

RENATA DIAS FREITAS LAURINDO

**CONTROLE DO PORTE E DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM ABÓBORA
COM POTECIAL OLEAGINOSO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

Orientador: Derly José Henriques da Silva

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2020**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

L385c
2020 Laurindo, Renata Dias Freitas, 1988-
Controle do porte e dissimilaridade genética em abóbora
com potencial oleaginoso / Renata Dias Freitas Laurindo. –
Viçosa, MG, 2020.
107 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Derly José Henriques da Silva.
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Abóbora - Melhoramento genético. 2. Marcadores
genéticos. 3. Modelos multiníveis (Estatísticas). 4. Análise por
agrupamento. 5. *Cucurbita moschata* Duch. I. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Fitotecnia. Programa de
Pós-Graduação em Fitotecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 635.622

RENATA DIAS FREITAS LAURINDO

**CONTROLE DO PORTE E DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM ABÓBORA
COM POTECIAL OLEAGINOSO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 05 de março de 2020.

Assentimento:

Renata Dias Freitas Laurindo

Renata Dias Freitas Laurindo

Autora



Derly José Henriques da Silva

Orientador

Ao meu marido Bruno, meu filho João Lucas

E ao meu pai Jesu (in memoriam):

enfim sua “Dotôra”

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por permitir que tudo acontecesse...

À Universidade Federal de Viçosa (UFV) e ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, pela oportunidade de realização do curso de doutorado.

À Capes e ao CNPq, pela bolsa de estudos concedida.

Ao Professor Derly José Henriques da Silva, pela orientação, paciência, compreensão e amizade nestes longos anos de convivência.

Ao Professor Pedro Crescêncio Souza Carneiro e a Professora Eveline Teixeira Caixeta por toda colaboração, paciência e amizade durante este período.

Aos funcionários da Horta Velha e Laboratório de Manejo de Recursos Genéticos pela ajuda na execução dos experimentos.

Aos amigos do Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento de Plantas, por toda a ajuda, pela boa convivência e por compartilhar tantos momentos.

Aos colegas Rafael dos Anjos, João Romero, Tiago e Emilly por toda contribuição e disposição na execução deste trabalho.

À Tatiani e Lidia, da secretaria de Pós-graduação em Fitotecnia e aos demais funcionários da UFV, pelos favores prestados durante a realização do curso.

Aos amigos que fazem ou fizeram parte do Núcleo de Estudos em Olericultura (NEO), em especial ao Cleverson, aos Ronaldos, Rebeca, David Laurindo e Andrea, pela convivência e pelas trocas de experiências.

Ao meu pai Jesu (in memorian), que neste momento estaria muito orgulhoso...

À minha mãe Cleuza, pelo cuidado, atenção, por tudo que ela fez por mim.

A minha sogra Elza, por se disponibilizar e cuidar da minha família.

Ao meu marido Bruno meu apoio, meu porto seguro! Pelo tempo dedicado, pela paciência, por toda a ajuda, e acima de tudo por todo amor!

Ao meu filho João Lucas, minha dose diária de força, alegria da minha casa, por quem são todos os meus esforços.

E a todos que de alguma forma contribuíram para conclusão deste trabalho.

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

Obrigada!

BIOGRAFIA

RENATA DIAS FREITAS LAURINDO, filha de Jesu Soares de Freitas e Cleuza Maria Dias Freitas, nasceu em 23 de setembro de 1988, na cidade de Viçosa, estado de Minas Gerais, Brasil.

Em março de 2008, iniciou o curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa, colando grau em julho de 2013.

Em agosto de 2013, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, em nível de Mestrado, da Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa da dissertação em julho de 2015.

Em agosto de 2015, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, em nível de Doutorado, da Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa da tese em março de 2020.

RESUMO

LAURINDO, Renata Dias Freitas, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2020. **Controle do porte e dissimilaridade genética em abóbora com potencial oleaginoso.** Orientador: Derly José Henriques da Silva.

A abóbora (*Cucurbita moschata* Duchesne) desempenha papel importante na alimentação humana, podendo-se consumir a parte vegetativa e os frutos, inclusive suas sementes. As sementes possuem elevado valor nutritivo, devido ao alto teor proteico e oleaginoso. A presença de ácidos graxos insaturados e compostos bioativos no óleo das sementes de abóbora, o eleva a classe de alimentos funcionais. Mesmo com esse potencial, a produtividade de óleo é baixa, pois as abóboras possuem hábito de crescimento rastejante, necessitando de espaçamentos maiores, podendo uma única planta ocupar uma área de até 25m². No entanto, quando se utiliza abóboras tipo moita, esse espaçamento pode ser reduzido para até 1m². Entretanto, o controle desta característica ainda é pouco estudado, e assim, o objetivo do presente estudo foi elucidar o controle do porte em plantas de abóbora (*Cucurbita moschata*) com potencial oleaginoso pela caracterização fenotípica e molecular. Na caracterização fenotípica foram aplicados 23 descritores, sendo 7 relativos a fases vegetativas das plantas, 10 referentes aos frutos e 6 às sementes. As análises foram realizadas considerando os modelos lineares mistos (procedimento REML/BLUP) para a estimação do valor genotípico, acurácia, herdabilidade. As estimativas dos parâmetros *m*, *a*, *d*, *aa*, *ad* e *dd* foi realizado com base no estudo das médias e variância das populações, pela análise de gerações. Para o modelo aditivo dominante, foram estimados os efeitos aditivos, dominantes e da média. Para o modelo completo foram estimados os efeitos das médias de todos os possíveis homozigotos, aditivos, dominantes e epistáticos: aditivo x aditivo, aditivo x dominante e dominante x dominante. Além disso, foram utilizados estimadores de máxima verossimilhança para determinar qual o melhor modelo genético em explicar as características relacionados ao porte. Para a avaliação molecular, foram coletadas folhas em nitrogênio líquido e estas armazenadas. O DNA extraído foi avaliado em gel de agarose quanto a qualidade e quantificado por espectrofotômetro. Os produtos resultantes da reação de PCR foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida desnaturante 6% e visualizados por meio de coloração com nitrato de prata. Foram utilizados 40 pares de marcadores

microssatélites, sendo que 5 obtiveram polimorfismo. Com base na amplificação destes locos foi possível a obtenção de um dendograma de dissimilaridade, com a formação de cinco grupos distintos. O modelo aditivo-dominante foi eficiente para 50% das características avaliadas, sendo o efeito aditivo o mais importante para as características comprimento da rama, número de entrenós, comprimento médio do entrenó, diâmetro menor do fruto, massa seca das sementes, número de sementes. Os efeitos epistáticos foram significativos para as características massa média dos frutos, comprimento do fruto e massa total de sementes. O comprimento da rama é uma característica quantitativa, controlada por gene maior com efeito aditivo e de dominância e, após o florescimento, o controle ocorre por um gene de efeito maior e poligenes com efeito aditivo e de dominância. Foram selecionados vinte genótipos para cada característica através do *rank* médio, e que devem ser explorados na continuação dos programas de melhoramento genético dessa espécie.

Palavras-chave: *Cucurbita moschata* Duchesne. Gene braquítico. Parâmetros genéticos. Modelos mistos. Marcadores moleculares. SSR. Dendograma. UPGMA.

ABSTRACT

LAURINDO, Renata Dias Freitas, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March 2020. **Size control and genetic dissimilarity in pumpkin with oleaginous potential.** Adviser: Derly José Henriques da Silva.

Pumpkin (*Cucurbita moschata* Duchesne) plays an important role in human nutrition, being able to consume the vegetative part and the fruits, including its seeds. The seeds have high nutritional value, due to the high protein and oil content. The presence of unsaturated fatty acids and bioactive compounds in the oil of pumpkin seeds, elevates the class of functional foods. Even with this potential, oil productivity is low, as pumpkins have a creeping growth habit, requiring larger spacing, and a single plant can occupy an area of up to 25m². However, when using clump pumpkins, this spacing can be reduced to up to 1m². However, the control of this characteristic is still poorly studied, and therefore, the objective of the present study was to elucidate the control of size in pumpkin plants (*Cucurbita moschata*) with oleaginous potential through phenotypic and molecular characterization. In the phenotypic characterization, 23 descriptors were applied, 7 relating to the vegetative phases of the plants, 10 referring to the fruits and 6 to the seeds. The analyzes were performed considering the mixed linear models (REML / BLUP procedure) to estimate the genotypic value, accuracy, heritability. The estimates of the parameters m, a, d, aa, ad and dd were performed based on the study of the means and variance of the populations, through the analysis of generations. For the dominant additive model, the additive, dominant and average effects were estimated. For the complete model, the effects of the averages of all possible homozygotes, additives, dominant and epistatic were estimated: additive x additive, additive x dominant and dominant x dominant. In addition, maximum likelihood estimators were used to determine the best genetic model to explain the characteristics related to size. For the molecular evaluation, leaves were collected in liquid nitrogen and stored. The extracted DNA was evaluated on an agarose gel for quality and quantified by spectrophotometer. The products resulting from the PCR reaction were separated by electrophoresis in a 6% denaturing polyacrylamide gel and visualized by staining with silver nitrate. 40 pairs of microsatellite markers were used, of which 5 obtained polymorphism. Based on the amplification of these loci, it was possible to obtain a dissimilarity dendrogram, with the formation of five distinct groups.

The additive-dominant model was efficient for 50% of the evaluated characteristics, with the additive effect being the most important for the characteristics branch length, number of internodes, average internode length, smaller fruit diameter, dry mass of seeds, number of seeds . The epistatic effects were significant for the characteristics of average fruit mass, fruit length and total seed mass. The length of the branch is a quantitative characteristic, controlled by a larger gene with an additive and dominance effect and, after flowering, control occurs by a gene with a greater effect and polygenes with an additive and dominance effect. Twenty genotypes were selected for each trait through the average rank, which should be explored in the continuation of genetic improvement programs for that species.

Keywords: *Cucurbita moschata* Duchesne. Brachytic gene. Genetic parameters. Mixed models. Molecular markers. SSR. Dendrogram. UPGMA.

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 1

Figura 1 Plantas dos genitores BGH-7319 (A) e Piramoita (B) 32

CAPÍTULO 2

Figura 1 (A) Planta do genitor BGH-7319 e (B) Planta do genitor Piramoita..... 92

Figura 2 Estimativa de dissimilaridade genética, por meio dos marcadores microssatélites, utilizando o método de agrupamento UPGMA 100

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1

Tabela 1 Populações, descrição e números de indivíduos correspondentes. Viçosa-MG. 2020	33
Tabela 2 Modelos genéticos e seus respectivos parâmetros. Viçosa – MG. 2020....	37
Tabela 3 Número de plantas (N), média (m), variância (σ^2) para as sete características relacionadas ao porte, em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora antes do florescimento (AF). Viçosa-MG. 2020.....	38
Tabela 4 Número de plantas (N), média (m), variância (σ^2) para as sete características relacionadas ao porte, em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora após do florescimento (DF). Viçosa-MG. 2020	39
Tabela 5 Parâmetros genéticos estimados para sete características relacionadas ao porte em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora antes do florescimento. Viçosa-MG. 2020.....	41
Tabela 6 Parâmetros genéticos estimados para sete características relacionadas ao porte em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora após do florescimento. Viçosa-MG. 2020.....	42
Tabela 7 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias dos descritores relacionados ao porte obtidas a partir de plantas em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora, antes do florescimento. Viçosa-MG, 2020.....	45
Tabela 8 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias dos descritores relacionados ao porte obtidas a partir de plantas em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora, após o florescimento. Viçosa-MG. 2020.....	46
Tabela 9 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias dos descritores relacionados ao porte obtidas a partir de plantas em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora antes do florescimento. Viçosa-MG. 2020	47
Tabela 10 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias dos descritores relacionados ao porte obtidas a partir de plantas em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora após do florescimento. Viçosa-MG. 2020	48

Tabela 11 Estimativas do ganho de seleção, valores genotípicos, <i>rank</i> médio e seleção de indivíduos F ₂ de abóbora para características relacionadas ao porte antes do florescimento. Viçosa-MG. 2020.....	51
Tabela 12 Estimativas do ganho de seleção, valores genotípicos, <i>rank</i> médio e seleção de indivíduos F ₂ de abóbora para características relacionadas ao porte após o florescimento. Viçosa-MG. 2020.....	53
Tabela 13 Testes de hipóteses de modelos genéticos para herança das características relacionadas ao porte antes (AF) e após o florescimento (DF) avaliados nas gerações P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2} de <i>Cucurbita moschata</i> por meio da função de máxima verossimilhança. Viçosa - MG. 2020.....	56
Tabela 14 Número de plantas (N), média (m), variância (σ^2) para dez características relacionadas aos frutos, em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020.....	64
Tabela 15 Parâmetros genéticos estimados para nove características relacionadas ao fruto em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020.....	66
Tabela 16 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias dos descritores relacionados ao fruto, obtidas a partir de plantas em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020.....	67
Tabela 17 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias dos descritores relacionados ao fruto, obtidas a partir de plantas em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020.....	68
Tabela 18 Estimativas dos valores genotípicos, <i>rank</i> médio e seleção de indivíduos segregantes F ₂ de abóbora para características relacionadas aos frutos. Viçosa-MG. 2020.....	71
Tabela 19 Número de plantas (N), média (m), variância (σ^2) para as seis características relacionadas às sementes, em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020.....	74
Tabela 20 Parâmetros genéticos estimados para seis características relacionadas às sementes em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020.....	76
Tabela 21 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias dos descritores relacionados às sementes obtidas a partir de plantas em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020....	77

Tabela 22 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias dos descritores relacionados às sementes, obtidas a partir de plantas em seis populações (P ₁ , P ₂ , F ₁ , F ₂ , RC _{1:1} e RC _{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020.....	78
Tabela 23 Estimativas dos valores genotípicos, <i>rank</i> médio e seleção de indivíduos segregantes F ₂ de abóbora para características relacionadas as sementes. Viçosa-MG. 2020.....	79

CAPÍTULO 2

Tabela 1 Genótipos e número de indivíduos coletados. Viçosa-MG. 2020.....	92
Tabela 2 Características dos locos microssatélites avaliados nos genótipos de <i>Cucurbita moschata</i> . Viçosa-MG. 2020	94
Tabela 3 Estimativa das frequências alélica e do conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) para cinco locos em <i>Cucurbita moschata</i> . Viçosa-MG. 2020	98
Tabela 4 Distribuição da variabilidade genética de <i>Cucurbita moschata</i> com base na análise molecular de variância (AMOVA). Viçosa-MG. 2020.....	98
Tabela 5 Características fenotípicas dos genótipos F ₂ , obtidas pelo cruzamento entre plantas de rama longa (BGH-7319) e moita (Piramoita) de <i>Cucurbita moschata</i> . Viçosa, MG. 2020.	101

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL.....	16
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	21
CAPÍTULO 1 - Controle genético de características relacionadas ao porte em plantas de <i>Cucurbita moschata</i> com potencial oleaginoso	26
1 INTRODUÇÃO	30
2 MATERIAIS E MÉTODOS	31
2.1 Instalação e condução dos experimentos	31
2.2 Obtenção do híbrido F ₁ , população F ₂ e retrocruzamentos.....	32
2.3 Análise de Gerações.....	32
2.4 Análises genético-estatísticas	34
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	38
3.1 Características relacionadas ao porte.....	38
3.1.1 Análise de médias e variâncias.....	38
3.1.2 Estimativa de parâmetros genéticos.....	41
3.1.3 Efeitos gênicos.....	44
3.1.4 Seleção de indivíduos F ₂ via BLUP.....	50
3.1.5 Controle genético das características relacionadas ao porte via máxima verossimilhança.....	55
3.2 Características relacionadas aos frutos.....	63
3.2.1 Análise de médias e variâncias.....	63
3.2.2 Estimativa de parâmetros genéticos.....	65
3.2.3 Efeitos gênicos.....	66
3.2.4 Seleção de indivíduos F ₂ via BLUP.....	69
3.3 Características relacionadas às sementes.....	73
3.3.1 Análise de médias e variâncias.....	73
3.3.2 Estimativa de parâmetros genéticos.....	75
3.3.3 Efeitos gênicos.....	76
3.3.4 Seleção de indivíduos F ₂ via BLUP.....	78
4. CONCLUSÃO.....	81

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	82
------------------------------------	----

CAPÍTULO 2 - Dissimilaridade genética em população segregante de *Cucurbita moschata* por marcadores microssatélites.....87

1. INTRODUÇÃO.....	90
2. MATERIAIS E MÉTODOS.....	91
2.1 Instalação do experimento.....	91
2.2 Coleta do material e extração do DNA.....	92
2.3 Amplificação com marcadores microssatélites.....	93
2.4 Análises genético-estatísticas.....	95
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	96
3.1 Seleção dos SSR polimórficos entre os genitores.....	96
3.2 Frequência alélica e conteúdo de informação polimórfica	97
3.3 Análise de variância molecular.....	98
3.4 Dissimilaridade genética entre os genótipos de <i>Cucurbita moschata</i>	99
4. CONCLUSÃO.....	104
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	105

1. INTRODUÇÃO GERAL

A abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) é uma cucurbitácea economicamente importante e ocupa uma posição de destaque devido à alta produtividade, valores nutritivos, boa capacidade de armazenamento, melhor qualidade de transporte e amplo cultivo em regiões tropicais e subtropicais do globo. O fruto é utilizado tanto imaturo quanto maduros, assim como produtos processados (KRISHNAMOORTHY & SAMPATH, 2019).

No Brasil, a abóbora é amplamente cultivada e consumida, sendo economicamente importante para o abastecimento do mercado nacional (RESENDE et al., 2013). Somente no ano de 2013, mais de 48 mil toneladas de abóboras foram comercializadas no país (AGRIANUAL, 2015). A área cultivada com *C. moschata* é de aproximadamente 90 mil hectares e sua produção estimada em 400 mil toneladas, resultando em valor de produção anual em torno de 1,5 milhões de reais (IBGE, 2012), concentrando a produção dessa olerícola na região Nordeste, responsável por 24% da produção nacional (RESENDE et al., 2013).

As abóboras tem papel importante na alimentação humana, desta hortaliça são consumidos a parte vegetativa, os frutos e suas sementes. O fruto é uma das fontes mais promissoras de carotenoides (RODRIGUEZ-AMAYA e et al., 2008; CARVALHO et al., 2012) e vitaminas como a A, B2, C e E (VERONEZI e JORGE, 2012), além de representar uma excelente fonte de antioxidantes como compostos fenólicos, flavonóides, tocoferóis e fitoesteróis (KIM et al., 2012; ZDUNIC et al., 2016).

