1), précoce (3), moyenne (5), tardive (7), très tardive (9)
		Fruit : fermeté de la fixation du pédoncule à maturité	Très faible (1), faible (3), moyenne (5), forte (7), très forte (9)

Tableau 3. Marqueurs moléculaires RAPD utilisés.

Codes	Séquence 5'- 3'	Tm	Protocole PCR appliqué
C1600	TTCGAGCCAG	32°C	30 ng d'ADN génomique ; 2 µl de tampon (10×concentré); 1,5 mM de MgCl ₂ ; 0,375 µM d'amorce; 0,062 mM de chacun des dNTPs (dATP, dTTP, dCTP, dGTP) et 1,3 unité de Taq DNA polymérase.
AF14750	GGTGCGCACT	34°C	
BC318900	CGGAGAGCGA	34°C	
W071400	CTGGACGTCA	32°C	30 ng d'ADN génomique ; 2 µl de tampon (10×concentré) ; 1,5 mM de MgCl ₂ ; 0,26 µM d'amorce ; 0,062 mM de chacun des dNTPs (dATP, dTTP, dCTP, dGTP) et 1,3 unité de Taq DNA polymérase.

Ainsi une matrice binaire a été générée et utilisée pour l'analyse statistique. Le pourcentage de polymorphisme, le nombre moyen d'allèles observés par locus ont été calculés. Les scores des cultivars de melon ont été coordonnés dans un espace bidimensionnel par analyse des coordonnées principales (PCoA) en calculant une matrice basée sur les distances génétiques de Nei (Nei, 1972). Les corrélations entre les matrices des données morphologiques et moléculaires ont été estimées par le test de Mantel en utilisant le logiciel GenAlEx version 6.41 (Peakall et Smouse, 2006).

3. RESULTS AND DISCUSSION

3.1. Caractérisation morphologique des cultivars de melon

3.1.1. Traits morphologiques relatifs aux graines

La comparaison de la couleur de graines a révélé deux groupes. Les accessions M24 et M61 se regroupe avec une couleur blanchâtre. Les autres accessions y compris celles introduites sont caractérisées par la couleur crème des graines et représentent 92% de la totalité des accessions. Ces résultats sont conformes à ceux

de Szamosi *et al.* (2010) qui ont noté la dominance de la couleur crème avec 91% des variétés considérées dans leur étude. Concernant la longueur de la graine, à l'exception de M61 qui était courte et M120 qui était longue, toutes les autres accessions sont caractérisées par une graine de longueur moyenne (Fig. 1). Fita *et al.* (2009), Szamosi *et al.* (2010), Sabato *et al.* (2015) et Guo *et al.* (2020) ont noté l'importance de la caractérisation des graines de melon comme traits d'étude de la diversité.

3.1.2. Traits morphologiques relatifs aux fleurs

L'observation des fleurs au niveau des cultivars de melon nous a montré que 83% de ces cultivars sont gynomonoïques alors que seulement (17%) sont andromonoïques. Selon Pitrat et Foury (2004) et Guliyev *et al.* (2018), le type gynomonoïque caractérise les variétés sauvages. Cependant, Odet (1995) et Noguera *et al.* (2005) ont indiqué que le type andromonoïque est majoritaire dans les variétés améliorées de melon.

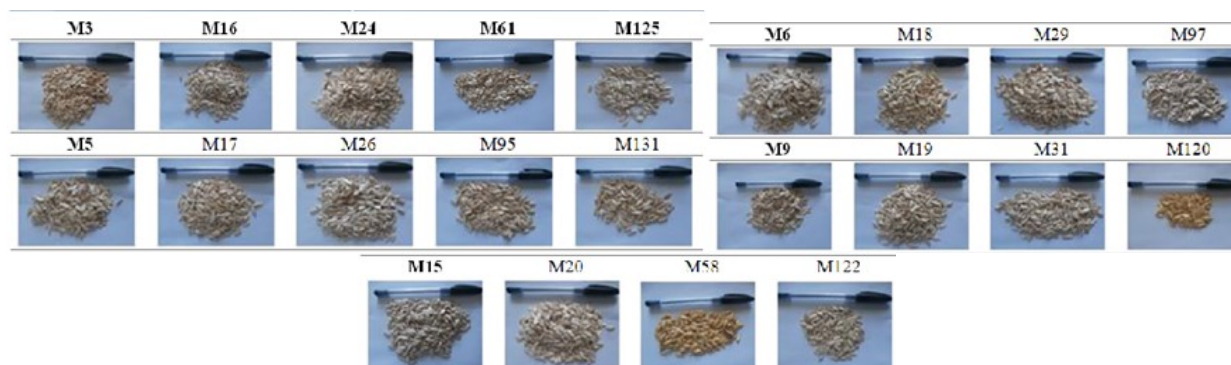


Fig. 1. Graines de quelques cultivars locaux de melon collectés et étudiés

La sex-ratio moyenne est de l'ordre de 3,95% pour les cultivars locaux de melon étudiés dans ce travail. Les notations ont montré une variabilité importante (max : 8.25% et min : 1%). Ces valeurs sont relativement faibles par rapport à celles indiquées par Djè *et al.* (2006) et El Tahir et Pitrat (1999) qui ont noté que le sexe ratio pour *Cucumis melo* var. *agrestis* est largement en faveur des fleurs mâles ($\sigma / \text{♀} = 15,3\%$). Ils ont aussi rapporté que chez *Cucurbita pepo* une prédominance moins forte des fleurs mâles ($\sigma / \text{♀} = 7,9\%$) est à noter. Contrairement aux espèces cultivées, chez la Cucurbitacée sauvage *Schizopepon bryoniaefolius* Maxim., la sex-ratio est largement en faveur des fleurs hermaphrodites, les fleurs mâles ne représentant que 5,5 à 28,3 % de l'ensemble des fleurs.