As sementes de abóbora têm sido comumente utilizadas em alimentos ou medicamentos, devido aos valiosos componentes funcionais (JIAO et al., 2014). As sementes se destacam pelo elevado valor nutritivo, devido ao alto teor proteico e oleginoso (ABD EI-AZIZ & ABD EI-KALEK, 2011). Estudos mostraram que as sementes de abóbora possuem valores protetores da saúde, como atividades antioxidantes, imunomoduladores, diuréticos e anti-inflamatórios (MATTHEWSA et al., 2016; XANTHOPOULOU et al., 2009; SAAVEDRA et al., 2015).

Neste contexto, a extração do óleo presente nas sementes de abóbora surge como alternativa viável para minimizar o desperdício e agregar benefícios econômicos ao produto. O processamento gera resíduos, estes representam perda de matéria-prima, insumos, subprodutos ou produto principal, requerendo tempo e capital para o seu

gerenciamento (VERONEZI & JORGE, 2012). O uso de subprodutos sem valor comercial, mas com propriedades nutricionais e funcionais de alto valor biológico e medicinal (TINOCO et al., 2012a; 2012b) podem agregar valor à produção (BISSACOTTI, & LONDERO, 2016). Embora haja consumo das sementes em determinadas regiões do mundo, o aproveitamento destas corresponde a uma pequena parcela das sementes que são desperdiçadas cotidianamente (NAVES et al., 2010).

O teor de óleo das sementes de abóbora varia de 30 a 50%, dependendo da espécie, genótipo e ambiente de cultivo (MURKOVIC et al., 1996, YOUNIS et al., 2000, El-ADAWY; TAHA, 2001; STEVENSON et al., 2007). O óleo é composto predominantemente por ácidos graxos insaturados, principalmente ácidos oleico (n-9) e linoleico (n-6) (STEVENSON et al., 2007).

A predominância de ácidos graxos insaturados e a presença de componentes bioativos como tocoferóis, carotenóides e β -sitosterol elevam esse óleo à classe dos óleos funcionais por proporcionarem benefícios a saúde (CAILI et al., 2006). Dessa forma favorecem o funcionamento do organismo (VERONEZI & JORGE, 2012), além de atuar na prevenção de doenças degenerativas como afecções da próstata (RODRIGUEZ AMAYA, 2008) e potencial redutor do colesterol LDL (YOUNIS et al., 2000).

Mesmo diante da importância e do potencial das sementes de abóbora para a produção de óleo, a produtividade é baixa, pois estas plantas necessitam de espaçamentos maiores, que comprometem a viabilidade econômica da exploração de óleo.

As abóboras que possuem hábito de crescimento rastejante, podendo uma única planta ocupar uma área de até 25 m², pois, tradicionalmente o plantio é realizado em covas com espaçamento chegando até 5,0 x 5,0 m (PUIATTI & SILVA, 2005). Uma alternativa para a redução no espaçamento entre as covas é a utilização de plantas, denominadas moita. A arquitetura da planta moita é importante para melhorar a eficiência agrícola e reduzir a custos de produção agrícola (SASAKI et al., 2002; AHMADIKHAH & MARUFINIA, 2016). Na família Cucurbitaceae, existem genótipos moita comerciais apenas nas espécies *C. pepo* e *C. maxima*.

Embora a espécie *C. pepo* seja tradicionalmente usada na produção de óleo, a outra espécie produzem composição de óleo equivalente ou superior (APPLEQUIST et al., 2006; STEVENSON et al., 2007) e possuem composição semelhante e com uma proporção maior de ácidos graxos insaturados.

A exploração de *C. moschata* para extração de óleo funcional podem constituir importante fonte de renda para produtores e indústrias, pois os genótipos dessa espécie são adaptadas às condições de cultivo do país e produzem abundante quantidade de sementes.

A estratégia da introgressão do gene braquítico em *C. moschata* pode reduzir a área ocupada por uma única planta para até 1 m² e com isto aumentar a produção de sementes por área. Assim, em uma área em que se cultiva 400 plantas por hectare, com a introgressão do gene de nanismo, passariam a ser cultivadas 5.000 plantas (1,0 x 1,0 m).

Neste contexto, vislumbra-se garantir a viabilidade econômica desta exploração e a sustentabilidade agrícola, por meio da redução dos impactos causados pela agricultura sobre poluição do solo, da água e dos alimentos, garantindo dessa forma maior rentabilidade aos agricultores (SILVA, 2012).

O controle genético do hábito de crescimento em Cucurbitas não é bem conhecido (VALLEJO & MOSQUERA, 1998), mas sabe-se que o gene Bush (um gene dominante para crescimento tipo moita) é responsável pelo crescimento compacto nesse gênero (ROBINSON et al.1976; LOY et al., 2012). Entretanto outros locos podem existir os quais modificam a expressão do gene Bush (PARIS & EDELSTEIN, 2001). A ação do gene Bush é peculiar devido a sua reversão de dominância. Em *C. pepo* o gene Bush atua como dominante completo durante o crescimento inicial, até a antese da primeira flor feminina, porém apresenta dominância revertida no crescimento subsequente. Assim como em *C. máxima* onde o gene Bush apresenta expressão dominante durante a fase vegetativa, em que não ocorre a abertura da flor feminina e se expressa como recessivo no início da fase reprodutiva. Portanto quando se encontra em heterozigose ocorre inversão de dominância e também há ação de outros genes que interagem em sua expressão (WHITAKER & DAVIS, 1974; PARIS & EDELSTEIN, 2001).

Para melhor compreender a ação do gene relacionado ao porte das plantas, são aplicados estudos biométricos. Entre os delineamentos genéticos utilizados pode-se citar a análise de gerações, em que são avaliadas simultaneamente as gerações ou populações, incluindo os genitores, híbridos (F₁), e as gerações segregantes, como as populações F₂ e as derivadas de retrocruzamentos RC1 (P₁ x F₁) e RC2 (P₂ x F₁) (CRUZ, REGAZZI, CARNEIRO, 2012).

Os parâmetros genéticos são obtidos a partir da análise de gerações,

possibilitando estimar o coeficiente de herdabilidade (sentido amplo ou restrito), os componentes de variância genética, interações entre os coeficientes de variância genética por variância ambiental, e a identificação dos efeitos atribuídos aos fatores gênicos aditivos, dominantes e epistáticos (BERNARDES, 2019). Estes parâmetros são fundamentais em programas de melhoramento, pois permitem conhecer a estrutura genética de uma população e auxiliam// na tomada de decisão, na predição de ganhos e viabilidade das estratégias de seleção (HAMAWAKI et al., 2012; MATSUO et al., 2012

A existência de variância aditiva, constitui-se em uma predição de ganhos vantajosos no processo de seleção de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A variabilidade fenotípica resulta na interação entre os efeitos genéticos e do ambiente, possibilitando a predição dos ganhos de seleção e a definição das estratégias de melhoramentos a serem adotadas (BORÉM; MIRANDA, 2017).

A utilização de modelos genético-estatístico mais refinados, como a metodologia de modelos mistos, é uma tendência no melhoramento vegetal, pois fornecem parâmetros relevantes que auxiliam na identificação de genótipos superiores (MAIA et al., 2011; RAMALHO & ARAÚJO, 2011). Entre estes modelos, o REML/BLUP é fundamental para a predição de valores genéticos aditivos e genotípicos, tanto intra como interpopulacionais (RESENDE, 2000).

A utilização do método da máxima verossimilhança (SILVA, 2003) possibilita a estimação da ação de gene de efeito maior e de poligenes. Essa metodologia considera diferentes modelos hierárquicos, iniciando do modelo mais simples que inclui apenas a variação ambiental até o mais complexo que incluem gene de efeito maior e poligenes (FERREIRA, 2017). O *software* Monogen versão 0.1 (SILVA, 2003), tem sido utilizado para a obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos dos modelos hierárquicos e dos testes de hipóteses pelo critério da máxima verossimilhança (REZENDE et al., 2004).

Os marcadores moleculares de DNA são úteis para estudos de variabilidade genética, identificação de genótipos ou genes específicos, mapeamento de QTL e consequente associação entre marcadores moleculares e características fenotípicas (DANTAS, 2015). Entre esses marcadores destaca-se os SSR (Simple Sequence Repeat) também chamados de microssatélite, que estão presentes em todo o genoma, possuem altas taxas de polimorfismo, são codominante e multialélicos, possuem especificidade local e reprodutibilidade, sendo os mais indicado para estudos de

diversidade genética (FERRÃO et al., 2015; SANTOS et al., 2016).

Diante do exposto, o objetivo do presente estudo foi elucidar o controle do porte em plantas de abóbora (*Cucurbita moschata*) com potencial oleaginoso pela caracterização fenotípica e molecular.

2. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABD EI-AZIZ, A.B.; ABD EI-KALEK, H.H. Antimicrobial proteins and oil seeds from pumpkin (*Cucurbita moschata*). **Nature and Science**, v.9, p.105-119, 2011.

AGRIANUAL. Anuário da agricultura brasileira. São Paulo, FNP - Consultoria e Agroinformativo, 2015.

AHMADIKHAH, A.; MARUFINIA, A. Effect of reduced plant height on drought tolerance in rice. **3 Biotech**, v.6, p.221-229. 2016.

BERNARDES, F. S. Análise de gerações e estratégias de seleção em genótipos de soja visando resistência à ferrugem asiática e produção de grãos. Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia. 2019.

BISSACOTTI, A. P.; LONDERO, P. M. G. Sementes de abóbora: prospecção para o consumo humano e utilização tecnológica. **Disciplinarum Scientia**. Série: Ciências da Saúde, Santa Maria, v. 17, n. 1, p. 111-124, 2016

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV. 523 p. 2013.

CAILI, F.; HUAN, S.; QUANHONG, L. A review on pharmacological activities and utilization technologies of pumpkin. **Plant Foods for Human Nutrition** (Formerly *Qualitas Plantarum*), v. 61, p. 70-77, 2006.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 1, 4. ed. Viçosa: UFV. 514 p. 2012.

DANTAS, A. C. A. Identificação de QTLs e herança de caracteres associados a qualidade de frutos de meloeiro. Tese de Doutorado. Mossoró. 95fl. 2015.

EL-ADAWY, T. A.; TAHA, K. M. Characteristics and composition of watermelon, pumpkin, and paprika seed oils and flours. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 49, n.3, p. 1253-1259, 2001.

FERRÃO, L. F. V.; CAIXETA, E. T.; PENA, G.; ZAMBOLIM, E. M.; CRUZ, C. D.; ZAMBOLIM, L.; FERRÃO, M. A. G.; SAKYAMA, N. S. New EST-SSR markers of *Coffea arabica*: transferability and application to studies of molecular characterization and genetic mapping. **Molecular Breeding**, v. 35, n. 1, p. 31, 2015.

FERREIRA, M. G. Herança da resistência de *Solanum habrochaites* a *Phytophthora infestans* (Mont.) De Bary. Dissertação de Mestrado. Viçosa, MG, 2017. 27f

HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; ROMANATO, F. N.; NOGUEIRA, A. P. O.; JÚNIOR, C. D. S.; POLIZEL, A. C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, Teresina, v. 3, n. 2, p.7

JIAO, J.; LI, Z. G.; GAI, Q.Y.; LI, X. J.; WEI, F.Y.; FU, Y. J.; MA, W. Microwave-assisted aqueous enzymatic extraction of oil from pumpkin seeds and evaluation of its physicochemical properties, fatty acid compositions and antioxidant activities. **Food Chem.** 147, 17-24. 2014.

KIM, M.Y.; KIM, E.J.; KIM, Y.N.; CHOI, C.; LEE, B.H. Comparison of the chemical compositions and nutritive values of various pumpkin (Cucurbitaceae) species and parts. *Nutrition Research and Practice*, 6, 21-27. 2012

KRISHNAMOORTHY, V., SAMPATH, S. Genetic diversity analysis in pumpkin (*Cucurbita moschata* Duch Ex Poir). **International Journal of Chemical Studies**; 7(3): 3672-3676. 2019.

LOY, J. B. Introgression of genes conferring the bush habit of growth and variation in fruit rind color into white nest egg gourd. In: Xth EUCARPIA Meeting on Genetics and Breeding of Cucurbitaceae. Antalya, Turkey, Cukurova University, p. 275-282, 2012.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V. de; OLIVEIRA, L. C. de; ALVARES, V. de S.; MACIEL, V. T.; LIMA, A. C. de. Seleção de clones experimentais de cupuaçu para características agroindustriais via modelos mistos. **Revista Agro@ambiente** On-line, v. 5, n. 1, p. 35- 43, jan-abril, 2011

MATSUO, É.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; BROMMONSCHENKEL, S. H., FERREIRA, S. C.; FIALHO, G. S. Efficiency of artificial hybridization in soybean during the summer depending on temperature and relative humidity. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 6, 2015.6-83, 2012.

MATTHEWSA, K. K., O'BRIENA, D. J., WHITLEY, N. C., BURKEC, J. M., MILLERD, J. E., & BARCZEWSKI, R. A. Investigation of possible pumpkin seeds and ginger effects on gastrointestinal nematode infection indicators in meat goat kids and lambs. **Small Ruminant Research**, 136. 2016.

MURKOVIC, M.; HILLEBRAND, A.; WINKLER, J.; LEITNER, E. Variability of fatty acid content in pumpkin seeds (*Cucurbita pepo* L.). **Zeitschrift für Lebensmittel-Untersuchung und Forschung**. v. 23, p. 216 -219, 1996.

NAVES, L. P.; CORRÊA, A. D.; ABREU, C. M. P.; SANTOS, C. D. Nutrientes e propriedades funcionais em sementes de abóbora (*Cucurbita maxima*) submetidas a diferentes processamentos. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, v.30, p.185-190, 2010.

PARIS, H. S.; EDELSTEIN, M. Same Gene for Bush Growth Habit in *Cucurbita pepo* ssp. *pepo* as in *C. pepo* ssp. *ovifera*. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**. v. 24, p. 80-81, 2001.

PUIATTI, M., SILVA, D.J.H. Abóboras e morangas. In: Fontes, P.C.R. (ed.). **Olericultura: teoria e prática**. Viçosa: DFT - Setor de Olericultura/UFV, p.279-297, 2005.

RAMALHO, M. A. P.; ARAÚJO, L. C. A. Breeding self-pollinated plants. **Crop Breed. Appl. Biotechnol.** vol.11 no.spe Viçosa June 2011

RESENDE, G. M.; BORGES, R. M. E.; GONÇALVES, N. P. S. Produtividade da cultura da abóbora em diferentes densidades de plantio no Vale do São Francisco. **Horticultura Brasileira**, v.31, p.504-508, 2013.

RESENDE, M.D.V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo, PR: Editora Embrapa Florestas, 101 p. 2000.

REZENDE, V. F.; VENCOSKY, R.; CÁRDENAS, F. E. N.; SILVA, H. P., BEARZOTI, E. & CAMARGO, L. E. A. REZENDE, V. F. et al. Mixed inheritance model for resistance to anthracnose leaf blight in maize. **Cropp Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, n. 1, p. 115-122, 2004.

ROBINSON, R.W., MUNGERM, H.M., WHITAKER, T.W., BOHN, G.W. Genes of the Cucurbitaceae. **HortScience**, v.11, p.554–568, 1976.

RODRIGUEZ-AMAYA, D.B.; KIMURA, M.; AMAYA-FARFAN, J. Fontes Brasileiras de Carotenóides: Tabela brasileira de composição de carotenóides em alimentos. 2.ed. Brasília: Ministério do Meio Ambiente, 99p. 2008

SAAVEDRA, M. J.; AIRES, A.; DIAS, C.; ALMEIDA, J. A.; DE VASCONCELOS,

- M. C. B. M.; SANTOS, P.; ROSA, E. A. Evaluation of the potential of squash pumpkin by-products (seeds and shell) as sources of antioxidant and bioactive compounds. **J. Food Sci. Technol.** 52, 1008-1015. 2015
- SANTOS, D. M. C.; BESA, C. F. F.; VICTORIA, A. J. A.; CAO, E. P. Simple sequence repeat analysis of selected NSIC-registered Coffee varieties in the Philippines. **Science Diliman**, v. 28, n. 1, p. 5-16, 2016.
- SASAKI, A.; ASHIKARI, M.; UEGUCHI, T.M.; ITOH, H.; NISHIMURA, A.; SWAPAN, D.; ISHIYAMA, K.; SAITO, T.; KOBAYASHI, M.; KHUSH, G.S.; et al. Green revolution: A mutant gibberellin-synthesis gene in rice. **Nature**, 416, 701-702. 2002
- SILVA, D. B. Sustentabilidade no Agronegócio: dimensões econômica, social e ambiental. Comunicação & Mercado/UNIGRAN - Dourados - MS, v.01, p.23-34, 2012.
- SILVA, W. P. Estimadores de máxima verossimilhança em misturas de densidade normais: uma aplicação em genética. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG. 60p. 2003
- STEVENSON, D. G.; ELLER, F. J.; WANG, L.; JANE, J. L.; WANG, T.; INGLET, G. E. Oil and tocopherol content and composition of pumpkin seed oil in 12 cultivars. **J. Agric. Food Chem.** 55, 4005-4013. 2007
- TINOCO, L. P. do N. et al. Perfil de aminoácidos de farinha de semente de abóbora. Revista Unopar Científica Ciências Biológicas e da Saúde, Londrina, v. 14, n. 3, p. 149-153, 2012.
- TINOCO, L. P. N. et al. Perfil de aminoácidos de paçoca contendo farinha de semente de abóbora. Corpus et Scientia, [s.l.], v. 8, n. 2, p. 78-86, out., 2012.
- VALLEJO, C.F.A.; MOSQUERA, S.E. Transferencia del gen Bu a poblaciones de zapallo, *Cucurbita* sp. con crecimiento postrado. **Acta Agronómica**, v.48, 1998.
- VERONEZI, C.M.; JORGE, N. Aproveitamento de sementes de abóbora (*Cucurbita* sp.) como fonte alimentar. **Revista Brasileira de Produtos Agroindustriais**, v.14, p.113-124, 2012.
- WU, T.; CAO, J. Differential gene expression of tropical pumpkin (*Cucurbita moschata* Duchesne) bush mutant during internode development. **Scientia**

Horticulturae, v.117, p.219-224, 2008.

WU, T.; ZHOU, J. H.; ZHANG, Y. F.; CAO, J. S. Characterization and inheritance of a bush-type in tropical pumpkin (*Cucurbita moschata* Duchesne). **Sci Hort.**114(1):1-4. 2007

XANTHOPOULOU, M.N.; NOMIKOS, T.; FRAGOPOULOU, E.; ANTONOPOULOU, S. Antioxidant and lipoxygenase inhibitory activities of pumpkin seed extracts. **Food Res. Int.** 42, 641-646. 2009.

WHITAKER, T. W.; G.N. DAVIS. *Cucurbita*. Handbook of genefics. v. 2, p. 135-142, 1974.

YOUNIS, Y. M. H.; GHIRMAY, S.; AL-SHIHRY, S. S. African *Cucurbita pepo* L.: properties of seed and variability in fatty acid composition of seed oil. **Phytochemistry**, v. 54, p. 71-75, 2000.

ZDUNIĆ, G. M.; MENKOVIĆ, N. R.; JADRANIN, M. B.; NOVAKOVIĆ, M. M.; ŠAVIKIN, K. P.; ŽIVKOVIĆ, J. C. Phenolic compounds and carotenoids in pumpkin fruit and related traditional products. **Hemijska Industrija**, 70 (4) 429–433. 2016.

CAPÍTULO 1

Controle genético de características relacionadas ao porte em plantas de *Cucurbita moschata* com potencial oleaginoso

RESUMO

LAURINDO, Renata Dias Freitas, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2020. **Capítulo I: Controle genético de características relacionadas ao porte em plantas de *Cucurbita moschata* com potencial oleaginoso.** Orientador: Derly José Henriques da Silva.

A abóbora (*Cucurbita moschata* Duchesne) desempenha papel importante na alimentação humana, podendo-se consumir a parte vegetativa, os frutos e suas sementes. As sementes possuem elevado valor nutritivo, devido ao alto teor proteico e oleaginoso. A presença de ácidos graxos insaturados e compostos bioativos no óleo das sementes de abóbora, o eleva a classe de alimentos funcionais. Mesmo com esse potencial, a produtividade de óleo é baixa, pois as abóboras possuem hábito de crescimento rastejante, necessitando de espaçamentos maiores. Uma alternativa para a redução do espaçamento utilizado na cultura é a introgressão do gene braquítico. O objetivo do estudo foi estudar o controle genético do porte das plantas em genótipos de abóbora com potencial oleaginoso. Neste estudo, foram utilizados os genitores BGH-7319 e a cultivar Piramoita, da espécie *Cucurbita moschata*, para a obtenção das gerações F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}. O experimento foi conduzido no período de janeiro a agosto de 2017 na Horta Velha – Departamento de Agronomia-UFV. Os dados fenotípicos de 23 características foram analisados pelo método dos modelos lineares mistos (procedimento REML/BLUP) para a estimação do valor genotípico, acurácia e herdabilidade. As estimativas dos parâmetros m, a, d, aa, ad e dd foi realizado com base no estudo das médias e variância das populações, pela análise de gerações. Além disso, foram utilizados estimadores de máxima verossimilhança para determinar o melhor modelo genético que explica as características relacionados ao porte. O modelo aditivo-dominante foi eficiente para explicar 78% das características avaliadas, sendo o efeito aditivo importante no controle da característica de comprimento da rama e comprimento médio do entrenó. Não houve significância dos efeitos epistáticos sobre as características de porte da planta. O comprimento da rama é uma característica quantitativa, controlada por mais de um gene com efeito aditivo e de dominância. Deve-se ressaltar que, pelo índice de seleção e rank-médio foram selecionados vinte genótipos para cada característica e que devem ser explorados na continuação dos programas de melhoramento genético dessa espécie.

Palavras-chave: *Cucurbita moschata* Duch.; melhoramento; nanismo; modelos mistos, análise de geração.

ABSTRACT

LAURINDO, Renata Dias Freitas, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March 2020. **Chapter II. Genetic control of characteristics related to size in *Cucurbita moschata* plants with oleaginous potential.** Adviser: Derly José Henriques da Silva.

Pumpkin (*Cucurbita moschata* Duchesne) plays an important role in human nutrition, being able to consume the vegetative part, the fruits and their seeds. The seeds have high nutritional value, due to the high protein and oil content. The presence of unsaturated fatty acids and bioactive compounds in the oil of pumpkin seeds, or elevates the class of foods emitted. Even with this potential, oil productivity is low, as pumpkins have a creeping growth habit, requiring larger spacing. An alternative to reduce the spacing used in the culture is an introgression of the brachitic gene. The aim of the study was to study for the genetic control of plant size in pumpkin genotypes with oleaginous potential. In this study, the parents BGH-7319 and a cultivar Piramoita, of the species *Cucurbita moschata*, were used for the generation of the F₁, F₂, RC_{1:1} and RC_{1:2} generations. The experiment was conducted from January to August 2017 at Horta Velha - Department of Agronomy-UFV. The phenotypic data of 23 characteristics were able by the method of mixed linear models (REML / BLUP procedure) to estimate the genotypic value, accuracy and heritability. The indicators of the parameters m, a, d, aa, ad and dd were performed based on the study of the means and variance of the sources, through the analysis of generations. In addition, maximum likelihood estimators were used to determine the best genetic model that explains the characteristics related to size. The additive-dominant model was efficient to explain 78% of the evaluated characteristics, being the additive effect important in the control of the branch length and average internode length characteristics. There was no significance of epistatic effects on plant size characteristics. The length of the branch is a quantitative characteristic, controlled by more than one gene with an additive and dominance effect. It should be noted that, using the selection index and average grade, twenty genotypes were selected for each trait and should be explored in the continuation of genetic improvement programs for this species.

Keywords: *Cucurbita moschata* Duch .; improvement; dwarfism; mixed models, generation analysis.

1. INTRODUÇÃO

As abóboras (*Cucurbita moschata* Duch.) pertencem à família das cucurbitáceas e têm grande importância na alimentação básica da população mundial, podendo-se consumir os frutos, as folhas e as sementes (PRIORI et al., 2017). A polpa é excelente fonte de nutrientes como o β -caroteno, precursor da vitamina A, além de minerais como ferro, cálcio e magnésio (JACOBO-VALENZUELA et al., 2011). As sementes se destacam devido ao elevado teor proteico e oleaginoso. O óleo extraído da semente de abóbora é composto predominantemente de ácidos graxos insaturados, e o elevam à classe de alimentos funcionais.

O hábito de crescimento em abóboras (*C. moschata*) é do tipo rastejante, com entrenós longos e ramas que podem atingir 15 m de comprimento. Uma única planta pode ocupar área de 25 m² (PUIATTI & SILVA, 2005), aumentando os custos de produção. A utilização de plantas com crescimento moita é uma importante alternativa para maximizar a eficiência do cultivo, pois atividades como o preparo de solo e equipamentos de irrigação são reduzidas, uma vez que as plantas poderão ser cultivadas em espaçamentos menores (MAYNARD, et al., 2002).

Plantas com crescimento moita foram descritas para a espécie *Cucurbita pepo*. Estas plantas possuem o gene de nanismo, gene *Bush*. Este gene foi descrito por Denna e Munger (1963), sendo o porte reduzido, o fenótipo dominante. Em estudos realizados em *C. pepo* e *C. maxima*, foi observado que a presença deste gene confere entrenós de tamanho reduzido e aparência da planta tipo moita. (SHIFRISS, 1947; DENNA & MUNGER, 1963; ROBINSON et al., 1976). Uma característica deste gene é a reversão de dominância em relação ao porte. O gene *Bush* apresenta expressão dominante durante a fase vegetativa, em que não ocorre a abertura da flor feminina e se expressa como recessivo no início da fase reprodutiva. Portanto quando se encontra em heterozigose ocorre inversão de dominância e também há ação de outros genes que interagem em sua expressão (WHITAKER & DAVIS, 1974; PARIS & EDELSTEIN, 2001).

Entretanto na espécie *C. moschata*, estudos previamente realizados indicaram que existe um conjunto de genes que controlam a característica de porte, podendo-se ter comprimento do entrenó reduzido, proporcionando ramas mais curtas e precocidade na produção (ZHANG et al., 2015).

Uma alternativa para elucidar o controle de características relacionados ao porte é o estudo de herança por meio do delineamento genético análise de gerações.

Esta metodologia permite estimar parâmetros genéticos baseados nas médias e variâncias por meio de experimentos envolvendo os progenitores P_1 e P_2 , as gerações F_1 e F_2 e de retrocruzamentos ($RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$) (CRUZ et al., 2012).

Para a estimação de parâmetros genéticos, a metodologia de modelos mistos tem se mostrado eficiente, uma vez que tem a capacidade de reduzir significativamente os erros associados de natureza aleatória. O método REML/BLUP é comumente utilizado para estimar os componentes de variância e predizer as médias genotípicas (GARCIA, 2017). A escolha dos modelos estatísticos, mais precisos, a serem utilizados na estimação dos componentes de variância da população e na predição dos valores genéticos dos indivíduos é um dos primeiros passos para o sucesso dos programas de melhoramento genético (BARBOSA et al., 2008).

Diante do exposto, o objetivo do trabalho foi estudar o controle genético das características relacionadas ao porte da planta em genótipos de *Cucurbita moschata* com potencial oleaginoso.

2. MATERIAIS E MÉTODOS

2.1 Instalação e condução dos experimentos

O experimento foi conduzido no campo experimental da UEPE (Unidade de Extensão e Pesquisa – Horta Velha) do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa-MG, sob coordenadas de 20° 45' 14" S, longitude de 42° 52' 53" W e altitude de 648,74 m. Segundo a classificação de Koppen, o clima regional é do tipo Cwa, com umidade relativa média anual do ar de 80%, temperaturas médias máxima e mínima anual são de 26,4 e 14,8 °C, respectivamente, e precipitação média de 1221,4 mm, com concentração de chuvas no verão.

O germoplasma utilizado foi o acesso BGH-7319 conservado no Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV). Este acesso foi considerado promissor para programas de melhoramento visando produção de óleo funcional de sementes de abóbora. O BGH-7319 possui elevada massa de sementes por fruto (92,15g), elevada concentração de óleo (44,07%) e baixa concentração de ácido palmítico (14,08%) (SOBREIRA, 2013), entretanto possui ramas longas. Além deste acesso, foi utilizado o cultivar Piramoita, que possuem o gene Bush em homozigose que possibilitam o aumento da densidade de plantas por área, com consequente aumento da produtividade (Figura 01). Ambos genótipos pertencem à espécie *Cucurbita moschata*.



Figura 1 Plantas dos genitores BGH-7319 (A) e Piramoita (B)

2.2 Obtenção do híbrido F_1 , população F_2 e retrocruzamentos

Os híbridos F_1 foram obtidos por meio do cruzamento entre o acesso BGH-7319 utilizados como genitores femininos com o cultivar Piramoita, utilizado como genitor masculino. O acesso BGH-7319 sempre foi utilizado como genitor feminino, pois o óleo está presente no endosperma da semente e este é de origem materna.

A população segregante F_2 , foi obtida a partir da autofecundação do híbrido. Os retrocruzamentos, foram obtidos a partir do cruzamento entre o híbrido e o seu genitor materno ($RC_{1:1}$) e entre o híbrido e seu genitor paterno ($RC_{1:2}$).

As mudas foram produzidas em bandejas de poliestireno expandido de 72 células, preenchidas com substrato comercial para produção de mudas de hortaliças. As sementes dos genitores para obtenção dos híbridos e, posteriormente, as sementes híbridas para obtenção das sementes das populações F_2 , $RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$ foram semeadas nas datas de 17/01/2014 e 31/07/2014, respectivamente. Quando as plântulas possuíam uma folha definitiva totalmente expandida foram transplantadas para o campo de cultivo previamente preparado por meio de aração, gradagem e coveamento, em 29/01/2014 para os genitores, e 27/08/2014, para os híbridos. O espaçamento utilizado foi de 1,5 x 1,5 metros. Os tratos culturais foram realizados segundo recomendações para a cultura (FILGUEIRA, 2007). Na fase de floração foram realizadas polinizações controladas para cada tratamento, sendo estas iniciadas em 24/03/2014 para o cruzamento entre os genitores, e em 22/10/2014, para a obtenção das populações F_2 , $RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$. As colheitas foram realizadas quando os frutos atingiram o ponto de maturação comercial, indicado pelo pedúnculo seco, ocorridas em média 60 dias após as polinizações.

2.3 Análise de Gerações

Seis tratamentos foram caracterizados e avaliados morfoagronômicamente: os genitores BGH-7319 e Piramoita, e as populações F_1 , F_2 , $RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$. O

delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados, com três repetições. Foram utilizadas 24 plantas de cada genitor, 24 plantas da população F_1 , 232 plantas da população F_2 e 100 plantas de cada retrocruzamento (Tabela 01).

Tabela 1 Populações, descrição e números de indivíduos correspondentes. Viçosa-MG. 2020

Populações	Descrição	Número de indivíduos
P_1	BGH-7319	24
P_2	Piramoita	24
F_1	$P_1 \times P_2$	24
F_2	Autofecundação	232
$RC_{1:1}$	$F_1 \times$ BGH-7319	100
$RC_{1:2}$	$F_1 \times$ Piramoita	100

As sementes foram semeadas em bandejas de poliestireno contendo 72 células, no dia 17 de janeiro de 2017. Quando as plântulas possuíam uma folha definitiva totalmente expandida foram transplantadas para o campo previamente preparado por meio de aração, gradagem e coveamento. O espaçamento utilizado foi de 3,0 x 4,0 metros. Os tratos culturais foram realizados segundo recomendações para a cultura (FILGUEIRA, 2007). As colheitas foram realizadas quando os frutos atingiram o ponto de maturação comercial, indicado pelo pedúnculo seco, ocorridas em média 60 dias após as polinizações.

Os descritores morfoagronômicos empregados foram propostos pelo International Plant Genetic Resources Institute - IPGRI (ESQUINAS-ALCAZAR; GULICK, 1983) e pelo European Cooperative Programme for Plant Genetic Resources (ECPGR, 2008) e outros considerados pertinentes, seja pela variabilidade observada em campo ou pelo interesse agrônomo. No total, 22 descritores foram empregados, sendo 7 relativos a fase vegetativa das plantas, 9 referentes aos frutos e 6 às sementes.

- Características avaliadas na fase vegetativas das plantas: Comprimento da rama (CR); Número de entrenós (NE); Diâmetro médio do entrenó (DE); comprimento médio do entrenó (CME); Comprimento do limbo foliar (CL); Largura do limbo foliar (LL);

Comprimento do pedicelo (CPED), todas as características foram avaliadas na rama principal. As avaliações foram realizadas antes e após o florescimento (AF e DF), devido ao processo conhecido como reversão de dominância.

- Características avaliadas nos frutos: massa total de frutos (MTFR), massa média de frutos (MMeFR) em kg, diâmetro maior do fruto (DMaFR), diâmetro menor do fruto (DMeFR) em cm, comprimento do fruto (COMPFR) em cm, espessura da cavidade (ESPCAV) em mm, largura da cavidade (LCAV) em cm, comprimento da cavidade (COMPCAV) em cm, e os parâmetros colorimétricos da polpa, determinados com o auxílio de um colorímetro manual (Color Reader CR-10, Konica Minolta), obtendo-se: L* (luminosidade); a* (contribuição do vermelho); b* (contribuição do amarelo); C* (saturação); H* (tonalidade) para estimar de forma indireta, por meio de equações, os teores de carotenoides totais ($CTa = 6,1226 + 1,7106 * a^*$) expressos em $\mu\text{g g}^{-1}$ de massa fresca da polpa baseando-se no parâmetro a* ((ITLE; KABELKA, 2009).
- Características avaliadas nas sementes: comprimento de semente (CSEM), largura da semente (LSEM), espessura da semente (ESPSEM) todos em mm, determinados com uso de paquímetro digital, foram tomadas ao acaso seis sementes de um fruto, massa de 100 sementes (M100SEM), massa seca de sementes (MSSEM) em g, número de sementes (NSEM), em unidades.

2.4 Análises genético-estatísticas

As análises genético-estatísticas foram realizadas por três metodologias: análise de médias e variância, na obtenção dos efeitos gênicos modelos mistos para a estimação dos parâmetros genéticos (variância genotípica e ambiental, herdabilidade e acurácia) e pelo método da máxima verossimilhança.

Na análise de gerações é possível estimar a partir da metodologia proposta por Mather e Jinks (1971) os componentes da média, considerando os progenitores contrastantes P_1 e P_2 e suas gerações derivadas (F_1 , F_2 , $RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$). Com esta metodologia é possível calcular as médias e variâncias genotípicas, fenotípicas e ambiental de cada geração, e assim estimar as herdabilidades no sentido amplo e restrito, além do grau médio de dominância da característica.

As análises de média e variância foram realizadas utilizando-se o Aplicativo Computacional em Genética e Estatística GENES (CRUZ, 2013).

Com o intuito de elucidar a magnitude e natureza dos efeitos gênicos envolvidos na herança do porte da planta, foi avaliado a adequação do modelo completo conforme Cruz et al. (2012), por meio das estimativas dos parâmetros m , a , d , aa , ad e dd no estudo das médias e variância das populações: P₁ (BGH-7319), P₂ (cultivar Piramoita), F₁, F₂, RC_{1:1}, RC_{1:2}. O número de indivíduos correspondente a cada população encontra-se na Tabela 1.

Para o modelo completo foram estimados os efeitos das médias de todos os possíveis homozigotos (m), aditivos (a), dominantes (d) e epistáticos: aditivo x aditivo (aa), aditivo x dominante (ad) e dominante x dominante (dd). Para o modelo aditivo dominante foram estimados os efeitos aditivos (a), dominantes (d) e da média (m). Tanto os efeitos aditivos (a) quanto os não aditivos (d) foram estimados a partir das médias das gerações, pelo método dos quadrados mínimos ponderados (MATHER e JINKS, 1977).

$$\hat{m} = \frac{1}{2} \overline{P1} + \frac{1}{2} \overline{P2} + 4 \overline{F2} - 2 \overline{RC1} - 2 \overline{RC2}$$

$$\hat{a} = \frac{1}{2} \overline{P1} - \frac{1}{2} \overline{P2}$$

$$\hat{d} = -\frac{3}{2} \overline{P1} - \frac{3}{2} \overline{P2} - \overline{F1} - 8 \overline{F2} + 6 \overline{RC1:1} + 6 \overline{RC1:2}$$

$$\hat{aa} = -4 \overline{F2} + 2 \overline{RC1:1} + 2 \overline{RC1:2}$$

$$\hat{ad} = -\overline{P1} + \overline{P2} + 2 \overline{RC1:1} - 2 \overline{RC1:2}$$

$$\hat{dd} = \overline{P1} + \overline{P2} + 2 \overline{F1} + 4 \overline{F2} - 4 \overline{RC1:1} - 4 \overline{RC1:2}$$

Todos os efeitos dos dois modelos foram submetidos ao teste t, a 5% de probabilidade, em que é testada a nulidade de cada parâmetro, ou seja, H₀: β_i=0

Entretanto, os modelos matemáticos ajustados para a análise de variância (ANOVA), são adequados a dados balanceados, e não se aplica a dados desbalanceados, já que as estimativas dos tratamentos são tendenciosas e inexatas (NASCIMENTO, 2010). Os dados do experimento são desbalanceados, e assim, sendo indicado a utilização de modelos mistos para a produção de resultados não viciados e maximização da acurácia de seleção.