3.1.3. Traits morphologiques relatifs aux fruits

L'examen des fruits (Fig. 2) des cultivars locaux de melon a été réalisé par des mesures quantitatives et qualitatives (Tableau 4). Les résultats de cette caractérisation ont montré une variation de la précocité de 93 (pour le cultivar M58) à 114 (pour le cultivar M3) jours entre le semis et la maturité de premier fruit. Cette différence, de l'ordre de 20 jours, est d'une grande importance (i) économique pour profiter de la courte période de hausse de prix et (ii) agronomique pour éviter la période de forte chaleur d'été en culture de saison.

En plus, une variation des poids moyens de fruit a été notée entre les cultivars étudiés avec un maximum de 3275.9g pour M97 et un minimum de 696g pour la variété

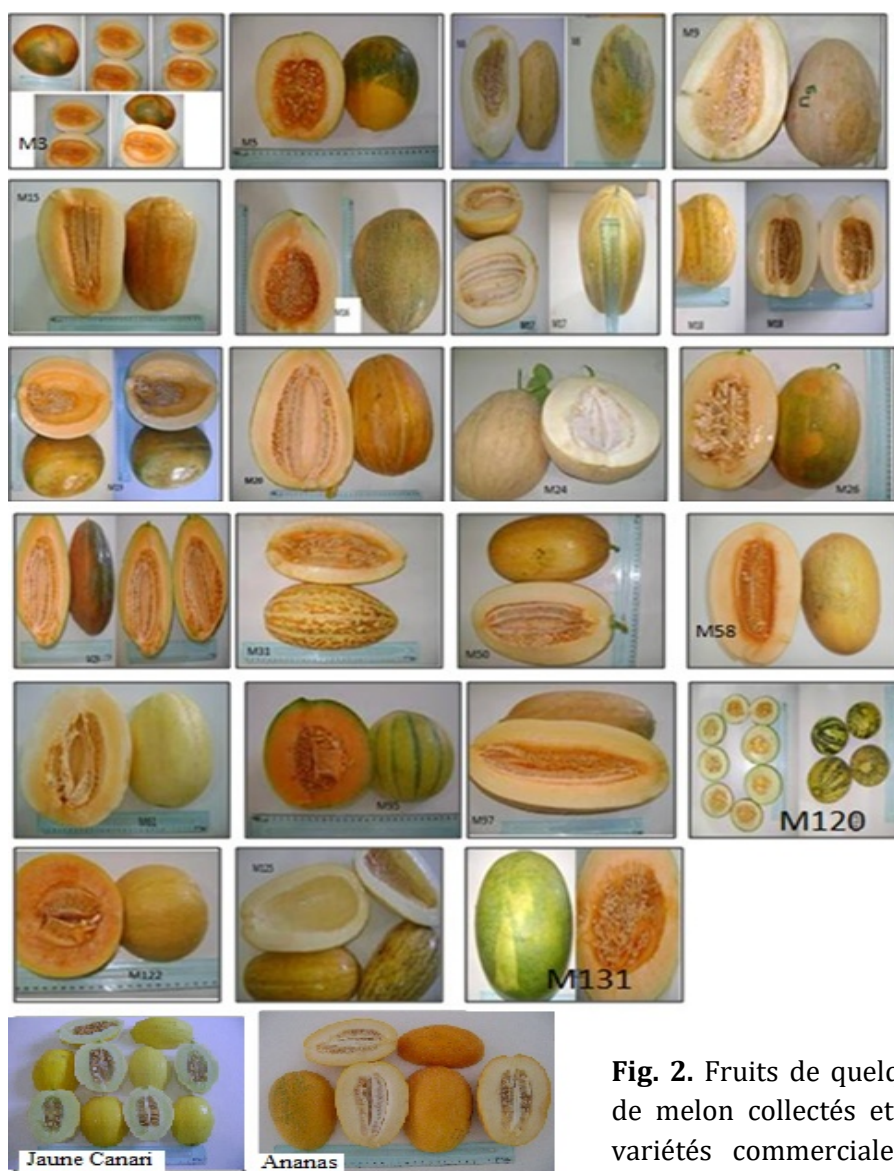


Fig. 2. Fruits de quelques cultivars locaux de melon collectés et étudiés et de deux variétés commerciales (Jaune Canari et Ananas).

Tableau 4. Précocité et caractérisation de la morphologie des fruits des cultivars de melon.

Cultivars	Précocité (Jours)	Fermeté (mm)	Poids moyen de fruit (g)	Longueur de fruit (cm)	Diamètre maximale de fruit (mm)	BRIX	MS %
M3	114.7	2.3	2503.2	27.2	15.9	7.2	6.6
M5	98.0	2.7	2216.1	18.6	15.6	6.5	8.1
M6	110.3	1.1	2542.8	18.9	17.8	6.9	6.3
M9	98.0	1.0	1400.0	21.0	13.4	5.6	33.5
M15	97.3	3.6	1777.5	17.8	14.6	6.0	5.8
M16	99.7	3.7	1745.9	18.9	14.2	6.3	5.7
M17	98.3	2.2	2156.1	20.5	14.2	7.9	10.4
M18	97.0	1.9	1332.5	15.7	13.5	7.9	5.7
M19	104.3	2.9	2144.3	19.7	16.5	7.2	11.4
M20	99.7	2.9	1476.6	19.7	12.8	6.0	6.0
M24	109.7	1.4	1664.9	17.2	14.3	6.3	8.4
M26	113.3	2.0	1236.5	18.7	12.3	6.8	4.8
M29	103.5	1.1	2226.6	20.2	15.5	8.0	9.1
M31	97.3	2.3	2071.1	22.8	13.9	7.3	6.2
M58	93.7	1.6	2421.2	20.9	14.7	8.6	10.7
M61	114.5	3.7	2485.1	23.1	14.1	8.7	8.4
M95	101.3	1.5	1266.6	14.8	12.4	8.9	7.1
M97	111.3	1.9	3275.9	26.0	18.6	6.6	12.6
M120	103.0	0.5	203.2	7.3	7.7	9.7	7.6
M122	97.7	0.8	717.2	8.8	11.3	9.5	7.7
M125	96.7	1.4	2514.0	20.7	16.4	8.3	10.9
M131	104.0	1.9	3138.4	22.2	18.1	6.0	8.6
ANANAS	103.0	0.7	659.1	11.4	9.9	8.8	7.8
Coefficient de variation %	6.21	51.32	41.03	25.45	17.92	16.23	62.84

commerciale Ananas. Les cultivars locaux de melon provenant de Sud de la Tunisie se caractérisent par un poids moyen relativement élevé relativement à la variété de référence Ananas et aux variétés locales de Bizert M120 et M122. Merheb *et al.* (2020) ont noté que les producteurs sont principalement intéressés par les caractères commercialisables liés aux dimensions et au poids des fruits.