A estimação dos parâmetros genéticos foi realizada pela análise individual das características, considerando o modelo linear misto (procedimento REML/BLUP), por meio do *software* Selegen-REML/BLUP (RESENDE 2016). Foi utilizado o

seguinte modelo estatístico:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e}, \text{ em que:}$$

y: vetor de dados;

r: vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

a: vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

p: vetor dos efeitos de parcela;

e: o vetor de erros ou resíduos (aleatórios); as letras maiúsculas;

X, **Z** e **W**: matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Pela ANOVA, ainda é possível estimar o número de genes com o método de Castle (1921). No entanto, a estimação do número de genes por essa metodologia é pouco precisa, fornecendo apenas o número de genes que expressam dominância, além de considerar que todos os genes possuem efeitos iguais sobre a expressão fenotípica do caráter (CRUZ, 2012), não sendo possível a identificação da existência e de gene de efeito maior e poligenes no controle da característica.

O uso da metodologia da Máxima Verossimilhança possibilita a estimação da ação de gene de efeito maior e poligenes (SILVA, 2003). Essa metodologia considera diferentes modelos hierárquicos, iniciando do modelo mais simples que inclui apenas a variação ambiental até o mais complexo que incluem gene de efeito maior e poligenes.

Para a obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos dos modelos hierárquicos e dos testes de hipóteses pelo critério da máxima verossimilhança, foi utilizado o software Monogen versão 0.1 (SILVA, 2003). Com as gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}, foi possível estimar todos dos efeitos dos modelos (Tabela 2).

Tabela 2 Modelos genéticos e seus respectivos parâmetros. Viçosa – MG. 2020

Modelos	Parâmetros									
1 – Gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância mais poligenes com efeitos aditivos e de dominância	μ	A	D	[a]	[d]	V_a	V_d	S_{ad}	σ_2	
2 - Gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância mais poligenes com efeitos aditivos	μ	A	D	[a]	[d]	V_a	σ_2			
3 - Gene de efeito maior com efeitos aditivos mais poligenes com efeitos aditivos e de dominância	μ	A	[a]	[d]	V_a	V_d	S_{ad}	σ_2		
4 - Gene de efeito maior com efeitos aditivos mais poligenes com efeitos aditivos	μ	A	[a]	V_a	σ_2					
5 - Poligenes com efeitos aditivos e de dominância	μ	[a]	[d]	V_a	V_d	S_{ad}	σ_2			
6 - Poligenes com efeitos aditivos	μ	[a]	V_a	σ_2						
7 - Gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância	μ	A	D	σ_2						
8 - Gene de efeito maior com efeitos aditivos	μ	A	σ_2							
9 – Apenas efeitos ambientais	μ	σ_2								

μ : constante de referência; A: efeito aditivo do gene de efeito maior; D: efeito de dominância do gene de efeito maior; [a]: componente poligênico aditivo; [d]: componente poligênico de dominância; V_a : variância aditiva; V_d : variância atribuída aos desvios de dominância dos efeitos poligênicos; S_{ad} : componente da variação relativa aos produtos dos efeitos poligênicos aditivos pelos efeitos poligênicos de dominância; σ_2 : variância ambiental.

A partir das funções de verossimilhança para cada modelo é possível compor o teste de interesse, considerando diferentes hipóteses. Os testes de verossimilhança foram realizados por meio da estatística de LR (Likelihood ratio). De maneira geral, a estatística LR é dada por:

$$LR = -2 \ln \frac{L(M_i)}{L(M_j)}$$

Sendo $L(M_i)$ e $L(M_j)$ as funções de verossimilhança dos modelos i e j , em que o modelo i deve ser hierarquizado ao modelo j .

Os testes de máxima verossimilhança aplicam-se a modelos hierarquizados, de forma que o contraste entre modelos pode levar ou não a rejeição de um deles. A significância dos testes mostra que o efeito diferente entre eles é significativo, portanto o modelo mais completo explica melhor a característica. Caso o contraste seja não significativo, há indicação que o modelo mais reduzido é o que melhor explica

(FERREIRA, 2017).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Características relacionadas ao porte

3.1.1 Análise de Médias e Variâncias

As médias e variâncias estimadas indicam que o contraste entre os genitores foi significativo (Tabela 03 e 04), e que existe divergência entre os mesmos, o que contribuiu para uma boa precisão no estudo de herança do porte da planta. Os valores mais contrastantes foram observados para as características comprimento da rama antes e após o florescimento (CR_{AF} , CR_{DF}), número de entrenós antes do florescimento (NE_{AF}) e comprimento médio do entrenó antes do florescimento (CME_{AF}).

Tabela 3 Número de plantas (N), média (m), variância (σ^2) para as sete características relacionadas ao porte, em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora antes do florescimento (_{AF}). Viçosa-MG. 2020

POP	N	CR_{AF}		CL_{AF}		LL_{AF}		CP_{AF}	
		m	σ^2	m	σ^2	m	σ^2	m	σ^2
P1	18	140,34	8541,76	11,97	16,171	17,46	29,17	10,96	15,94
P2	15	28,88	1031,92	10,33	13,537	14,28	34,16	11,77	42,46
F ₁	23	68,10	2612,24	12,61	18,148	17,82	53,14	22,01	142,16
F ₂	199	42,69	2547,92	10,29	20,109	14,72	42,45	13,07	71,86
RC1	89	70,39	4387,82	11,19	19,498	16,10	43,05	13,83	66,63
RC2	88	27,47	872,48	10,76	25,251	14,90	48,57	13,50	91,32

POP	N	DE_{AF}		CME_{AF}		NE_{AF}	
		m	σ^2	m	σ^2	m	σ^2
P1	18	6,28	2,35	9,92	16,93	12,56	35,91
P2	15	7,32	11,09	3,02	5,39	8,13	12,84
F ₁	23	8,95	8,22	5,64	10,80	10,13	18,12
F ₂	199	7,19	6,75	3,83	8,38	8,50	21,29
RC1	89	6,76	6,61	5,63	14,36	9,76	26,47
RC2	88	7,24	8,26	2,82	4,68	7,80	13,87

m=média; σ^2 =variância; CR=comprimento da rama (cm); NE=número de entrenós(cont); DE=diâmetro do entrenó; CME=comprimento médio do entrenó (cm); CL=comprimento do limbo(cm); LL=largura do limbo(cm); CP=comprimento do pedicelo(cm).

Tabela 4 Número de plantas (N), média (m), variância (σ^2) para as sete características relacionadas ao porte, em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora após do florescimento (DF). Viçosa-MG. 2020

POP	N	CR _{DF}		CL _{DF}		LL _{DF}		CP _{DF}	
		m	σ^2	m	σ^2	m	σ^2	m	σ^2
P1	21	152,91	7555,99	12,15	9,38	16,88	16,70	11,62	29,37
P2	21	40,74	1378,63	10,13	11,59	13,41	14,16	8,62	10,15
F ₁	20	90,40	2767,94	14,63	11,76	19,48	22,36	18,90	67,65
F ₂	201	75,99	5138,88	11,81	20,615	15,35	33,24	13,28	41,19
RC1	91	117,93	6520,71	12,67	18,84	17,30	30,49	13,39	27,28
RC2	89	50,99	2075,16	11,37	13,82	14,40	20,36	10,86	19,38

POP	N	DE _{DF}		CME _{DF}		NE _{DF}	
		m	σ^2	m	σ^2	m	σ^2
P1	21	7,20	1,58	7,17	1,46	15,62	39,65
P2	21	6,91	4,18	7,35	5,02	12,62	28,95
F ₁	20	8,46	2,96	7,82	3,40	11,80	22,59
F ₂	201	7,64	5,18	7,65	5,07	13,67	33,86
RC1	91	7,45	4,41	19,75	13095,00	14,79	42,28
RC2	89	6,96	2,14	7,02	2,25	12,97	27,62

m=média; σ^2 =variância; CR=comprimento da rama (cm); NE=número de entrenós(cont); DE=diâmetro do entrenó; CME=comprimento médio do entrenó (cm); CL=comprimento do limbo(cm); LL=largura do limbo(cm); CP=comprimento do pedicelo(cm).

O genitor BGH-7319 obteve comprimento de rama acima de 140 cm, enquanto o genitor Piramoita, obteve comprimento de aproximadamente 28 cm, ambos antes do florescimento. Após o florescimento, este valor foi aproximadamente 152 cm para o BGH-7319 e 40 cm para o Piramoita.

Em estudos de herança genética, a existência de divergência entre os genitores é necessária para estimação mais precisa dos parâmetros (CRUZ et al.,2012). Quanto maior o grau de divergência entre os genitores, maior será a variabilidade resultante na população segregante, e maior a probabilidade de reagrupar os alelos em novas combinações favoráveis (BARBIERI et al., 2005).

As médias da geração F₁, para as características comprimento da rama (CR_{AF}), comprimento médio do entrenó (CME_{AF}), número de entrenós (NE_{AF}) antes do florescimento e comprimento da rama (CR_{DF}) e número de entrenós (NE_{DF}) depois do florescimento foram similares e intermediárias às médias dos genitores (Tabela 03 e 04). Isso indica que o tipo de interação alélica predominante entre os genes que condicionam a variabilidade para as características em abóbora é aditiva.

A ocorrência ação gênica aditiva indica que a seleção de indivíduos com as características desejáveis possibilita ganhos consideráveis, pois, a descendência dos indivíduos selecionados irá produzir progênes também superiores (RAMALHO, 2012).

Um ponto a ser observado são os valores da média do comprimento da rama antes e após o florescimento (CR_{AF} e CR_{DF}), em que os valores obtidos foram menores que a média dos genitores. Este tipo de ação genica ocorre devido aos desvios de dominância, sendo este um fator perturbador na identificação de genótipos superiores.

Ao comparar as médias da população F_1 para os descritores comprimento do limbo (CL_{AF}), largura do limbo foliar (LL_{AF}), comprimento do pedicelo (CP_{AF}) antes do florescimento, diâmetro do entrenó (DE_{DF}), comprimento médio do entrenó (CME_{DF}), comprimento do limbo (CL_{DF}), largura do limbo foliar (LL_{DF}), comprimento do pedicelo (CP_{DF}) depois do florescimento, e o intervalo da média dos genitores para estas mesmas características, constatou-se que houve indivíduos com valores superiores à média do genitor de maior média, isto pode ser interpretado como sobredominância do genitor de maior valor para estas características, situação essa chamada de heterobeltiose.

Para as características comprimento da rama (CR_{AF}), número de entrenós (NE_{AF}), comprimento médio do entrenó (CME_{AF}), comprimento do limbo (CL_{AF}), largura do limbo (LL_{AF}), antes do florescimento e número de entrenós depois do florescimento (NE_{DF}), a média da geração F_2 foi inferior à média dos genitores. Santos & Vencosvsky (1986), utilizando a metodologia de Hayman (1958), avaliaram o comprimento da rama principal em feijão, e concluíram que a diferença entre a média dos genitores e a média da geração F_2 constitui uma fonte de dominância.

Considerando o comprimento da rama antes e depois do florescimento (CR_{AF} e CR_{DF}), a média da geração F_2 foi inferior à média dos genitores (Tabela 03 e 04), esse resultado é desejável, pois, possibilita realizar a seleção de indivíduos com menor comprimento de rama, atendendo um dos objetivos do presente estudo.

As características de comprimento da rama (CR) e comprimento médio de entrenó (CME) estão relacionadas diretamente com o porte da planta. Segundo Zhang (2012), plantas com hábito de crescimento tipo rama pode emitir ramos com até 15 m, enquanto plantas com hábito de crescimento tipo moita emitem ramos e entrenós mais curtos e com diâmetro mais espesso. A redução do comprimento do entrenó das plantas possivelmente está associada à expressão do gene braquítico, que em homozigose

reduz o entrenó das plantas drasticamente, de 15 cm para até 2 cm em média (ZHANG et al., 2012).

Para as características diâmetro do entrenó após o florescimento (DE_{DF}), comprimento do pedicelo antes e após o florescimento (CP_{AF} e CP_{DF}), as médias da população F_2 foram maiores que a do genitor de maior média (BGH-7319), indicando a existência de segregantes transgressivos, demonstrando que o cruzamento realizado é promissor para aumento dessas características. Estes resultados evidenciam boa complementação entre os genitores, assim como a possibilidade de selecionar indivíduos com número de alelos efetivos superiores aos mesmos (RAMALHO, 2012). Estes dados são desejáveis, pois no estudo de plantas moita em cucurbita, observou-se entrenós com maior diâmetro, limbo foliar de maior área, além de pedicelos eretos e compridos.

3.1.2 Estimativa de Parâmetros Genéticos

Os tratamentos diferiram significativamente ($P < 0,01$) com relação às características comprimento da rama (CR), diâmetro do entrenó (DE), comprimento médio do entrenó (CME), comprimento do pedicelo (CP), antes e após o florescimento (Tabela 05 e 06). Para comprimento do limbo (CL), somente após o florescimento houve diferença significativa (Tabela 06). Estes resultados evidenciam existência de variabilidade e a possibilidade de seleção de progênes superiores.

Tabela 5 Parâmetros genéticos estimados para sete características relacionadas ao porte em seis populações (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , $RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$) de abóbora antes do florescimento. Viçosa-MG. 2020

Parâmetros	CR_{AF}	NE_{AF}	DE_{AF}	CME_{AF}	CL_{AF}	LL_{AF}	CP_{AF}
σ^2_g	428,55	2,01	0,74	1,865	3,49	1,11	12,71
σ^2_m	2221,21	15,51	4,89	6,40	12,31	29,31	40,823
P-valor	0,00	0,06	0,00	0,00	0,11	0,42	0,00
$h^2_{(%)ind}$	0,16	0,11	0,13	0,23	0,22	0,04	0,24
r_{gg}	0,38	0,32	0,35	0,45	0,45	0,19	0,46
PEV	367,96	1,80	0,65	1,49	2,79	1,07	10,03
Média	45,72	8,61	7,05	4,00	10,53	14,99	13,13
CV (%)	103,09	45,72	31,39	63,22	33,33	36,15	48,68

σ^2_g = variância genotípica; σ^2_m = variância ambiental; $h^2_{(%)ind}$ = herdabilidade; r_{gg} = acurácia; PEV = variâncias do erro de predição ; CR= comprimento da rama; NE= número de entrenós; DE = diâmetro do entrenó; CME = comprimento médio do entrenó; CL = comprimento do limbo; LL = largura do limbo; CP = comprimento do pedicelo.

Tabela 6 Parâmetros genéticos estimados para sete características relacionadas ao porte em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora após do florescimento. Viçosa-MG. 2020

Parâmetros	CR _{DF}	NE _{DF}	DE _{DF}	CME _{DF}	CL _{DF}	LL _{DF}	CP _{DF}
σ_g^2	993,93	1,56	3010,47	2,03	5,96	10,88	5,0
σ_m^2	3896,27	32,14	2,62	12,31	11,416	16,998	28,27
P-valor	0,00	0,21	0,00	0,00	0,01	0,00	0,00
$h^2_{(\%) \text{ ind}}$	0,20	0,05	0,89	0,14	0,34	0,39	0,15
r_{gg}	0,43	0,21	0,94	0,36	0,56	0,59	0,37
PEV	810,57	1,49	334,59	1,78	4,13	7,08	4,33
Media	80,77	13,77	10,25	5,478	11,96	15,67	12,81
CV	77,28	41,19	15,81	64,13	28,25	26,30	41,50

σ_g^2 = variância genotípica; σ_m^2 = variância ambiental; $h^2_{(\%) \text{ ind}}$ = herdabilidade; r_{gg} = acurácia; PEV = variâncias do erro de predição ; CR= comprimento da rama; NE= número de entrenós; DE = diâmetro do entrenó; CME = comprimento médio do entrenó; CL = comprimento do limbo; LL = largura do limbo; CP = comprimento do pedicelo.

Os coeficientes de variação experimental (CV) indicaram, em geral, alta dispersão dos dados. Os CV's mais elevados foram estimados para o comprimento da rama antes e após o florescimento com valores de 103 e 77%, respectivamente (Tabela 05 e 06). Os valores de CV's mais elevados podem ser explicados pelas naturezas quantitativas das características, em que os dados se fazem mais heterogêneos.

Os coeficientes de herdabilidade variaram de 4% a 89%, sendo estes valores observados para as características largura do limbo antes do florescimento (LL_{AF}) e diâmetro do entrenó depois do florescimento (DE_{DF}), respectivamente. As herdabilidades estimadas foram consideradas de valor médio ($0,2 < h^2 < 0,3$) (Tabela 05 e 06), exceto para as características número de entrenós após o florescimento (NE_{DF}) e largura do limbo antes do florescimento (LL_{AF}). Esses resultados contrastam com resultados obtidos por Almeida (2017), que estimou herdabilidades superiores para as características de comprimento da rama total (71,83%), comprimento da rama após o florescimento (55,76%) e comprimento da rama antes do florescimento (43,58%).

Os valores das estimativas de h^2 do presente estudo evidenciaram o grande efeito ambiental no controle da maioria das características avaliadas. Cabe ressaltar que, características que possuem herdabilidades consideradas médias não indicam ineficiência para seleção, mas proporcionarão menores ganhos por ciclo de seleção,

(ASSUNÇÃO et al., 2015). Sendo assim, o programa de melhoramento para estas características demandará estratégias mais elaboradas para a seleção de plantas em populações segregantes, a fim de potencializar os ganhos para estas características, buscando aumentar a concentração de alelos favoráveis.

Em relação às características diâmetro do entrenó antes do florescimento (DE_{AF}), comprimento do limbo (CL_{DF}) e largura do limbo (LL_{DF}) após o florescimento, as herdabilidades foram de maior magnitude (maior do que 30%), com destaque para o DE_{DF} , com herdabilidade de 89%.

As estimativas de h^2 individual são relevantes para uso no procedimento de predição de valores genotípicos, mesmo quando houver dados desbalanceados visando à acurácia seletiva.

A acurácia reflete a qualidade das informações e dos procedimentos utilizados na predição dos valores genéticos. Essa medida está associada à precisão da seleção e refere-se à correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros dos indivíduos. Quanto maior a acurácia na avaliação de um indivíduo, maior é a confiança na avaliação e no valor genético predito para o indivíduo (PIMENTEL et al., 2014).

A acurácia pode ser classificada em muito alta, quando maior que 90%; alta, quando entre 70% e 90%; moderada, entre 50% e 70% e baixa, quando menor que 50% (RESENDE & DUARTE, 2007).

A acurácia para diâmetro do entrenó após o florescimento (DE_{DF}) indica um bom percentual de acertos em caso de seleção para esta característica. Para as características comprimento do limbo antes do florescimento (CL_{AF}), comprimento da rama (CR_{DF}), comprimento do limbo (CL_{DF}) e largura do limbo (LL_{DF}) após o florescimento, a acurácia determinada foi moderada, podendo ainda estimar com segurança nos valores genéticos preditos e de herdabilidade. Quanto às demais características, os valores de acurácia foram de baixa magnitude, inferindo que os valores genéticos preditos e a herdabilidade apresentaram baixa confiança para seleção.

Diante dos resultados destaca-se a característica diâmetro do entrenó após o florescimento, que apresentou valores expressivos de acurácia ($r_{gg} = 0,94$) e de herdabilidade ($h^2 = 0,89$), o que evidencia elevada variabilidade genética aditiva, precisão na identificação e sucesso na seleção de populações promissoras para o porte da planta.

3.1.3 Efeitos gênicos

Dentre as 14 características avaliadas para o porte das plantas, o modelo aditivo dominante foi adequado para explicar 11 características: comprimento da rama (CR_{AF}), número de entrenós (NE_{AF}), diâmetro do entrenó (DE_{AF}), comprimento médio do entrenó (CME_{AF}), comprimento do pedicelo (CP_{AF}) antes do florescimento, comprimento da rama (CR_{DF}), número de entrenós (NE_{DF}), diâmetro do entrenó (DE_{DF}), comprimento do limbo (CL_{DF}), largura do limbo (LL_{DF}), comprimento do pedicelo (CP_{DF}) depois do florescimento, que obtiveram valores de coeficiente de determinação (R^2) superiores a 70% (Tabelas 07 e 08). As características largura do limbo antes do florescimento (LL_{AF}), comprimento médio do entrenó depois do florescimento (CME_{DF}) e comprimento do limbo antes do florescimento (CL_{DF}) obtiveram valores de magnitudes inferiores a 70% (Tabela 07 e 08).

Para as características comprimento da rama (CR_{AF}), número de entrenós (NE_{AF}), comprimento médio do entrenó (CME_{AF}) antes do florescimento e comprimento da rama (CR_{DF}) depois do florescimento, tanto o efeito da média (m), quanto os efeitos aditivos (a) foram significativos (Tabela 07 e 08). Enquanto que para as características comprimento do limbo (CL_{DF}), largura do limbo (LL_{DF}) e comprimento do pecíolo (CP_{DF}) após o florescimento, efeitos de média, aditivos e de dominância foram significativos.

Com relação às características diâmetro do entrenó (DE_{AF}), comprimento do pedicelo (CP_{AF}) antes do florescimento e diâmetro do entrenó após o florescimento (DE_{DF}), além do efeito da média dos possíveis homozigotos (m), os efeitos de dominância (d) também foram significativos (Tabela 07 e 08).

A existência de variância aditiva é um indicativo da facilidade de identificação genótipos superiores (CRUZ et al., 2012). Os efeitos aditivos são importantes na previsibilidade da expressão gênica das características quantitativas, enquanto que os efeitos de dominância podem ser explorados na identificação de híbridos, devido à natureza dominante das características (LYIMO et al., 2011).

Quando existe a ação aditiva, a média dos retrocruzamentos tendem a ser mais similares ao genitor recorrente (Tabela 03 e 04), conseqüentemente retrocruzamentos repetidos seguidos de seleção podem aumentar ou diminuir a característica desejada, de acordo com o genitor recorrente utilizado (ZEWDIE e BOSLAND, 2000).

Tabela 7 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias dos descritores relacionados ao porte obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora, antes do florescimento. Viçosa-MG, 2020

EFEITO	CR _{AF}			NE _{AF}			DE _{AF}			CME _{AF}		
	EST	σ^2	T	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	74,20	96,66	7,55**	9,80	0,52	13,65**	6,51	0,16	16,21 **	5,78	0,24	11,83 **
a	53,17	89,30	5,63**	2,17	0,47	3,14**	-0,51	0,15	-1,34 ^{ns}	3,32	0,22	7,14**
d	-26,92	266,00	-1,65 ^{ns}	-0,76	1,53	-0,62 ^{ns}	1,86	0,55	2,52 *	-1,52	0,77	-1,73 ^{ns}
R ²	85,17			77,85			76,32			83,58		

EFEITO	DE _{AF}			LL _{AF}			CP _{AF}		
	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	10,75	0,34	18,48 **	15,31	0,75	17,67 **	10,23	0,85	11,08**
a	0,74	0,31	1,33 ^{ns}	1,51	0,67	1,86 ^{ns}	-0,26	0,67	-0,31 ^{ns}
d	1,06	1,17	0,98 ^{ns}	1,38	2,93	0,81 ^{ns}	9,51	5,51	4,05 **
R ²	49,62			63,39			81,00		

m = média de homozigotos, a = aditivo, d= dominante, EST = estimativa do efeito, σ^2 = variância, t = teste t ** significativo a 1% de probabilidade, * significativo a 5% de probabilidade pelo teste t, ns não significativo; CR = comprimento da rama (cm); NE = número de entrenós (cont); DE = diâmetro do entrenó (mm); CME = Comprimento médio do entrenó (cm); CL = comprimento do limbo (cm), LL = largura do limbo (cm), CP = comprimento do pedicelo (cm) antes do florescimento.

Tabela 8 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias dos descritores relacionados ao porte obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora, após o florescimento. Viçosa-MG. 2020

EFEITO	GL	CR _{DF}			NE _{DF}			DE _{DF}			CME _{DF}		
		EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	T
m	437	92,60	78,11	10,48**	9,41	0,43	14,28**	6,91	0,05	30,16**	8,65	2,11	5,95**
a	437	58,25	71,87	6,87**	1,71	0,32	3,01**	0,21	0,05	0,98 ^{ns}	2,48	5,95	1,02 ^{ns}
d	437	-10,65	242,7	-0,68 ^{ns}	8,08	2,96	4,70**	1,26	0,20	2,84**	1,95	2,28	1,29 ^{ns}
R ²			96,85			88,50			75,01			14,13	

EFEITO	GL	CL _{DF}			LL _{DF}			CP _{DF}		
		EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	437	10,81	0,19	24,55**	14,57	0,29	26,87**	9,41	0,43	14,28**
a	437	1,07	0,17	2,56*	1,97	0,26	3,88**	1,71	0,32	3,01**
d	437	3,15	0,75	3,64**	3,76	1,28	3,33**	8,08	2,96	4,70**
R ²			88,43			81,60			88,50	

m = média de homozigotos, a = aditivo, d= dominante, EST = estimativa do efeito, σ^2 = variância, t = teste t ** significativo a 1% de probabilidade, * significativo a 5% de probabilidade pelo teste t, ns não significativo; CR = comprimento da rama (cm); NE = número de entrenós (cont); DE = diâmetro do entrenó (mm); CME = Comprimento médio do entrenó (cm); CL = comprimento do limbo (cm), LL = largura do limbo (cm), CP = comprimento do pedicelo (cm) após o florescimento.

Tabela 9 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias dos descritores relacionados ao porte obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora antes do florescimento. Viçosa-MG. 2020

EFEITO	GL	CR _{AF}			NE _{AF}			DE _{AF}			CME _{AF}		
		EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	404	59,66	577,56	2,48 *	9,21	4,25	4,47 **	7,56	1,43	6,31 *	4,89	1,86	3,59 **
a	31	55,73	135,83	4,78**	2,21	0,71	2,62 *	-0,52	0,22	-1,11 ^{ns}	3,45	0,33	6,05 **
d	426	-76,29	4287,30	-1,17 ^{ns}	-3,76	30,43	-0,68 ^{ns}	-2,87	10,54	-0,88 ^{ns}	-4,97	13,81	-1,34 ^{ns}
aa	373	24,95	441,72	1,19 ^{ns}	1,13	3,53	0,60 ^{ns}	-0,75	1,22	-0,68 ^{ns}	1,58	1,53	1,28 ^{ns}
ad	206	-25,62	780,2	-0,92 ^{ns}	-0,46	4,67	-0,21 ^{ns}	0,07	1,54	0,06 ^{ns}	-1,28	2,16	-0,87 ^{ns}
dd	426	84,74	2150,00	1,83 ^{ns}	4,68	15,00	1,21 ^{ns}	4,27	5,53	1,81 ^{ns}	5,73	7,28	2,12 *

EFEITO	GL	CL _{AF}			LL _{AF}			CP _{AF}		
		EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	404	8,41	4,09	4,16 **	12,77	8,53	4,37 **	8,98	13,85	2,41 *
a	31	0,82	0,45	1,22 ^{ns}	1,59	0,97	1,61 ^{ns}	-0,40	0,93	-0,42 ^{ns}
d	426	3,31	29,53	0,61 ^{ns}	2,78	62,02	0,35 ^{ns}	3,34	101,96	0,33 ^{ns}
aa	373	2,74	3,64	1,44 ^{ns}	3,10	7,56	1,13 ^{ns}	2,39	12,92	0,66 ^{ns}
ad	206	-0,77	3,83	-0,40 ^{ns}	-0,77	8,04	-0,27 ^{ns}	1,46	10,86	0,44 ^{ns}
dd	426	0,89	14,67	0,23 ^{ns}	2,27	33,12	0,40 ^{ns}	9,69	62,80	1,22 ^{ns}

m = efeitos das médias de todos os possíveis homozigotos, a = aditivos, d = dominantes, aa = efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad = aditivo x dominante dd = dominante x dominante; EST = estimativa do efeito, σ^2 = variância, CR = comprimento da rama (cm), NE = número de entrenós (cont) , DE = diâmetro do entrenó (mm), CME = Comprimento médio do entrenó (cm), CL = comprimento do limbo (cm), LL = largura do limbo (cm), CP = comprimento do pedicelo (cm), antes do florescimento.

Tabela 10 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias dos descritores relacionados ao porte obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora após do florescimento. Viçosa-MG. 2020

EFEITO	GL	CR _{DF}			NE _{DF}			DE _{DF}			CME _{DF}		
		EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	418	62,96	895,32	2,10 *	13,27	6,61	5,16 **	8,79	0,77	10,01 **	-15,68	589,15	-0,65 ^{ns}
a	40	56,08	106,37	5,44 **	1,50	0,82	1,66 ^{ns}	0,14	0,07	0,54 ^{ns}	-0,09	0,10	-0,27 ^{ns}
d	437	24,71	6150,95	0,32 ^{ns}	3,05	47,16	0,45 ^{ns}	-4,29	5,02	-1,9 ^{ns}	69,82	5300,49	0,96 ^{ns}
aa	378	33,86	788,96	1,21 ^{ns}	0,85	5,80	0,35 ^{ns}	-1,74	0,70	-2,07 ^{ns}	22,94	589,05	0,95 ^{ns}
ad	218	21,70	805,35	0,77 ^{ns}	0,65	6,37	0,26 ^{ns}	0,70	0,57	0,93 ^{ns}	25,64	589,06	1,06 ^{ns}
dd	437	2,73	2907,67	0,05 ^{ns}	-4,53	22,88	-0,95 ^{ns}	3,96	2,44	2,53 ^{ns}	-46,31	2355,98	-0,95 ^{ns}

EFEITO	GL	CL _{DF}			LL _{DF}			CP _{DF}		
		EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	418	8	3,34	5,63 **	13,16	5,27	5,73 **	14,72	5,82	6,10 **
a	40	1,01	0,25	2,02 *	1,74	0,37	2,87 **	1,50	0,47	2,19 *
d	437	1,76	22,44	0,37 ^{ns}	2,45	35,31	0,41 ^{ns}	-9,96	39,36	-1,59 ^{ns}
aa	378	0,86	3,09	0,49 ^{ns}	1,99	4,90	0,90 ^{ns}	-4,61	5,35	-1,99 ^{ns}
ad	218	0,57	2,45	0,37 ^{ns}	2,32	3,72	1,20 ^{ns}	2,05	3,95	1,039 ^{ns}
dd	437	2,59	10,79	0,79 ^{ns}	3,86	17,61	0,92 ^{ns}	14,14	26,97	2,73 **

m = efeitos das médias de todos os possíveis homozigotos, a = aditivos, d = dominantes, aa = efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad = aditivo x dominante dd = dominante x dominante; EST = estimativa do efeito, σ^2 = variância, CR = comprimento da rama (cm), CL = comprimento do limbo (cm), LL = largura do limbo (cm), CP = comprimento do pedicelo (cm), DE = diâmetro do entrenó (mm), CME = Comprimento médio do entrenó (cm), NE = número de entrenós (cont) após o florescimento.

A ausência de significância dos efeitos aditivos pode estar relacionada a genitores pouco contrastantes para a característica em estudo, sendo assim não existe variabilidade. Ainda, as características que obtiveram efeito aditivo não significativo, pode ser governada por mais de um gene, sendo de efeitos contrário, ou seja, o gene A^1A^1 , aumenta o valor da característica e o gene A^2A^2 diminui, que ao ocorrerem anulam o efeito, tornando assim o efeito aditivo nulo, não significativo.

Cabe ressaltar que, a presença de dominância prejudica a seleção em gerações segregantes, devido à dificuldade em diferenciar indivíduos homocigotos dominantes dos heterocigotos. Essa dificuldade normalmente pode ser contornada por meio da avaliação de progênies (CRUZ et al, 2012).

Para os descritores comprimento do limbo (CL_{AF}), largura do limbo (LL_{AF}) antes do florescimento e comprimento médio do entrenó (CME_{DF}) após o florescimento, o modelo aditivo-dominante não foi adequado, uma vez que os efeitos epistáticos podem manifestar de forma expressiva no controle dessas características. Segundo Viana (2000), interações epistáticas tendem a aumentar o viés das estimativas dos componentes aditivos e dominantes. Portanto, deve-se analisar estas características por meio do modelo completo, em que se considera, além dos efeitos de dominância (d) e aditivos (a), os efeitos epistáticos do tipo aditivo-aditivo (aa), aditivo-dominante (ad) e dominante-dominante (dd).

Considerando o modelo completo (Tabela 09 e 10), para as características que não foram explicadas pelo modelo simples (CL_{AF} , LL_{AF} e CME_{DF}), apenas a média dos homocigotos (m) foi significativa. Em relação aos efeitos aditivos, não houve significância, assim como também para os efeitos de dominância e das epistasias do tipo aditiva-aditiva e dominante-dominante. Estes resultados demonstram que a epistasia não influencia na expressão das características.

Para a característica comprimento médio do entrenó (CME), ao se observar o modelo aditivo-dominante (Tabela 09), tanto a média dos possíveis homocigotos (m), quanto o efeito aditivo foram significativos. Pelo modelo simples, foi observado ausência de significância do efeito de dominância, enquanto que no modelo completo houve significância (Tabela 10).

3.1.4 Seleção de indivíduos F₂ via BLUP

Os índices de seleção são geralmente utilizados com o propósito de escolher materiais superiores, com base em um complexo de variáveis que reúna atributos de interesse do melhorista, de modo a resultar em melhores ganhos simultâneos (CRUZ et al., 2004).

Este índice consiste em classificar os genótipos em ordem favorável ao melhoramento para cada característica analisada e, após a classificação, é calculada a média dos *ranks*. Com base no resultado deste índice, foram estimados os ganhos com a seleção.

Os ganhos preditos com a seleção de indivíduos superiores, com base no efeito aditivo, foram expressivos. Considerando-se 10% de seleção, que corresponde a 20 indivíduos selecionados, os incrementos na média geral após a seleção foram de até 35% para o comprimento da rama (CR) e 30% para o comprimento médio do entrenó (CME).

Os ganhos preditos para as características CR, NE, CME e DPF foram negativos, o que é interessante, pois o que se almeja é um genótipo mais compacto, com ramos e entrenós curto, bem como menor número entrenós e maior precocidade de florescimento.

O genótipo 128 ocupou a posição 1 no ranking para as características comprimento da rama e número de entrenós (Tabela 11). Para o comprimento da rama a nova média obtida foi de 34,78 cm, com redução de 23,91%, enquanto que para o número de entrenós a redução foi de 10,33%. Cabe ressaltar que o genótipo 128 ainda foi selecionado para a CME_{AF} (comprimento médio do entrenó) antes do florescimento, com nova média de 3,02cm, com redução de 24,5%. Essas características estão diretamente relacionadas ao porte da planta, uma vez que se deseja obter plantas com ramos curtas, maior diâmetro de entrenó e menor comprimento médio do entrenó.

Para a característica CME, o melhor ranqueado foi o genótipo 127, com redução de 26,75% na média para o caráter, e o ultimo selecionado foi o 133, com redução esperada de 15,15% sobre a média geral para o caráter.

Em uma análise simultânea do comprimento da rama (CR_{AF}), diâmetro do entrenó ($DEAF$) e comprimento médio do entrenó (CME_{AF}) os genótipos 92, 106, 107, 128 e 129 foram selecionados. Já os genótipos 206, 252, 271, 284 e 286 foram

selecionados simultaneamente para as características comprimento da rama e diâmetro do entrenó, com ganhos de até 10,37 e 15,77% respectivamente.