Cette caractérisation a montré aussi une domination de la couleur orangé de chaire pour les cultivars étudiés. Cette couleur est la plus appréciée pour le melon en Tunisie. Cette notation confirme celle de Hamza (2015) et Trimech *et al.* (2015).

Les mesures des teneurs en sucre (Brix) des cultivars étudiés ont montré une grande variabilité. Les deux cultivars M120 et M122 provenant de Bizert ont montré les valeurs les plus importantes et légèrement

supérieures à la variété commerciale Ananas. Les cultivars locaux provenant de Sud de la Tunisie ont montré des valeurs Brix très variables. Il est possible de remarquer que ceux collectés à partir de Tataouine (M29, M58 et M61) et de Médenine (M95) ont des teneurs en sucres supérieurs à ceux collectés à partir des oasis de Kébili et Tozeur. Les cultivars M31, M24 et M9 sont cultivés dans les oasis et consommés entant que concombre avant le stade de la maturité complète, ainsi leurs teneurs en sucres ne sont pas considérés dans la sélection. Au contraire le goût et la qualité de leurs jeunes fruits forment la base de leurs sélections. Merheb *et al.* (2020) ont considéré que si les teneurs Brix sont supérieurs à 7.5%, les fruits sont classés sucrés. Cependant, Odet (1991) et Guliyev *et al.* (2018), ont considéré que la teneur en sucres solubles (Brix%) est

optimale lorsqu'il est de l'ordre de 9 et au seuil de 12% on risque d'avoir un problème de fermentation. Toutefois, Boujghagh *et al.* (2005) ont montré que lorsque le fruit est bien formé, l'accumulation du sucre dans celui-ci s'exprime correctement.

Une variabilité de la durée de la conservation des fruits des cultivars sur étalage a été observée par la mesure de leurs fermetés. Les cultivars locaux provenant du Sud de la Tunisie ont montré

une fermeté faible par rapport aux cultivars de Bizerte M120 et M122 et à la variété commerciale Ananas.

L'analyse en composantes principales (ACP) réalisée sur les données de 32 paramètres morphologiques des fruits des cultivars de melon a montré que les trois premiers axes expliquent 49 % de la variabilité totale (Tableau 5). Les variables les plus liées à l'axe 1 sont la longueur, le poids et la fermeté de fruit, la conductivité électrique de la chair et de poids du

Tableau 5. Coefficients de détermination de 3 premiers axes de l'ACP et les variables explicatives pour les cultivars locaux de melon.

Paramètres de la caractérisation morphologique de fruits de melon		Composantes		
		Axe 1	Axe 2	Axe 3
P	Précocité (jours)	0,224	0,122	0,215
Ferm	Fermeté	0,751	-0,287	0,011
W	Poids de fruit (g)	0,734	0,605	-0,170
C	Changement de couleur de l'épiderme	0,351	-0,363	0,122
L	Longueur (cm)	0,891	0,287	0,011
D	Diamètre (cm)	0,696	0,648	-0,224
L_D	Forme Calculée (Longueur/Diamètre)	0,710	-0,323	0,246
LDm	Localisation de diamètre Maximal	0,404	-0,403	0,508
CFE	Couleur du Fond de l'épiderme	-0,376	0,326	0,481
ICFE	Intensité de la couleur de Fond de l'Epiderme	-0,171	0,395	-0,227
TCFE	Teinte de la couleur de Fond de l'Epiderme	0,265	0,285	0,015
DP	Densité de points	-0,035	-0,060	-0,224
TP	Taille de points	-0,251	0,044	0,656
CDP	Couleur de points	-0,187	0,298	0,422
ICP	Intensité de la couleur de point	-0,228	0,260	0,728
FFPM	Fermeté Fixation Pédoncule Maturité	-0,170	0,472	0,446
FB	Forme de la base	-0,579	0,128	0,094
FS	Forme du sommet	-0,710	0,206	-0,133
TAP	Taille de l'attache pistillaire	-0,004	-0,188	-0,429
SILLONS	Sillons	-0,506	0,499	-0,242
ARS	Aspect ridé surface	-0,414	0,755	-0,206
Brd	Broderie	0,651	0,516	-0,178
Em	Epaisseur maximale chair	0,553	-0,442	-0,362
CPC	Couleur Principale Chair	-0,617	-0,166	-0,225
BRIX	Teneur en sucres solubles (BRIX)	-0,281	0,300	-0,447
PH	pH de la chair	-0,470	0,264	-0,026
CE	Conductivité Electrique de la chair	-0,886	-0,061	-0,105
DCFE	Durée de conservation du fruit sur l'étalage	0,471	0,195	-0,276
Pl	Nombre de Placentas	0,435	0,011	-0,220
Od	Odeur	0,661	0,624	-0,019
P_pl_seeds	Poids (placentas + graines)	-0,700	-0,060	-0,257
MS	% Matière Sèche de fruit	0,212	0,213	0,318
Vecteur		8,503	4,168	3,702
Pourcentage		25,766	12,632	11,219
Cumule		25,766	38,398	49,617

placenta et de graines. Pour l'axe 2, les variables qui contribuent à sa formation, sont l'aspect ridé de la surface externe du fruit, la broderie et l'épaisseur maximale de la chair. Les variables les plus liées à l'axe 3 sont l'intensité de la couleur et la taille des points et le Brix.