Tabela 11 Estimativas do ganho de seleção, valores genotípicos, *rank* médio e seleção de indivíduos F₂ de abóbora para características relacionadas ao porte antes do florescimento. Viçosa-MG. 2020

Genótipo	CR _{AF}		Genótipo	NE _{AF}		Genótipo	DE _{AF}		Genótipo	CME _{AF}	
	GS(%)	μ+g		GS(%)	μ+g		GS(%)	μ+g		GS(%)	μ+g
Trat_128	-23,92	34,78	Trat_128	-10,31	7,72	Trat_108	13,81	8,01	Trat_127	26,60	2,94
Trat_92	-23,57	34,95	Trat_92	-10,31	7,72	Trat_140	12,32	7,91	Trat_130	25,48	2,98
Trat_129	-23,39	35,03	Trat_226	-9,71	7,77	Trat_424	12,21	7,90	Trat_106	24,91	3,00
Trat_106	-22,86	35,27	Trat_271	-9,71	7,77	Trat_85	11,03	7,82	Trat_129	24,91	3,00
Trat_127	-22,86	35,27	Trat_107	-8,97	7,84	Trat_94	10,84	7,80	Trat_105	24,35	3,03
Trat_130	-22,50	35,43	Trat_129	-8,97	7,84	Trat_86	10,65	7,79	Trat_128	24,35	3,03
Trat_105	-21,44	35,92	Trat_223	-8,38	7,89	Trat_262	9,51	7,71	Trat_92	22,66	3,09
Trat_107	-21,44	35,92	Trat_230	-8,38	7,89	Trat_410	9,06	7,68	Trat_113	21,54	3,14
Trat_77	-20,73	36,24	Trat_232	-8,38	7,89	Trat_238	8,95	7,67	Trat_77	20,98	3,16
Trat_119	-20,37	36,41	Trat_252	-8,38	7,89	Trat_81	7,32	7,56	Trat_100	20,98	3,16
Trat_104	-20,02	36,57	Trat_284	-8,38	7,89	Trat_422	7,02	7,53	Trat_95	20,42	3,18
Trat_95	-19,66	36,73	Trat_106	-7,64	7,95	Trat_87	6,95	7,53	Trat_265	20,20	3,19
Trat_100	-19,31	36,89	Trat_119	-7,64	7,95	Trat_82	6,76	7,52	Trat_104	18,73	3,25
Trat_113	-18,60	37,22	Trat_89	-7,64	7,95	Trat_116	6,76	7,52	Trat_84	18,17	3,27
Trat_132	-18,60	37,22	Trat_245	-7,05	8,00	Trat_240	6,73	7,51	Trat_88	17,61	3,30
Trat_88	-18,60	37,22	Trat_246	-7,05	8,00	Trat_114	6,39	7,49	Trat_132	17,61	3,30
Trat_271	-15,77	38,51	Trat_270	-7,05	8,00	Trat_266	5,98	7,46	Trat_107	17,04	3,32
Trat_73	-15,76	38,51	Trat_275	-7,05	8,00	Trat_215	5,61	7,44	Trat_119	17,04	3,32
Trat_84	-15,76	38,51	Trat_276	-7,05	8,00	Trat_236	5,24	7,41	Trat_256	16,26	3,35
Trat_226	-15,66	38,56	Trat_277	-7,05	8,00	Trat_371	4,79	7,38	Trat_269	16,26	3,35
Trat_252	-15,56	38,61	Trat_278	-7,05	8,00	Trat_72	4,72	7,37	Trat_224	15,70	3,37
Trat_284	-15,49	38,64	Trat_279	-7,05	8,00	Trat_411	4,61	7,36	Trat_249	15,70	3,37
Trat_246	-15,34	38,70	Trat_281	-7,05	8,00	Trat_425	4,61	7,36	Trat_133	15,36	3,39

CR_{AF}= Comprimento da rama (cm); NE_{AF}= Número de entrenós (num.); DE_{AF}= Diâmetro do entrenó (mm); CME_{AF}= Comprimento médio do entrenó (cm) antes do florescimento= GS: ganho de seleção (%); μ+g= nova média obtida.

Tabela 11 Continuação

Genótipo	CL _{AF}		Genótipo	LL _{AF}		Genótipo	CP _{AF}		Genótipo	DPF	
	GS(%)	μ+g		GS(%)	μ+g		GS(%)	μ+g		GS(%)	μ+g
Trat_262	20,94	12,73	Trat_424	3,31	15,48	Trat_239	36,58	17,93	Trat_425	-34,72	32,17
Trat_243	20,11	12,65	Trat_243	3,24	15,47	Trat_75	35,61	17,81	Trat_385	-26,11	36,42
Trat_424	19,75	12,61	Trat_262	2,87	15,41	Trat_411	33,58	17,54	Trat_386	-26,11	36,42
Trat_361	19,12	12,54	Trat_85	2,84	15,41	Trat_215	32,97	17,46	Trat_409	-26,11	36,42
Trat_394	17,25	12,35	Trat_411	2,66	15,38	Trat_262	32,97	17,46	Trat_399	-24,88	37,03
Trat_238	16,77	12,30	Trat_238	2,63	15,37	Trat_242	29,36	16,98	Trat_116	-24,64	37,14
Trat_240	16,77	12,30	Trat_241	2,46	15,35	Trat_241	25,75	16,51	Trat_395	-23,65	37,63
Trat_411	15,99	12,21	Trat_239	2,39	15,34	Trat_356	24,56	16,36	Trat_396	-23,65	37,63
Trat_239	15,72	12,19	Trat_86	2,35	15,33	Trat_396	24,56	16,36	Trat_433	-23,65	37,63
Trat_219	14,68	12,08	Trat_140	2,35	15,33	Trat_424	24,56	16,36	Trat_265	-22,91	38,00
Trat_241	14,68	12,08	Trat_356	2,34	15,33	Trat_112	23,88	16,27	Trat_73	-20,95	38,96
Trat_85	14,46	12,05	Trat_240	2,26	15,32	Trat_141	22,98	16,15	Trat_81	-20,95	38,96
Trat_94	14,46	12,05	Trat_94	-2,11	15,30	Trat_263	22,14	16,04	Trat_90	-20,95	38,96
Trat_236	13,64	11,97	Trat_417	-1,93	15,27	Trat_266	22,14	16,04	Trat_101	-20,95	38,96
Trat_419	12,86	11,88	Trat_236	-1,90	15,26	Trat_243	20,34	15,80	Trat_110	-20,95	38,96
Trat_395	12,45	11,84	Trat_265	-1,87	15,26	Trat_134	20,27	15,79	Trat_111	-20,95	38,96
Trat_96	12,37	11,83	Trat_75	-1,86	15,26	Trat_240	19,44	15,68	Trat_125	-20,95	38,96
Trat_114	11,33	11,72	Trat_90	-1,86	15,26	Trat_139	18,47	15,56	Trat_134	-20,95	38,96
Trat_242	10,50	11,64	Trat_96	-1,86	15,26	Trat_218	17,99	15,49	Trat_135	-20,95	38,96
Trat_261	10,50	11,64	Trat_395	-1,81	15,25	Trat_417	17,71	15,45	Trat_136	-20,95	38,96
Trat_75	10,28	11,61	Trat_421	-1,66	15,23	Trat_267	16,73	15,33	Trat_383	-18,73	40,06
Trat_86	10,28	11,61	Trat_242	-1,66	15,23	Trat_114	16,66	15,32	Trat_388	-18,73	40,06
Trat_87	10,28	11,61	Trat_261	-1,66	15,23	Trat_236	15,83	15,21	Trat_389	-18,73	40,06

CL_{AF}= Comprimento do limbo (cm); LL= Largura do limbo (cm); CP_{AF}= Comprimento do pedicelo (cm) antes do florescimento; DPF= dias para florescimento (num.); GS= ganho de seleção (%); μ+g= nova média obtida.

Para as características relacionadas ao limbo foliar, os genótipos 75, 239, 242, 243, 262 e 411 foram selecionados simultaneamente, com ganhos de até 20,9% para a característica comprimento do limbo (CL_{AF}), 3,20% para largura do limbo (LL_{AF}) e 34,81% para o comprimento do pedicelo (CP_{AF}).

Após o florescimento os ganhos estimados para as características comprimento da rama (CR) pode ser de até 25%. Enquanto que para o diâmetro do entrenó, esse valor pode alcançar 49% (Tabela 12).

O genótipo 102 foi selecionado como 1º do ranking para o comprimento da rama e comprimento médio do entrenó, com redução de 25% e 17,92%, respectivamente (Tabela 12).

Tabela 12 Estimativas do ganho de seleção, valores genotípicos, *rank* médio e seleção de indivíduos F₂ de abóbora para características relacionadas ao porte após o florescimento. Viçosa-MG. 2020

Genótipo	CR _{DF}		Genótipo	NE _{DF}		Genótipo	DE _{DF}		Genótipo	CME _{DF}	
	GS(%)	μ+g		GS(%)	μ+g		GS(%)	μ+g		GS(%)	μ+g
Trat_102	-25,66	60,04	Trat_81	-3,95	13,22	Trat_119	49,67	15,34	Trat_102	-17,42	4,52
Trat_103	-21,63	63,30	Trat_139	-3,95	13,22	Trat_431	41,73	14,53	Trat_121	-12,18	4,80
Trat_128	-21,13	63,70	Trat_75	-3,62	13,26	Trat_96	39,92	14,34	Trat_130	-11,78	4,83
Trat_130	-20,12	64,52	Trat_109	-3,28	13,31	Trat_113	27,25	13,04	Trat_276	-11,74	4,83
Trat_123	-18,61	65,73	Trat_123	-3,28	13,31	Trat_89	21,40	12,44	Trat_284	-11,74	4,83
Trat_75	-18,11	66,14	Trat_71	-2,94	13,35	Trat_122	21,40	12,44	Trat_78	-11,61	4,84
Trat_228	-18,09	66,16	Trat_86	-2,94	13,35	Trat_140	21,40	12,44	Trat_251	-11,57	4,84
Trat_273	-18,09	66,16	Trat_102	-2,94	13,35	Trat_397	16,88	11,98	Trat_226	-11,55	4,84
Trat_284	-18,09	66,16	Trat_103	-2,94	13,35	Trat_103	15,55	11,84	Trat_230	-11,51	4,84
Trat_226	-17,96	66,26	Trat_244	-2,87	13,36	Trat_128	15,55	11,84	Trat_225	-11,43	4,84
Trat_121	-17,61	66,55	Trat_271	-2,87	13,36	Trat_101	12,63	11,54	Trat_228	-11,43	4,84
Trat_251	-17,58	66,57	Trat_375	-2,68	13,39	Trat_395	12,39	11,52	Trat_273	-11,43	4,84
Trat_271	-17,58	66,57	Trat_90	-2,61	13,40	Trat_366	11,81	11,46	Trat_281	-10,99	4,87
Trat_230	-17,33	66,77	Trat_218	-2,54	13,41	Trat_422	11,61	11,44	Trat_252	-10,70	4,88
Trat_281	-17,33	66,77	Trat_228	-2,54	13,41	Trat_411	10,35	11,31	Trat_248	-10,52	4,89
Trat_244	-17,08	66,97	Trat_255	-2,54	13,41	Trat_241	10,09	11,28	Trat_103	-10,48	4,90
Trat_255	-17,08	66,97	Trat_273	-2,54	13,41	Trat_80	9,70	11,24	Trat_224	-10,47	4,90
Trat_269	-17,08	66,97	Trat_382	-2,35	13,44	Trat_137	7,75	11,04	Trat_272	-10,44	4,90
Trat_81	-16,85	67,16	Trat_400	-2,35	13,44	Trat_94	4,83	10,74	Trat_253	-10,34	4,90
Trat_222	-16,83	67,18	Trat_416	-2,35	13,44	Trat_124	3,85	10,64	Trat_269	-10,25	4,91
Trat_225	-16,83	67,18	Trat_74	-2,27	13,45	Trat_424	3,52	10,61	Trat_274	-10,21	4,91
Trat_252	-16,83	67,18	Trat_87	-2,27	13,45	Trat_234	2,98	10,56	Trat_250	-10,05	4,92

CR_{DF}= Comprimento da rama (cm); NE_{DF}= Número de entrenós (num.); DE_{DF}= Diâmetro do entrenó (mm); CME_{DF}= Comprimento médio do entrenó (cm) após o florescimento; GS= ganho de seleção (%); μ+g= nova média obtida.

Tabela 12 Continuação

Genótipo	CL _{DF}		Genótipo	LL _{DF}		Genótipo	CP _{DF}	
	GS(%)	μ+g		GS(%)	μ+g		GS(%)	μ+g
Trat_428	8,89	10,90	Trat_397	-39,26	21,82	Trat_397	-25,51	16,08
Trat_138	9,56	10,82	Trat_431	-31,79	20,65	Trat_424	-23,16	15,78
Trat_430	9,25	10,85	Trat_107	-31,09	20,54	Trat_411	-17,86	15,10
Trat_410	10,77	10,67	Trat_119	-28,60	20,15	Trat_80	-16,70	14,95
Trat_95	7,80	11,03	Trat_428	-26,80	19,87	Trat_422	-16,09	14,87
Trat_262	13,20	10,38	Trat_420	-25,56	19,67	Trat_119	-15,52	14,80
Trat_108	13,59	10,33	Trat_424	-25,56	19,67	Trat_243	-14,99	14,73
Trat_265	14,56	10,22	Trat_92	-23,61	19,37	Trat_99	-14,34	14,65
Trat_234	10,95	10,65	Trat_422	-23,06	19,28	Trat_114	-14,34	14,65
Trat_80	11,71	10,56	Trat_411	-21,82	19,09	Trat_140	-14,34	14,65
Trat_396	2,34	11,68	Trat_421	-21,82	19,09	Trat_395	-13,73	14,57
Trat_368	9,25	10,85	Trat_90	-21,12	18,98	Trat_396	-13,73	14,57
Trat_139	5,91	11,25	Trat_95	-21,12	18,98	Trat_85	-13,16	14,50
Trat_135	13,69	10,32	Trat_96	-21,12	18,98	Trat_139	-13,16	14,50
Trat_84	3,69	11,52	Trat_109	-21,12	18,98	Trat_420	-13,14	14,49
Trat_423	5,32	11,32	Trat_126	-21,12	18,98	Trat_215	-12,64	14,43
Trat_144	4,82	11,38	Trat_243	-20,58	18,89	Trat_431	-12,55	14,42
Trat_98	9,25	10,85	Trat_359	-19,32	18,70	Trat_116	-11,98	14,35
Trat_384	11,71	10,56	Trat_417	-19,32	18,70	Trat_355	-11,38	14,27
Trat_86	7,84	11,02	Trat_430	-19,32	18,70	Trat_417	-11,38	14,27
Trat_238	7,26	11,09	Trat_103	-18,63	18,59	Trat_421	-11,38	14,27
Trat_218	12,26	10,49	Trat_127	-18,63	18,59	Trat_87	-10,81	14,19

CL_{DF}= Comprimento do limbo (cm); LL_{DF}= Largura do limbo (cm); CP_{DF}= Comprimento do pedicelo (cm) após o florescimento; GS= ganho de seleção (%); μ+g= nova média obtida.

Além do genótipo 102, os genótipos 103, 121, 130, 225, 226, 228, 230, 251, 252, 269, 273, 281 e 284 também foram selecionados tanto para o comprimento da rama, como para o comprimento médio do entrenó. Ainda, os genótipos 102, 103, 228 e 273 estão presentes no *rank* de seleção para o número de entrenós.

Para o número de entrenós, o genótipo 81 foi selecionado na primeira posição, com nova média estimada de 13,22 (redução de 3,95%). Um ganho de quase 50% foi estimado para o genótipo 119, em relação ao diâmetro do entrenó, para este genótipo a média estimada pode chegar até a 15,34mm.

Um ponto a ser destacado referente ao comprimento da rama, antes e após o florescimento, é a seleção dos genótipos 128, 130, 226, 252 e 271 em ambos. Sendo esta, uma característica essencial no porte da planta, estes genótipos se destacam para o programa de melhoramento, pois promissores na redução do comprimento desta característica.

Esse resultado demonstra a importância da metodologia estatística utilizada (BLUP) a qual corrige os dados para os efeitos ambientais e prediz de maneira precisa e não viciada os valores genotípicos, conduzindo à maximização do ganho genético com a seleção (RESENDE et al. 2001).

3.1.5 Controle genético das características relacionados ao porte via máxima verossimilhança

Os resultados dos testes de herança pelo uso da máxima verossimilhança são apresentados na Tabela 13. Este teste foi realizado para todos descritores relacionados ao porte da planta antes ($_{AF}$) e após ($_{DF}$) do florescimento.

Os modelos genéticos devem ser confrontados hierarquicamente, neste estudo o primeiro confronto realizado foi o modelo 1 com 5 (1 vs 5) seguido do confronto entre o modelo 1 com 7 (1 vs 7), pois o primeiro contraste testa a existência de gene de efeito maior e o segundo testa a existência de poligenes, após essas comparações são testados os outros modelos dependendo do resultado destes, esses modelos são mostrados na Tabela 13.

Entretanto, para as características comprimento da rama após o florescimento, número de entrenós, antes do florescimento, comprimento médio do entrenó antes e após o florescimento, o contraste entre os modelos 1 vs. 5 e 1 vs. 7, foram negativos, com problemas de convergência. Assim, para estas características, os contrastes realizados foi a partir dos demais modelos genéticos.

Comprimento da Rama antes do florescimento ($_{CRAF}$)

O contraste entre os modelos 1 e 5, que confronta a hipótese da existência de gene maior com efeito aditivo e dominante e poligenes com efeito aditivo e dominante com o poligenes com efeito aditivo, foi significativo, evidenciando a existência de genes de efeito maior no controle da característica.

Comparando os modelos 1 e 7, que confronta a existência de um gene maior com mais poligenes (1) contra apenas um gene de efeito maior (7), foi não significativo, isto é, não existe a evidência a ação de poligenes no controle desta característica.

Para se verificar a existência dos efeitos de dominância do gene de efeito maior confronta-se o modelo 7 e 8, que foi significativo, ou seja, existe efeito de dominância do gene de efeito maior.

O modelo que explica melhor o controle do comprimento de rama antes do florescimento é o modelo (7) gene de efeito maior com efeito aditivo e de dominância.

Tabela 13 Testes de hipóteses de modelos genéticos para herança das características relacionadas ao porte antes (AF) e após o florescimento (DF) avaliados nas gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2} de *Cucurbita moschata* por meio da função de máxima verossimilhança. Viçosa - MG. 2020

		CR _{AF}		CR _{DF}		NE _{AF}		NE _{DF}		DE _{AF}		DE _{DF}		CME _{AF}		CME _{DF}	
		X ²	P	X ²	P	X ²	P	X ²	P	X ²	P	X ²	P	X ²	P	X ²	P
1x2	3	37,931	0,000	-	-	-	-	-	-	2,006	1	7,736	0,052	-	-	19,873	0,000
1x3	1	14,245	0	30,433	0,000	-	-	6,975	0,137	0,523	0,470	-	-	-	-	-	-
1x4	4	70,148	0,000	-	-	9,031	0,060	0,122	0,941	8,765	0,064	16,540	0,002	28,954	0,000	4,183	0,382
1x5	2	14,245	0,001	28,925	0,000	-	-	5,981	0,308	0,524	0,770	0,589	0,745	-	-	-	-
1x6	5	70,148	0,000	-	-	9,031	0,108	0,577	0,989	8,765	0,119	16,540	0,005	28,954	0,000	4,183	0,523
1x7	5	10,265	0,068	34,951	0,000	-	-	5,892	0,435	3,681	0,596	23,111	0,000	-	-	9,000	0,109
1x8	6	84,785	0,000	97,743	0,000	9,378	0,153	13,175	0,068	8,945	0,177	25,120	0,000	43,201	0,000	18,179	0,006
1x9	7	132,049	0,000	31,708	0,000	25,493	0,001	10,187	0,001	11,602	0,114	28,507	0,000	102,149	0,000	89,689	0,000
2x4	1	32,217	0,000	30,200	0,000	14,336	0,000	9,193	0,010	6,759	0,009	8,804	0,003	46,908	0,000	-	-
2x6	2	32,217	0,000	0,000	1,000	14,336	0,001	3,789	0,150	6,759	0,034	8,804	0,012	46,908	0,000	-	-
2x7	2	-	-	36,225	0,000	3,770	0,152	9,104	0,028	1,675	0,433	15,376	0,000	-	-	-	-
2x8	3	46,854	0,000	99,018	0,000	14,683	0,002	16,387	0,003	6,939	0,074	17,385	0,001	61,155	0,000	-	-
2x9	4	94,119	0,000	-	-	30,798	0,000	0,237	0,626	9,596	0,048	20,771	0,000	120,103	0,000	69,816	0,000
3x5	1	0,000	0,999	28,942	0,000	0,000	0,999	6,097	0,192	0,001	0,977	0,614	0,433	0,000	0,999	0,000	1,000
3x6	4	55,903	0,000	34,967	0,000	9,457	0,051	6,007	0,306	8,242	0,083	16,564	0,002	29,762	0,000	6,748	0,150
3x8	5	70,540	0,000	97,760	0,000	9,805	0,081	13,290	0,039	8,422	0,134	25,145	0,000	44,008	0,000	20,744	0,001
3x9	6	117,804	0,000	-	-	25,919	0,000	-	-	11,079	0,086	28,531	0,000	102,956	0,000	92,254	0,000
4x6	1	0,000	0,999	4,518	0,104	-	-	-	-	-	-	-	-	0,000	0,999	0,000	1,000
4x8	2	14,637	0,001	67,310	0,000	0,347	0,841	6,199	0,102	0,181	0,914	8,581	0,014	14,246	0,000	13,996	0,001
4x9	3	61,901	0,000	28,942	0,000	16,462	0,001	5,859	0,119	2,838	0,417	11,967	0,007	73,195	0,000	85,506	0,000
5x6	3	55,903	0,000	97,760	0,000	9,457	0,024	13,053	0,023	8,241	0,041	15,950	0,001	29,762	0,000	6,748	0,080
5x9	5	117,804	0,000	68,818	0,000	25,919	0,000	7,194	0,027	11,079	0,050	27,917	0,000	102,956	0,000	92,254	0,000
6x9	2	61,901	0,000	36,225	0,000	16,462	0,000	5,314	0,021	2,838	0,242	11,967	0,003	73,195	0,000	85,506	0,000
7x8	1	74,520	0,000	99,018	0,000	10,913	0,001	12,597	0,002	5,264	0,022	2,009	0,156	61,892	0,000	9,179	0,002
7x9	2	121,784	0,000	-	-	27,027	0,000	-	-	7,921	0,019	5,395	0,067	120,840	0,000	80,689	0,000
8x9	1	37,931	0,000	-	-	-	-	-	-	2,006	0,157	7,736	0,005	-	-	19,873	0,000

GL = grau de liberdade; CR_{AF} = comprimento da rama antes do florescimento, CR_{DF} = comprimento da rama depois do florescimento; NE_{AF} = número de entrenós antes do florescimento; NE_{DF} = número de entrenós após o florescimento; DE_{AF} = diâmetro do entrenós antes do florescimento ; DE_{DF} = diâmetro do entrenós após o florescimento; CME_{AF} = comprimento médio do entrenó antes do florescimento ; CME_{DF} = comprimento médio do entrenó após o florescimento ; - = negativo devido a dados de convergência;

Tabela 13 Continuação

		CL _{AF}		CL _{DF}		LL _{AF}		LL _{DF}		CP _{AF}		CP _{DF}	
		X ²	P	X ²	P	X ²	P	X ²	P	X ²	P	X ²	P
1x2	3	29,120	0,000	15,402	0,002	0,340	0,952	10,193	0,017	43,098	0,000	21,763	0,000
1x3	1	27,127	0,000	1,879	0,170	0,045	0,832	1,984	0,159	56,484	0,000	11,577	0,001
1x4	4	29,486	0,000	24,777	0,000	1,079	0,898	21,181	0,000	75,546	0,000	43,523	0,000
1x5	2	27,127	0,000	8,993	0,011	-	-	8,967	0,011	56,484	0,000	11,861	0,003
1x6	5	30,592	0,000	22,063	0,001	1,079	0,956	21,181	0,001	75,546	0,000	43,127	0,000
1x7	5	29,320	0,000	20,230	0,001	0,387	0,996	23,070	0,000	37,957	0,000	27,502	0,000
1x8	6	30,682	0,000	26,441	0,000	1,092	0,982	24,058	0,001	75,546	0,000	43,142	0,000
1x9	7	32,120	0,000	33,884	0,000	4,514	0,719	43,117	0,000	75,552	0,000	53,158	0,000
2x4	1	0,366	0,545	9,375	0,002	0,740	0,390	10,988	0,001	32,448	0,000	21,760	0,000
2x6	2	1,473	0,479	6,661	0,004	0,739	0,691	10,988	0,004	32,448	0,000	21,364	0,000
2x7	2	0,200	0,905	4,828	0,089	0,047	0,977	12,877	0,002	-	-	5,738	0,057
2x8	3	1,562	0,668	11,039	0,012	0,752	0,861	13,865	0,003	32,448	0,000	21,379	0,000
2x9	4	3,000	0,558	18,483	0,001	4,174	0,383	32,924	0,000	32,454	0,000	31,395	0,000
3x5	1	-	-	7,114	0,008	-	-	6,983	0,008	0,000	1,000	0,284	0,594
3x6	4	3,465	0,483	20,184	0,000	1,034	0,905	19,197	0,001	19,062	0,001	31,550	0,000
3x8	5	3,555	0,615	24,562	0,000	1,047	0,959	22,074	0,001	19,062	0,002	31,565	0,000
3x9	6	4,992	0,545	32,005	0,000	4,469	0,614	41,133	0,000	19,068	0,004	41,581	0,000
4x6	1	1,107	0,293	-	-	-	-	0,000	1,000	0,000	1,000	-	-
4x8	2	1,196	0,550	1,664	0,435	0,012	0,994	2,877	0,237	0,001	1,000	-	-
4x9	3	2,634	0,452	9,108	0,028	3,434	0,329	21,936	0,000	0,006	1,000	9,635	0,022
5x6	3	3,465	0,325	13,069	0,004	1,084	0,781	12,214	0,007	19,062	0,000	31,266	0,000
5x9	5	4,992	0,417	24,891	0,000	4,519	0,477	34,150	0,000	19,068	0,002	41,298	0,000
6x9	2	1,527	0,466	11,822	0,003	3,434	0,180	21,936	0,000	0,006	0,997	10,031	0,007
7x8	1	1,362	0,243	6,211	0,013	0,705	0,401	0,989	0,320	37,589	0,000	15,640	0,000
7x9	2	2,800	0,247	13,654	0,001	4,127	0,127	20,048	0,000	37,594	0,000	25,656	0,000
8x9	1	29,120	0,000	15,402	0,000	0,340	0,560	10,193	0,001	43,098	0,000	21,763	0,000

GL = grau de liberdade; CL_{AF} = comprimento do limbo antes do florescimento, CL_{DF} = comprimento do limbo depois do florescimento; LL_{AF} = largura do limbo antes do florescimento; LL_{DF} = largura do limbo após o florescimento; CP_{AF} = comprimento do pedicelo antes do florescimento ; CP_{DF} = comprimento do pedicelo após o florescimento; - = negativo devido a dados de convergência.

Comprimento da Rama após o Florescimento (CR_{DF})

O contraste entre os modelos 1 e 5, foi significativo, evidenciando a existência de genes de efeito maior no controle da característica (Tabela 13).

Comparando os modelos 1 e 7, que confronta a existência de poligenes, foi significativo, isto é, existe a evidência a ação de poligenes no controle desta característica.

Desta forma, o contraste a ser testado é o modelo 5 vs. modelo 6, que confronta a hipótese da existência de (5) poligenes com efeito aditivo e de dominância (6) poligenes de efeito aditivo. Este contraste foi significativo, existe evidências da ação de dominância dos poligenes (Tabela 13).

O contraste modelo 7 vs. modelo 8, confronta (7) gene de efeito maior com efeito aditivo e de dominância com (8) gene de efeito maior com efeito aditivo. O contraste foi significativo, evidenciando a ação de dominância do gene maior.

De posse destes resultados, pode-se concluir que para a características comprimento da rama após o florescimento, o modelo completo é o mais adequado. Existe a ação de genes de efeito maior com efeito aditivo e de dominância e poligenes com efeito aditivo e dominância.

Vale ressaltar que antes do florescimento, a característica comprimento da rama é controlada por gene maior, enquanto que após o florescimento, existe a ação de gene maior e poligenes. Essas constatações são de extrema importância para definir as estratégias de seleção a serem adotadas com finalidade de redução do comprimento da rama sendo governada de forma diferente deve-se proceder a estratégias diferenciadas de seleção.

Este trabalho concorda em partes com outros trabalhos que mostraram que o controle genético de redução do comprimento da rama é considerado monogênico e que possui dominância completa (WU et al., 2007).

Paris & Edelstein (2001) relataram que o gene braquíptico atua como recessivo após o florescimento, ocorrendo a reversão de dominância. Neste trabalho, após o florescimento evidencia a ação do gene maior e também de poligenes com efeito aditivo e de dominância.

Diante do exposto a estratégia a ser adotada no melhoramento é a avaliação do comprimento da rama antes e depois do florescimento, selecionando as plantas de

menor valor antes do florescimento. Nesta seleção deve-se considerar a possibilidade de as plantas serem tanto heterozigotas quanto homozigotas para o gene de efeito maior, devendo-se autofecundar essas plantas selecionadas para selecionar na próxima geração aquelas que não segregarem, e, portanto, homozigotas para o gene de efeito maior.

Comprimento médio do entrenó

Para o comprimento médio do entrenó antes e após o florescimento, o contraste entre o modelo 1 vs. modelo 5, apresentou problemas de convergência, assim como o contraste entre o modelo 1 vs. modelo 7, para a característica antes do florescimento (Tabela 13). Quando o contraste não converge, os dados obtidos são negativos, sendo uma hipótese para este caso, a ocorrência de mais genes controlando a característica.

Embora a não convergência da estimativa do modelo 1 vs. modelo 5 não tenha permitido estimar a significância do efeito dos poligenes, o contraste entre o modelo 5 vs modelo 6 permite concluir que há, de fato, poligenes com efeitos aditivos e de dominância no controle do caráter.

O mesmo corre no contraste entre modelo 1 vs. modelo 7, que para estimar o efeito do gene maior, realizou-se o teste modelo 7 vs. modelo 9 permite concluir que há, de fato, um gene maior com efeitos aditivos e de dominância, que controla o caráter. O teste modelo 7 vs. modelo 8 permite concluir pela significância do efeito de dominância (Tabela 13).

Para a característica de comprimento médio do entrenó antes do florescimento, o modelo que explica a característica é o modelo 1 (gene maior com efeito aditivo e de dominância e poligenes com efeitos aditivos e de dominância) com efeitos ambientais.

Para o comprimento médio do entrenó após o florescimento, o modelo 1 vs. Modelo 7, foi não significativo, isto é, não existe a ação de poligenes no controle desta característica.

Como não existe a evidencia de poligenes no controle da característica, tem-se que verificar a existência do efeito de dominância do gene maior. Assim, o contraste entre o modelo 7 vs. modelo 8. Este contraste foi significativo, evidenciando a ação de dominância do gene maior.

Para a característica de comprimento médio do entrenó após o florescimento, o modelo que explica a característica é o modelo 7 (gene maior com efeito aditivo e de dominância).

Para a característica Comprimento médio do entrenó (CME), o controle da característica pelo gene de efeito maior ocorre após o florescimento, contrário ao comprimento da rama, que antes do florescimento é controlado por um gene de efeito maior, e que após o florescimento também tem a ação de poligenes no controle da característica.

Estes resultados obtidos discordam dos obtidos por Almeida (2017), ao avaliar o controle genético do comprimento médio do entrenó antes e após o florescimento observou que antes do florescimento a característica é controlada por um gene de efeito maior e poligenes, e após o florescimento por poligenes.

Número de Entrenós (NE)

A característica número de entrenós (antes e após o florescimento) apresentou problemas de convergência para o estudo da herança via método da máxima verossimilhança. Os contrastes entre os modelos 1 vs. 5, e 1 vs. 7 resultaram em valores negativos (Tabela 13).

O contraste a ser testado para verificar a ação de dominância de poligenes é entre o modelo 5 vs. Modelo 6, tanto antes como após o florescimento, este valor foi significativo, evidenciando a ação de dominância de poligenes (Tabela 13).

O contraste entre o modelo 7 vs modelo 8, verifica a ação de dominância do gene maior, que também foi significativo.

Portanto, a existência de um gene de efeito maior com efeitos aditivo e de dominância, juntamente com poligenes, parece ser o modelo mais adequado para explicar a herança do número de entrenós em *Cucurbita moschata*.

Diâmetro do entrenó (DE)

O contraste entre o modelo 1 vs. modelo 5, verifica a hipótese de existência de gene maior, foi não significativo, dessa forma evidencia a não existência de genes de efeito maior controlando a característica. Assim como o contraste entre o modelo 1 vs. modelo 7, que confronta a existência de poligenes no controle desta característica (Tabela 13).

Para verificar a ação de dominância do gene maior e poligenes, os modelos a serem contrastados são o modelo 5 vs. modelo 6, e modelo 7 vs. modelo 8, respectivamente.

Pelo contraste entre modelo5 vs. modelo 6, verifica-se a ação de dominância dos poligenes, pois o contraste foi significativo. O contraste entre o modelo 7 vs. modelo 8, também foi significativo, evidenciando a ação de dominância do gene maior (Tabela 13).

Já para a característica após o florescimento, a estimativa do contraste entre o modelo 1 vs. modelo 5, foi não significativo, evidenciando que não existe a ação do gene maior no controle da característica.

O contraste ente o modelo 1 vs. modelo7, foi significativo, ou seja, existe a evidencia de polligenes no controle da característica.

Como existe a evidencia de poligenes no controle do diâmetro do entrenó após o florescimento, a ação de dominância destes deve ser verificada, para isso é realizado o contraste entre os modelos 5 vs.6. Este contraste foi significativo, ou seja, existe evidências da ação de dominância dos poligenes.

De posse destes resultados, pode-se concluir que para a características diâmetro do entrenó após o florescimento, o modelo 5 (poligenes com efeito aditivo e de dominância) é o mais adequado.

A característica diâmetro do entrenó é controlada por um gene maior e poligenes antes do florescimento, e após a antese esse controle passa a ser realizado apenas por poligenes.

A presença de vários locos envolvidos no controle da característica é um aspecto importante do ponto de vista prático, pois requer a utilização de metodologias adequadas para atingir em menor espaço de tempo e com economia de mão-de-obra e recursos, o objetivo preestabelecido (MELO, 2010).

Comprimento do Limbo (CL)

O comprimento do limbo antes e após o florescimento, apresentou estudo semelhança quanto a herança da característica (Tabela 13).

O contraste entre o modelo 1 vs. modelo 5, que verifica a existência de um gene de efeito maior, foi significativo, portanto, havendo evidência de que existe um gene de efeito maior. Comparando o modelo 1 vs. modelo 7, foi significativo, evidenciando a ação de poligenes. A ação de dominância de um gene maior e poligenes

pode ser verificada pelos contrastes entre os modelos 1 vs. 2 e 1 vs. 3, respectivamente (Tabela 13).

Entretanto para o comprimento do limbo após o florescimento, o contraste 1 vs. 3 foi não significativo. Portanto, a existência de um gene de efeito maior com efeitos aditivo e de dominância, juntamente com poligenes com efeitos aditivo e de dominância, parece ser o modelo mais adequado para explicar a herança do comprimento do limbo antes do florescimento. Após o florescimento, a característica pode ser explicada por gene de efeito maior com efeito aditivo e poligenes com efeito aditivo e de dominância.

Largura do limbo (LL)

Ao analisar os dados para a característica largura do limbo, todos os contrastes foram não significativos, impossibilitando a inferência sobre o controle genético da mesma antes do florescimento.

Após o florescimento, ao analisar o contraste entre o modelo 1 vs modelo 5, este foi significativo, ou seja, tem-se a evidência de gene maior no controle da característica. Para verificar a ação de poligenes, testou-se o contraste 1 vs.7, que também foi significativo (Tabela 13).

Para verificar a dominância tanto do gene maior quanto dos poligenes, foram testados os contrastes entre os modelos 1 vs. 2 e 1 vs 3, respectivamente. O contraste 1 vs 2 foi não significativo, assim, não há evidencia de efeito de dominância dos poligenes no controle da característica.

A largura do limbo após o florescimento é uma característica que pode ser explicada pelo modelo em que há a ação de gene maior com efeito aditivo e de dominância e poligenes com efeito aditivo.

Comprimento do Pedicelo (CP)

A análise da herança do comprimento do pedicelo foi similar a análise para o comprimento do limbo. Além disso, o modelo de herança antes e após o florescimento não houve alteração (Tabela 13).

O contraste entre o modelo 1 vs. modelo 5, foi significativo, assim existe a evidencia de gene maior no controle da característica. Para testar o efeito de dominância, os modelos 1 e 3 foram contrastados, o resultado foi significativo (Tabela 13).

Pelo contraste entre o modelo 1 vs modelo 7, fica evidente a ação de poligenes no controle dessa característica. O efeito de dominância dos poligenes foi testado pelo contraste entre os modelos 1 vs 2, que também foi significativo (Tabela 13).

O modelo completo, um gene maior com efeito aditivo e de dominância mais poligenes com efeito aditivo e de dominância, é o modelo mais adequado para explicar a herança do comprimento do pedicelo antes e após florescimento.