Malgré son importance comme critère de sélection, la teneur en sucre (Brix) contribue faiblement à la variabilité de cultivars étudiés. Boujghagh *et al.* (2005), Solmaz *et al.* (2010) et Trimech *et al.* (2015) ont noté le manque de liaison entre la teneur en sucre et les autres paramètres de la caractérisation des fruits de melon.

La distribution des cultivars selon ces axes (Fig. 3) a montré un regroupement de la variété commerciale Ananas avec les cultivars collectés au Nord M120 et M122. Par contre, les cultivars locaux provenant de Sud de la Tunisie forme un groupe à part qui peut être subdivisé en des sous-groupes qui ne sont pas bien définis selon cette analyse. Le groupe d'Ananas, M120 et M122 se distingue des cultivars locaux par la faible conductivité électrique, le faible poids de

placenta et graines. La distribution selon l'axe 3 a montré une variabilité au sein de ce groupe attribué particulièrement à une différence en motif de l'épiderme.

2. Caractérisation moléculaire des cultivars de melon

L'amplification de l'ADN des cultivars collectés et la variété commerciale Ananas de melon, en utilisant quatre marqueurs RAPD (C1600, W071400, AF14750, BC318900), a engendré des profils nettes (Fig. 4). L'examen de ces profils obtenus a montré que les quatre amorces ont permis d'obtenir en total 19 bandes polymorphes dont 5 avec C1600, 3 avec W071400, 5 avec AF14750 et 6 avec BC318900. Le taux de polymorphisme global est de 95% pour les quatre marqueurs. La taille des bandes varie entre 1400 et 200 pb.

Milki *et al.* (2001) ont utilisé les mêmes marqueurs pour étudier la diversité d'une collection de melon africain et ont noté des taux de polymorphisme de l'ordre de 97 %, 83 %, 90

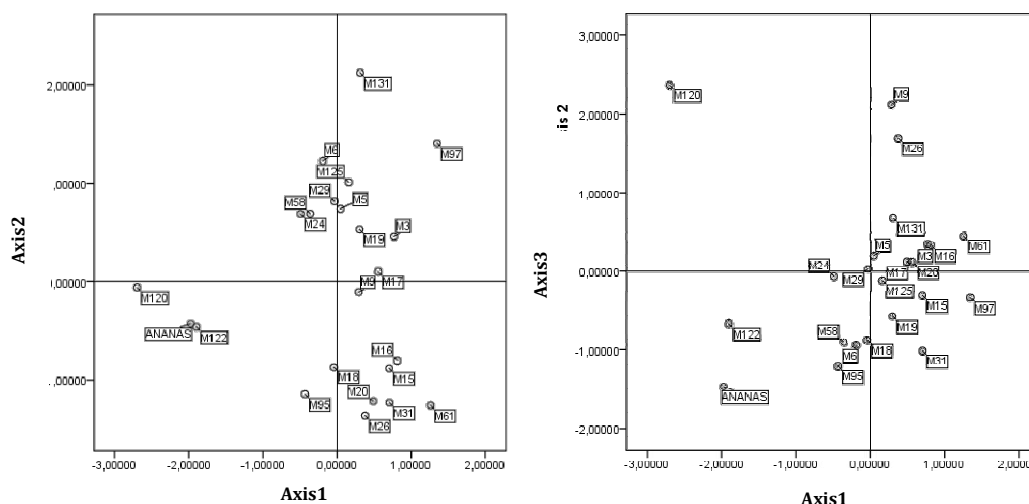


Fig. 3. Analyse en composante principale du regroupement des cultivars de melon selon les paramètres morphologiques.

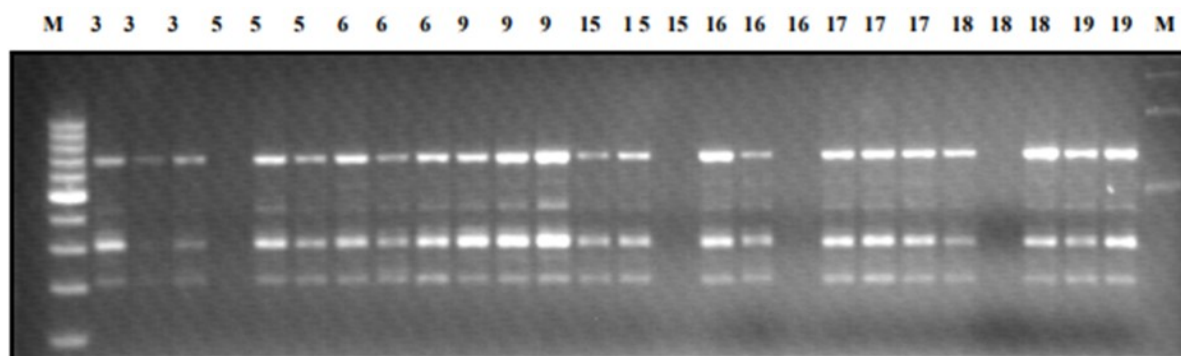


Fig. 4. Exemple d'un profil obtenu par amplification de l'ADN de cultivars de melon par le marqueur RAPD (AF14) (M : marqueurs 100pb ; pistes 3 à 19 : cultivars).

% et 83 % pour les amorces C1, W07, BC318 et AF14, respectivement. Par contre, Staub *et al.* (2004) ont obtenu, avec les mêmes amorces, un taux de polymorphisme moyen de 35 % entre des variétés appartenant à différentes classes commerciales de melon.

2.1. Classification phylogénétique des cultivars de melon selon les marqueurs moléculaires

Les distances génétiques ont été utilisées pour analyser la variabilité des cultivars étudiés par une analyse en coordonnées principales (PCoA). Les trois premiers axes de cette analyse expliquent respectivement 26,23 %, 15,64 % et 12,88 % de la variabilité totale avec un pourcentage global de 54,75 % (Fig. 5).

La distribution des cultivars de melon indique la différence entre la variété commerciale Ananas et les cultivars locaux et confirme par la suite les résultats de la caractérisation morphologique. Une exception a été notée avec le cultivar M125 qui est regroupé avec la variété Ananas.

L'étude de la diversité des écotypes de melon moyennant des marqueurs moléculaires RAPD a été effectuée par plusieurs travaux antérieurs, Milki *et al.* (2001), Trimech *et al.* (2015), Suwarno *et al.* (2017) et Merheb *et al.* (2020). Ces travaux et d'autres ont montré l'efficacité de ces marqueurs pour dégager la diversité génétique au sein des collections de melon. Cependant, Behera *et al.* (2008) ont noté que les études utilisant les marqueurs RAPD et ISSR n'ont pas été en mesure de discriminer de manière unique toutes les accessions de courge amère examinées, alors que l'analyse AFLP était

discriminatoire et a permis une dissection plus complète des différences uniques entre les accessions de courge amère au sein et entre les sites de collecte.

2.2. Corrélations entre les données morphologiques et moléculaires

Les corrélations entre les matrices de distance des données morphologiques et moléculaires RAPD, ont été étudiées à l'aide du test de Mantel avec l'hypothèse nulle d'absence de corrélation entre les différentes matrices (Tableau 6).

Les paramètres Longueur de fruit, diamètre de fruit, taille de l'attache pistillaire et Epaisseur maximale de la chair sont significativement corrélés avec un nombre de bandes RAPD (Tableau 7). Ces données indiquent que quatre paramètres morphologiques parmi les 32 paramètres étudiés sont liés à des marqueurs moléculaires. Il semble que les marqueurs RAPD soient liés à des gènes codant pour la taille de fruit (Longueur et Diamètre), à la taille de l'attache pistillaire et à l'épaisseur maximale de la chair de fruit de melon.

Les cultivars locaux de melon étudiés pourraient contenir des expressions génétiques spécifiques contrôlant les quatre paramètres indiqués précédemment chez cette espèce. En effet, l'absence (0) ou la présence (1) simultanée des marqueurs RAPD, décrit au niveau du Tableau 8, pourrait traduire l'existence d'un lien génétique codant pour les paramètres identifiés. Il semble que l'épaisseur maximale élevée de la chair de fruit de melon, qui caractérise les cultivars locaux au Sud de la Tunisie par rapport à la variété commerciale Ananas, est liée à la présence des bandes RAPD : W07-2 et BC318-2.

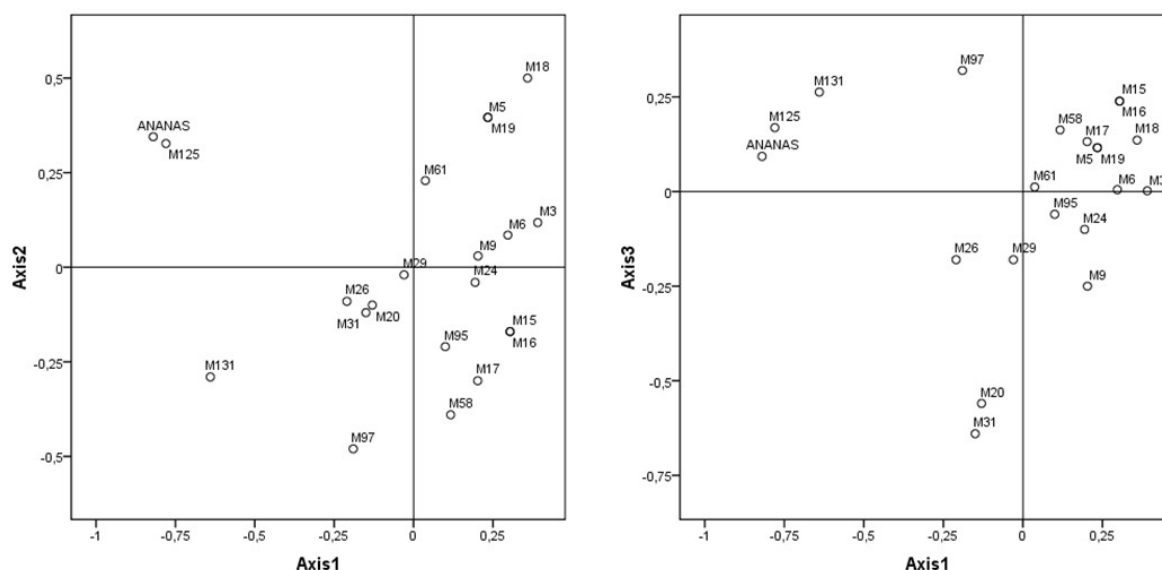


Fig. 5. Distribution des cultivars locaux de melon collectés au Sud de la Tunisie et de la variété Ananas en se basant sur l'analyse moléculaire par des marqueurs RAPD.

Tableau 6. Corrélations entre les matrices de distance des données morphologiques et moléculaires RAPD.

	<i>r de Mantel</i>	<i>P</i>		<i>r de Mantel</i>	<i>P</i>
All morph vs Dist RAPD	0,481	0,010	RAPD vs Dist FB	0,128	0,210
RAPD vs Dist Précocité	-0,165	0,040	RAPD vs Dist FS	0,002	0,460
RAPD vs Dist Fermeté	0,144	0,120	RAPD vs Dist TAP	0,208	0,040
RAPD vs Dist Poids de fruit	0,370	0,010	RAPD vs Dist SILLION	0,032	0,450
RAPD vs Dist C	0,073	0,200	RAPD vs Dist ARS	0,069	0,270
RAPD vs Dist Longueur Fruit	0,236	0,040	RAPD vs DistBrd	-0,038	0,400
RAPD vs Dist Diamètre de fruit	0,372	0,010	RAPD vs DistEm	0,337	0,020
RAPD vs Dist Rapport D/L	-0,115	0,250	RAPD vs Dist CPC	0,073	0,270
RAPD vs Dist LDM	0,028	0,400	RAPD vs DistBrix	0,142	0,070
RAPD vs Dist CFE	0,225	0,150	RAPD vs Dist pH	0,016	0,480
RAPD vs Dist ICFE	-0,089	0,160	RAPD vs Dist CE	0,092	0,260
RAPD vs Dist TCFE	-0,051	0,390	RAPD vs Dist DCFE	0,183	0,140
RAPD vs Dist DP	0,055	0,370	RAPD vs Dist PI	-0,128	0,110
RAPD vs Dist TP	0,156	0,170	RAPD vs DistOd	-0,163	0,050
RAPD vs Dist CDP	0,008	0,350	RAPD vs DistPpl Seeds	0,341	0,010
RAPD vs Dist ICP	-0,071	0,260	RAPD vs Dist Pp pch	0,306	0,070
RAPD vs Dist FFPM	-0,108	0,220	RAPD vs Dist MS	0,031	0,390

Tableau 7. Coefficient de corrélation de Pearson entre traits morphologiques et marqueurs RAPD

Bandes RAPD		Longueur de fruit L	Diamètre de fruit D	Taille de l'attache pistillaire TAP	Epaisseur maximale chair Em
W07_2	Pearson Corrélations	0.152761601	0.398219297	-0.086839804	0.527953438
	Sig. (2-tailed)	0.508565489	0.073788641	0.708188128	0.01389461
AF14_3	Pearson Corrélations	0.545341571	0.525400607	-0.495836801	0.453998939
	Sig. (2-tailed)	0.010563044	0.014448382	0.022260007	0.038702448
AF14_4	Pearson Corrélations	0.545341571	0.525400607	-0.495836801	0.453998939
	Sig. (2-tailed)	0.010563044	0.014448382	0.022260007	0.038702448
BC318_2	Pearson Corrélations	0.225854742	0.320107757	-0.207506897	0.434328927
	Sig. (2-tailed)	0.324909936	0.157174124	0.366754869	0.049139915
BC318_5	Pearson Corrélations	-0.135331973	0.215259779	0.43634118	0.123781132
	Sig. (2-tailed)	0.558617957	0.348711543	0.047982161	0.592950047

Pour la taille de l'attache pistillaire: il est possible de noter que la taille de l'attache pistillaire est faible en présence des bandes RAPD: AF14-3 et AF14-4 et probablement par l'absence de la bande BC318-5. Ce paramètre est défini par le type sexuel de génotype étudié de melon, comme l'ont indiqué Noguera *et al.* (2005), il pourrait ainsi que ces bandes sont en relation avec le gène codant le type sexuel de cultivar de melon. Silberstein *et al.* (2003) ont

établi une carte génétique de melon qui inclut 179 marqueurs RAPD et comprend un locus déterminant le sexe, andromonoecious (a) important lors de la production de semence hybride.

La taille de fruit de melon, exprimé en longueur et en diamètre, est corrélée avec les bandes AF14-3 et AF14-4. L'épaisseur maximale élevée de la chair de fruit de melon, qui caractérise les cultivars locaux au Sud de la Tunisie (Fig. 6), est

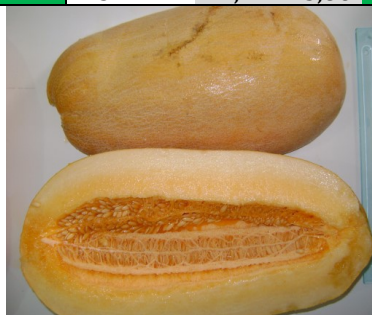
Tableau 8. Corrélacion entre les marqueurs RAPD sélectionnés et l'épaisseur maximale (Em) de chair, la taille de l'attache pistillaire (TAP), la Longueur (L) et le Diamètre (D) des fruits de melon (0 : absence, 1 : présence de la bande).

Cultivars	Em	W07_2	AF14_3	AF14_4	BC318_2
ANANAS	2,34	0	0	0	0
M18	2,64	0	1	1	0
M20	2,76	0	1	1	0
M9	2,79	0	1	1	0
M26	2,93	0	1	1	0
M95	2,97	0	1	1	0
M24	2,98	0	1	1	0
M15	3,02	0	1	1	1
M19	3,07	0	1	1	0
M16	3,13	0	1	1	1
M3	3,15	0	1	1	0
M5	3,25	0	1	1	0
M17	3,25	0	1	1	1
M31	3,34	0	1	1	0
M6	3,35	0	1	1	0
M125	3,55	1	1	1	0
M61	3,62	0	1	1	0
M97	3,62	0	1	1	1
M29	3,70	0	1	1	0
M58	3,76	0	1	1	1
M131	4,28	1	1	1	1

Cultivars	TAP	AF14_3	AF14_4	BC318_5	Cultivars	L	D	AF14_3	AF14_4
M17	1,33	1	1	1	ANANAS	11,40	9,87	0	0
M20	1,33	1	1	0	M95	14,75	12,41	1	1
M31	1,33	1	1	0	M18	15,74	13,50	1	1
M26	1,50	1	1	1	M24	17,22	14,32	1	1
M29	1,50	1	1	1	M15	17,80	14,57	1	1
M15	1,67	1	1	1	M5	18,60	15,57	1	1
M16	1,67	1	1	1	M26	18,70	12,26	1	1
M97	1,67	1	1	1	M16	18,85	14,24	1	1
M125	1,67	1	1	1	M6	18,92	17,81	1	1
M3	2,00	1	1	1	M20	19,68	12,77	1	1
M5	2,00	1	1	1	M19	19,70	16,51	1	1
M18	2,00	1	1	1	M29	20,18	15,52	1	1
M61	2,00	1	1	1	M17	20,54	14,19	1	1
M95	2,00	1	1	1	M125	20,69	16,35	1	1
M131	2,00	1	1	1	M58	20,86	14,66	1	1
M9	2,33	1	1	1	M9	21,01	13,41	1	1
M24	2,33	1	1	1	M131	22,15	18,07	1	1
M58	2,50	1	1	1	M31	22,79	13,89	1	1
M6	2,67	1	1	1	M61	23,05	14,09	1	1
M19	2,67	1	1	1	M97	25,97	18,65	1	1
ANANAS	3,00	0	0	1	M3	27,17	15,86	1	1



Cultivar M95



Cultivar M97

Fig. 6. Fruits des cultivars M95 et M97 de melon ayant une chair orange.

un critère noté par Novikof (1951) et Hamza (2015). Mendi *et al.* (2010) ont noté la présence des marqueurs RAPD importants et capables d'identifier plusieurs paramètres morphologiques pour le melon.

4. CONCLUSION

L'étude de la diversité morphologique et moléculaire de quelques cultivars locaux de melon, collectés et conservés à l'Institut des Régions Arides a été réalisée pour contribuer à leur préservation et à leur valorisation.

La caractérisation morphologique a été effectuée pour 22 cultivars locaux dont 2 provenant de Nord de pays (région de Bizert : M120 et M122) et sont comparés à une variété commerciale Ananas. L'examen des graines et de types floraux des cultivars étudiés a montré une variabilité qui traduit la diversité de ce matériel. L'Analyse en Composantes Principales basée sur 32 paramètres de la caractérisation de fruits de melon a révélé, selon les trois premiers axes expriment (49% de la variance totale), une différence entre les cultivars locaux collectés au Sud de la Tunisie et un groupe homogène formé par M120 et M122 et la variété commerciale Ananas.

Le recours à la caractérisation moléculaire par des marqueurs RAPD a confirmé la diversité des cultivars locaux et leur distinction par rapport à la variété commerciale Ananas. En effet, une analyse en coordonnées principales (PCoA) a montré cette répartition en exprimant à 54.75% la diversité selon les trois premiers axes. En plus, l'étude de la corrélation entre les matrices de distances des différents traits morphologiques et celles des marqueurs RAPD a révélé des corrélations positives pour quatre traits morphologiques (Longueur de fruit, diamètre de fruit, taille de l'attache pistillaire et Epaisseur maximal de la chair) et a montré l'efficacité de ces marqueurs pour initier des programmes d'amélioration et de sélection basés sur les cultivars locaux et qui peu être approfondies par d'autres voies biotechnologiques (Séquençage, Hybridation,...).

REFERENCES

Aras, S., Duran, A., Yenilmez, G. (2003). Isolation of DNA for RAPD Analysis From Dry Leaf Material of Some *Hesperis L.* Specimens. *Plant Molecular Biology Reporter*, 21, pp. 461a-461.

Behera, T.K., Gaikward, A.B., Singh, A.K. et Staub, J.E. (2008). Relative efficiency of DNA markers

(RAPD, ISSR and AFLP) in detecting genetic diversity of bitter melon (*Momordica charantia L.*). *J. Sci. Food Agric.*, 88: 733-737. <https://doi.org/10.1002/jsfa.3145>

Benaoun, A., Elbakkey, M., Ferchichi, A. (2014). Change of oases farming systems and their effects on vegetable species diversity: Case of oasian agro-systems of Nefzaoua (South of Tunisia), *Scientia Horticulturae*, Volume 180: 167-175. ISSN 0304-4238, <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2014.10.030>.

Boujghagh, M., Quariouh, N. et Hamouch, L. (2005). Etude de variabilité des caractères morpho-physiologiques dans une collection marocaine d'écotypes de melon. *AL AWAMIA* 114Vol.2 N°2, pp 93-106.

Djè, Y., Kouonon, L.C., Zoro Bi, A.I., Gnamien, G.Y., Baudoin, J.P. (2006). Etude des caractéristiques botaniques, agronomiques et de la biologie florale du melon africain (*Cucumis melo L.* var. *agrestis* Naudin, *Cucurbitaceae*). *Biotechnologie, Agronomie, Société et Environnement/Biotechnology, Agronomy, Society and Environment*. Volume 10 (2006) Numéro 2, pp 109-119.

El Tahir, I. M., Pitrat, M. (1999). Tibish, a melon type from Sudan. *Cucurbit Genetics Cooperative Report*, 22, 21-23.

Elbakkay, M., Hamza, H., Haddad, M., Ferchichi, A., Kik, C. (2008). L'érosion génétique du melon (*Cucumis melo*): une étude de cas de la Tunisie. Actes de la IXe réunion EUCARPIA sur la génétique et la sélection des cucurbitacées, INRA, Avignon (France) (2008), pp.295 – 300.

Excoffier, L., Smouse, P.E., Quattro, J.M. (1992). Analyse de la variance moléculaire déduite des distances métriques parmi les haplotypes d'ADN : application aux données de restriction de l'ADN mitochondrial humain. *Génétique* 131: 479-491

Fergany, M., Kaur, B., Monforte, A.J., Pitrat, M., Rys, C., Lecoq, H., Dhillon, N.P.S., Dhaliwal, S.S. (2011). Variation des variétés locales de melon (*Cucumis melo*) adaptées aux tropiques humides du sud de l'Inde. *Genet Resour Crop Evol* 58, 225-243 (2011). <https://doi.org/10.1007/s10722-010-9564-6>

Fita, A., Esteras, C., Pico, B. and Nuez, F. (2009). *Cucumis melo L.* New Breeding Lines Tolerant to Melon Vine Decline. *HORTSCIENCE* 44(7):2022-2024.

Guliyev, N., Sharifova, S., Ojaghi, J., Abbasov, M. and Akparov, Z. (2018). Genetic diversity

- among melon (*Cucumis melo* L.) accessions revealed by morphological traits and ISSR markers. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 42 (6), 393-401. Retrieved from <https://dergipark.org.tr/en/pub/tbtkaagriculture/issue/40993/495301>
- Guo, Y., Gao, M., Liang, X., Xu, M., Liu, X., Zhang, Y., Liu, X., Liu, J., Gao, Y., Qu, S. and Luan, F. (2020). Locus de traits quantitatifs pour la variation de la taille des graines chez les cucurbitacées - une revue. *Usine avant Sci V* (11): 1-12
- Hamza, N. (2015). La valorisation et l'utilisation des ressources génétiques locales, moyens de leur conservation durable en Tunisie. *Annales de l'INRAT*, 2ième Numéro Spécial centenaire, V(88), 2015.
- Jebbari, H., Mahjoub, M. and Mnari-Hattab, M. (2004). Culture du melon en Tunisie. *Inst Nat Rech Agr Tunis. Documents Techniques*, No 70, p 60.
- Mendi, Y. Y., Sari, N., Akyildiz, A., Solmaz, I., Ünek, C., Özkaya, O., & Serce, S. (2010). Determination of gene escape and fruit quality characteristics in transgenic melon (*Cucumis melo* L. var. *inodorus*). *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 34(2), 135-143.
- Merheb, J., Pawelkiewicz, M., Branca, F., Bolibok-Bragoszewska, H., Skarzyńska, A., Plader, W. & Chalak, L. (2020). Characterization of Lebanese Germplasm of Snake Melon (*Cucumis melo* subsp. *melo* var. *flexuosus*) Using Morphological Traits and SSR Markers. *Agronomy*. 10. 1293. 10.3390/agronomy10091293.
- Mliki, A., Staub, J.E., Zhangyong, S., Ghorbel, A. (2001). Genetic diversity in melon (*Cucumis melo* L.): An evaluation of African germplasm. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 48. 587-597. 10.1023/A:1013840517032.
- Nei, M. (1972). Genetic distance between populations. *Am Nat* 106:283-292
- Noguera, J., Capel, J., Alvarez, J. & Lozano, R. (2005). Development and mapping of a codominant SCAR marker linked to the TAG. *Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik*. 110. 714-20. 10.1007/s00122-004-1897-0.
- Odet, J. (1991). *Le melon*. Paris [FRA] : CTIFL Centre Technique Interprofessionnel des Fruits et Légumes, 1991, p 295. ISBN/ISSN/EAN :978-2-901002-84-0
- Novikof, 1951
- Peakall, R. and Smouse, P.E. (2006). Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol Ecol Notes* 6:288-295
- Pitrat, M. (2004). Melons, concombres et pastèques. In *Histoires de légumes : Des origines à l'orée du XXIe siècle*. Ed. Foury C. et Pitrat M., 2004. Editeur : Quae (8 janvier 2004).P.p.291-303.
- Pitrat, M. (2015). Des légumes qui grimpent. *Jardins de France*, 2015, pp.24-25. fffhal-01312115
- Rad, M.R.N., Ghasemi, M.M. and Koochpayegani, J. A. (2017). Evaluation of melon (*Cucumis melo* L.) genotypes aiming effective selection of parents for breeding directed at high yield under drought stress condition. *Journal of Horticultural Research*, vol. 25(1):125-134 DOI:10.1515/johr-2017-0013
- Sabato, D., Esteras, C., Grillo, O., Picó, B. and Bacchetta, G. (2015). Seeds morpho-colourimetric analysis as complementary method to molecular characterization of melon diversity. *Scientia Horticulturae*, Volume 192, 2015, Pages 441-452, ISSN 0304-4238, <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2015.06.006>.
- Schaefer, H., Heibl, C. and Renner, S.S. (2009). Courges à flot : une phylogénie datée révèle une origine asiatique de la famille des courges (Cucurbitacées) et de nombreux événements de dispersion outre-mer. *Proc R Soc B* 276:843-851
- Silberstein, L., Kovalski, I., Brotman, Y., Perin, C., Dogimont, C., Pitrat, M., Klingler, J., Thompson, G., Portnoy, V., Katzir, N. and Perl-Treves, R. (2003). Linkage map of *Cucumis melo* including phenotypic traits and sequence-characterized genes. *Genome*. 46(5): 761-773. <https://doi.org/10.1139/g03-060>
- Solmaz, I., Sari, N., Aka-Kacar, Y. and Yalcin-Mendi, N.Y. (2010). The genetic characterization of Turkish watermelon (*Citrullus lanatus*) accessions using RAPD markers. *Genet Resour Crop Evol*. 2010; 57:763-71.
- SPSS Inc, (2007). SPSS for windows release 16.0. SPSS Inc, USA
- Staub, J., López-Sesé, A.I. and Fanourakis, N. (2004). Diversity among melon landraces (*Cucumis melo* L.) from Greece and their genetic relationships with other melon germplasm of diverse origins. *Euphytica*. 136. 151-166. 10.1023/B:EUPH.0000030667.63614.bd.
- Suwarno, W. B., Sobir, M. et Sobir Gunawan, E. (2017). Melon Breeding: Past Experiences and Future Challenges. *International Seminar on Tropical Horticulture 2016 Bogar*, 28- 29 November. Editor: Dr. Awang Maharijaya, SP,

M.Si Dr. Ir. Darda Efendi, M.Si. First Edition, May 2017.

Szamosi, C., Solmaz, I., Sari, N. et Bársony, C. (2010). Morphological evaluation and comparison of Hungarian and Turkish melon (*Cucumis melo* L.) germplasm. *Scientia Horticulturae*, 124(2), 170-182.

Touil, L., Guesmi, F., Fares, K., Zagrouba, C. et Ferchichi, A. (2008). Genetic diversity of some Mediterranean Populations of the cultivated

Alfalfa (*Medicago sativa* L.) using SSR markers. *Pakistan Journal of sciences* 11(5): 1923-1928.

Trimech, R., Afif, M. and Boussaid, M. (2015). Genetic diversity of Tunisian melon (*Cucumis melo* L.) landraces and their relationships with introduced varieties as assessed by simple-sequence repeat (SSR) markers. *African journal of Biotechnology*, V14(2), pp 86-95.