3.2 Características relacionadas aos frutos

3.2.1 Análise de médias e variâncias

As médias e variâncias estimadas indicam que o contraste entre os genitores foi significativo para as características relacionadas aos frutos (Tabela 14), e que existe divergência entre os mesmos, o que contribuiu para uma boa precisão no estudo de herança das características. Os valores mais contrastantes foram observados para as características massa média de frutos (MMeFR), massa total de frutos (MTFR) e comprimento da cavidade (COMPCAV) (Tabela 14)

Ao comparar as médias da população F1 para os descritores massa média de frutos (MMeFR), massa total de frutos (MTFR) e comprimento da cavidade (COMPCAV), e o intervalo da média dos genitores para estas mesmas características, constatou-se que houve indivíduos com valores superiores à média do genitor de maior média. (Tabela 14). Verificou-se a superioridade dos híbridos em relação ao genitor de maior média para estas características, situação essa chamada de heterobeliose. Segundo Ramalho et al. (2012), esta característica de ação de sobredominância só é válida enquanto os progenitores são contrastantes. A massa total de frutos e massa média de frutos (MTFR e MMeFR) são características de extrema importância, uma vez que são componentes formadores da produtividade da cultura da abóbora (PEREIRA et al., 2012). Um dos objetivos do presente estudo foi o melhoramento visando a produção de sementes. Neste contexto, a análise da cavidade interna do fruto é um fator relevante, pois, frutos com maior cavidade interna dispõem de maior espaço para produção das sementes (BLANK *et al.*, 2013). De acordo com HO (1992), geralmente existe uma correlação positiva entre o número de sementes e o tamanho do fruto, ou seja, fruto de maior massa proporciona maior número de sementes. Este mesmo autor relata que uma possível explicação para o estímulo ao crescimento dos

Tabela 14 Número de plantas (N), média (m), variância (σ^2) para dez características relacionadas aos frutos, em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020

GERAÇÃO	N	MMeFR		MTFR		DMAFR		DMeFR		COMPFR	
		m	σ^2	m	σ^2	m	σ^2	m	σ^2	m	σ^2
P1	24	382,50	399310,98	479,58	667225,47	9,33	3,68	7,41	5,43	13,40	58,70
P2	24	325,96	267065,43	554,58	955154,60	7,80	6,06	6,89	6,50	12,93	59,38
F1	24	842,08	1424435,04	842,08	1424435,04	10,27	9,45	7,75	4,62	13,28	100,97
F2	233	724,56	2107986,85	959,09	3381965,42	9,35	4,52	7,70	4,66	14,58	79,60
RC1	99	1131,65	1899496,16	1516,43	5126152,19	12,08	124,90	8,35	3,94	16,47	87,37
RC2	100	565,63	525370,73	698,60	1168318,42	9,03	2,45	7,39	5,52	16,11	112,64

GERAÇÃO	N	ESPCAS		ESPPOL		LCAV		COMPCAV		Cta	
		m	σ^2	m	σ^2	m	σ^2	m	σ^2	m	σ^2
P1	24	5,69	19,01	6,04	15,27	8,42	2,67	9,74	4,35	15,58	230,69
P2	24	4,94	17,76	4,98	16,91	6,79	7,87	7,22	10,60	23,43	330,46
F1	24	4,72	24,90	4,95	15,27	8,53	4,52	12,57	164,26	21,47	397,86
F2	233	4,80	17,50	5,10	15,30	8,04	4,58	10,28	62,54	23,540	428,81
RC1	99	4,36	18,61	5,02	14,22	9,26	4,15	12,78	58,96	22,86	378,32
RC2	100	5,70	2	5,85	14,91	8,05	2,43	8,83	3,53	18,90	324,78

m=média; σ^2 =variância; MMeFR = massa média dos frutos; MTFR=massa total de frutos; DMAFR = Diâmetro maior do fruto; DMeFR= diâmetro menor do fruto; COMPFR= comprimento do fruto; ESPCAS= espessura da casca; ESPPOLP = espessura da polpa; LCAV = largura da cavidade; COMPCAV = comprimento da cavidade, Cta = carotenoides totais.

frutos é a ação de substâncias promotoras de crescimento, como por exemplo as auxinas, produzidas pelas sementes.

As médias da população F_2 para as características massa média do fruto (MMeFR), massa total de frutos (MTFR) e comprimento do fruto (COMPFR) foram superiores à do genitor de maior média (BGH-7319), fenômeno denominado de segregação transgressiva. Estes resultados indicam que o cruzamento realizado é promissor para aumento dessas características, e que existe boa complementação gênica, além da possibilidade de selecionar indivíduos com número de alelos efetivos superiores aos genitores (RAMALHO, 2012).

3.2.2 Estimativa dos parâmetros genéticos

Dentre as características de frutos avaliadas, foram observados maiores valores da variância genética em relação a variância ambiental para as características massa total de frutos (MTFR), massa média de frutos (MMeFR) e diâmetro maior do fruto (DMaFR), inferindo que o ambiente influencia pouco a característica, e que efeitos genéticos são mais importantes (Tabela 15).

No estudo das herdabilidades foram observados valores entre 2% e 41%. As maiores herdabilidades foram estimadas par as características massa total de frutos (MTFR), massa média de frutos (MMeFR) e diâmetro maior do fruto (DMaFR), com estimativas de 41,52%, 37,52% e 40,74%, respectivamente (Tabela 15).

Os valores reduzidos dificultam o processo seletivo uma vez que quanto mais próxima de 100% for a estimativa da herdabilidade maior é a segurança em selecionar genótipos superiores (FALCONER E MACKAY, 1996).

Estes resultados contrastam com os encontrados por Bezerra Neto et al., (2001), que obtiveram estimativa de herdabilidade considerada elevada para a massa média de frutos, com valor superior a em 85%. Almeida (2017) obteve estimativas de herdabilidades igual a 59,15% para massa média de frutos e de 76,05% para massa total de frutos. Valores elevados de herdabilidade são desejáveis, entretanto, mesmo com estimativas de herdabilidade inferiores, não se exclui a possibilidade de ganhos com a seleção, pois existem metodologias que possibilitam a obtenção de ganhos superiores, (SILVA, 2005).

Tabela 15 Parâmetros genéticos estimados para nove características relacionadas ao fruto em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020

Parâmetros	MMeFr	MTF	DMaFr	DMeFr	COMPFR
σ_g^2	1402364,00	3063032,00	51,26	2,50	8,39
σ_m^2	785696,00	1233359,00	11,63	3,68	89,26
P-valor	0,00	0,00	0,00	0,05	0,21
h ²	0,37	0,42	0,41	0,17	0,05
rgg	0,61	0,65	0,64	0,42	0,22
PEV	877565,80	1789588,05	30,37	2,07	7,98
Média	1326,05	1735,617	10,77	6,02	21,49
CV	66,85	63,987	31,66	31,86	43,97

Parâmetros	ESPCAS	ESPPOL	LCAV	COMPCAV	Cta
σ_g^2	0,00	0,05	1,58	5,72	8,48
σ_m^2	2,40	1,72	5,94	94,88	377,07
P-valor	1,00	0,65	0,02	0,40	0,02
h ²	0,00	0,01	0,11	0,02	0,02
r _{gg}	0,00	0,07	0,33	0,15	0,15
PEV	0,00	0,05	1,41	5,59	8,30
Média	0,801	1,47	7,59	11,90	22,10
CV	193,139	89,36	32,11	81,86	87,86

σ_g^2 = variância genotípica, σ_m^2 = variância ambiental, h² = herdabilidade, r_{gg} = acurácia, PEV = variâncias do erro de predição; CV = coeficiente de variação; MTFR = massa total de frutos; MMeFR = massa média de frutos; DMaFR = diâmetro maior do fruto, DMeFR = diâmetro menor do fruto, COMPFR = comprimento do fruto, ESPCAV = espessura da casca, DCAV = diâmetro da cavidade, COMPCAV = comprimento da cavidade, CTA = carotenoides totais.

3.2.3 Efeitos gênicos

Dentre os descritores de frutos avaliados, o modelo aditivo dominante foi adequado para explicar duas características relacionadas aos frutos, largura da cavidade, (LCAV) (r² = 84%) e comprimento da cavidade, (COMPCAV) (r² = 86%) (Tabela 16).

Para as características massa total de frutos (MTFR) (r² = 0,59), massa média de frutos (MMeFR) (r² = 0,27), diâmetro maior do fruto (DMaFR) (r² = 0,62), diâmetro menor do fruto (DMeFR) (0,63), comprimento do fruto (COMPFR) (r² = 0,08), espessura da casca (ESPCAS) (r² = 0,04), espessura da polpa (ESPPOL) (r² = 0,02) e

Tabela 16 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias dos descritores relacionados ao fruto, obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020

Efeito	GL	MMeFr			MTFr			DMaFr			DMeFr			COMPFr		
		EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	498	397,37	6334,67	4,99**	572,24	13741,70	4,88**	8,55	0,08	30,40**	7,36	0,08	25,82**	13,97	0,99	14,06**
a	498	143,62	5218,42	1,99*	117,48	12159,15	1,07 ^{ns}	0,80	0,06	3,29**	0,68	0,05	2,94**	0,40	0,76	0,45 ^{ns}
d	498	625,01	30160,51	3,60**	569,57	59158,48	2,34*	1,70	0,35	2,90**	0,77	0,30	1,40 ^{ns}	2,08	4,02	1,04 ^{ns}
R ²			0,59			0,27				0,616			0,63			0,08

Efeito	GL	ESPCAS			ESPPOL			LCAV			COMPCAV			CTa		
		EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	498	5,24	0,29	9,73**	5,56	0,23	11,49**	7,73	0,06	30,45**	8,20	0,14	21,64**	19,71	4,47	9,32**
a	498	-0,52	0,18	-1,22 ^{ns}	-0,19	0,16	-0,49 ^{ns}	0,91	0,04	4,66**	1,88	0,11	5,61**	-0,36	3,18	-0,20 ^{ns}
d	498	-0,64	1,15	-0,60 ^{ns}	-0,60	0,89	-0,63 ^{ns}	1,19	0,26	2,36*	3,47	0,89	3,68**	4,22	17,86	0,99 ^{ns}
R ²			0,04			0,02				0,84			0,88			0,135

m = média de homozigotos, a = aditivo, d= dominante, EST = estimativa do efeito, σ^2 = variância, t = teste t ** significativo a 1% de probabilidade, * significativo a 5% de probabilidade pelo teste t, ^{ns} não significativo; MMeFR = massa média de frutos (g); MTFr = massa total de frutos (g); DMaFr = diâmetro maior do fruto (cm); DMeFR = diâmetro menor do fruto (cm); COMPFr = comprimento do fruto (cm); ESPCAS = espessura da casca (mm); ESPPOL = espessura da polpa (mm); LCAV = largura da cavidade (cm); COMPCAV = comprimento da cavidade (cm); CTa = carotenoides totais.

Tabela 17 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias dos descritores relacionados ao fruto, obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020.

EFEITO	MMeFr			MTFr			DMaFr			DMeFr			COMPFr		
	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	-142,11	249458	-0,29 ^{ns}	-76,64	502987,8	-0,11 ^{ns}	3,72	5,56	1,57 ^{ns}	6,47	0,82	7,13 ^{**}	6,34	14,73	1,65 ^{ns}
a	28,27	6941,42	0,34 ^{ns}	-37,50	16899,79	-0,29 ^{ns}	0,77	0,10	2,41 [*]	0,26	0,12	0,75 ^{ns}	0,23	1,23	0,21 ^{ns}
d	2482,48	1580701	1,98 [*]	3224,19	3425051	1,74 ^{ns}	15,97	48,85	2,29 [*]	6,00	6,10	1,48 ^{ns}	26,04	109,46	2,49 [*]
aa	496,34	242516,6	1,01 ^{ns}	593,73	486088	0,85 ^{ns}	4,85	5,46	2,08 [*]	0,68	0,70	0,81 ^{ns}	6,825	13,50	1,86 ^{ns}
ad	1075,50	125527,8	3,04 ^{**}	1710,67	321449,2	3,02 ^{**}	4,56	5,55	1,94 ^{ns}	1,41	0,88	1,50 ^{ns}	0,24	12,96	0,07 ^{ns}
dd	-1498,29	800974,6	-1,67 ^{ns}	-2305,46	1552643	-1,85 ^{ns}	-9,42	22,87	-1,97 [*]	-2,36	3,11	-1,34 ^{ns}	-19,09	59,35	-2,48 [*]

EFEITO	ESPCAS			ESPPOLP			LCAV			COMPCAV			Cta		
	EST	σ^2	T	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	4,41	3,00	2,54 [*]	4,18	2,60	2,61 ^{**}	5,14	0,69	6,19 ^{**}	6,37	6,97	2,41 [*]	30,14	63,57	3,78 ^{**}
a	0,38	0,38	0,61 ^{ns}	0,53	0,34	0,92 ^{ns}	0,82	0,11	2,47 [*]	1,26	0,16	3,20 ^{**}	-3,93	5,85	-1,62 ^{ns}
d	1,26	22,04	0,27 ^{ns}	2,94	18,40	0,69 ^{ns}	8,20	4,82	3,74 ^{**}	9,44	48,14	1,36 ^{ns}	-17,73	441,46	-0,84 ^{ns}
aa	0,91	2,62	0,56 ^{ns}	1,34	2,22	0,90 ^{ns}	2,47	0,58	3,24 ^{**}	2,11	6,82	0,81 ^{ns}	-10,63	57,72	-1,40 ^{ns}
ad	-3,44	2,95	-2,00 [*]	-2,73	2,51	-1,72 ^{ns}	0,77	0,70	0,92 ^{ns}	5,38	3,15	3,03 ^{**}	15,77	51,66	2,19 [*]
dd	-0,94	12,55	0,00 ^{ns}	-2,17	9,62	-0,70 ^{ns}	-4,81	2,57	-2,99 ^{**}	-3,24	42,39	-0,50 ^{ns}	9,06	232,24	0,60 ^{ns}

m = efeitos das médias de todos os possíveis homozigotos, a = aditivos, d = dominantes, aa = efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad = aditivo x dominante dd = dominante x dominante; EST = estimativa do efeito, σ^2 = variância, MMeFR = massa média de frutos (g); MTFr = massa total de frutos (g); DMaFr = diâmetro maior do fruto (cm); DMeFR = diâmetro menor do fruto (cm); COMPFr = comprimento do fruto (cm); ESPCAS = espessura da casca (mm); ESPPOL = espessura da polpa (mm); LCAV = largura da cavidade (cm); COMPCAV = comprimento da cavidade (cm); CTA = carotenoides totais.

carotenoides totais (CTa) ($r^2=0,14$), os valores de coeficiente de determinação (R^2) foram inferiores a 70% (Tabela 16).

Pela análise de componentes de médias, para as características comprimento do fruto (COMPFR), evidenciou-se significância para os efeitos de média (m) e genético aditivo (a) (Tabela 16). Para espessura da casca (ESPCAS), espessura da polpa (ESPPOL) e carotenoides totais (CTa) e comprimento do fruto (COMPFR), o único efeito significativo foi da média (Tabela 16). Os efeitos de média e devido a dominância foram significativos para a característica diâmetro maior do fruto (DMaFR). Já para as características massa total de frutos (MTFR), diâmetro menor do fruto (DMeFR), largura da cavidade (LCAV) e comprimento da cavidade (COMPCAV), os efeitos de média, aditivo e dominante foram significativos (Tabela 16).

Considerando o modelo completo, para as características que não foram bem explicadas pelo modelo simples, média dos homozigotos (m) em geral foi significativa com exceção da massa média de frutos (MMeFR), massa total de frutos (MTFR), diâmetro maior do fruto (DMaFR) e comprimento do fruto (COMPFR) (Tabela 17). Em relação aos efeitos aditivos houve significância apenas para diâmetro maior do fruto (DMaFR). Para as características massa média de frutos (MMeFR) e comprimento do fruto (COMPFR), cujos efeitos aditivos foram não significativos, houve significância dos efeitos de dominância e das epistasias do tipo aditiva-dominante e dominante-dominante, respectivamente, demonstrando que as epistasias influenciaram na expressão das características (Tabela 17).

É importante destacar que além da significância e magnitude, as estimativas dos efeitos também variaram em sinal, em que valores negativos contribuem para redução da característica e valores positivos para o aumento (MATHER e JINKS. 1982).

3.2.4 Seleção de indivíduos F_2 via BLUP

Uma alternativa para reduzir o tempo em programas de melhoramento é a utilização de metodologias mais eficientes de seleção. Isso porque um dos grandes dilemas dos programas de melhoramento ainda é a baixa acurácia seletiva que, por consequência, impacta negativamente os ganhos genéticos (SILVA, 2015). Em razão disto, a adoção de procedimentos genético-estatísticos mais refinados é uma tendência no melhoramento genético de plantas (PIMENTEL et al., 2014).

Para cada característica foi calculado o *rank* médio pelo qual as progênes foram classificadas. Os ganhos preditos com a seleção de indivíduos superiores foram expressivos. Considerando-se 10% de seleção, que corresponde a 20 indivíduos selecionados em relação as características, obteve-se estimativas de até 200% em relação à massa total de frutos.

Para as características largura da cavidade e comprimento da cavidade, os ganhos foram de 37% e 30%, respectivamente. Enquanto que para as características de diâmetro maior do fruto (DMaFR) e comprimento do fruto (COMPFR), os ganhos preditos com a seleção foram de 16 e 10%, respectivamente.

Segundo Pereira et al. (2012), frutos com maiores relações de para as características diâmetro do fruto e comprimento do fruto são desejáveis, pois, o crescimento dos frutos pode refletir no aumento da massa e cavidade do fruto, condições essas desejáveis para o aumento da produção de sementes, pois, frutos com maior cavidade dispõem de maior espaço para produção de sementes (BLANK et al., 2013).

Tabela 18 Estimativas dos valores genotípicos, *rank* médio e seleção de indivíduos segregantes F₂ de abóbora para características relacionadas aos frutos. Viçosa-MG. 2020

Genótipo	MTF		Genótipo	MMeFr		Genótipo	DMaFr		Genótipo	DMeFr		Genótipo	COMPFr	
	μ+g	GS (%)		μ+g	GS (%)		μ+g	GS (%)		μ+g	GS (%)		μ+g	GS (%)
Trat_119	14981,31	763,17	Trat_252	11378,64	758,09	Trat_151	38,20	254,59	Trat_2	3,68	-38,95	Trat_192	23,83	10,92
Trat_308	12296,09	608,46	Trat_140	5738,92	332,78	Trat_24	13,09	21,49	Trat_147	4,35	-27,79	Trat_169	23,80	10,76
Trat_189	5964,09	243,63	Trat_316	3887,33	193,15	Trat_169	13,02	20,90	Trat_57	4,42	-26,57	Trat_422	23,54	9,56
Trat_140	5795,21	233,90	Trat_311	3858,49	190,98	Trat_316	12,96	20,35	Trat_1	4,42	-26,56	Trat_428	23,50	9,36
Trat_169	5650,40	225,56	Trat_24	3591,90	170,87	Trat_308	12,91	19,87	Trat_48	4,55	-24,38	Trat_189	23,43	9,05
Trat_235	4766,37	174,62	Trat_309	3531,63	166,33	Trat_309	12,68	17,71	Trat_269	4,65	-22,86	Trat_311	23,26	8,25
Trat_22	4554,72	162,43	Trat_151	3127,03	135,82	Trat_140	12,49	15,96	Trat_146	4,81	-20,12	Trat_282	23,25	8,21
Trat_241	4459,81	156,96	Trat_175	2979,62	124,70	Trat_175	12,45	15,60	Trat_255	4,84	-19,57	Trat_44	23,11	7,59
Trat_277	4413,47	154,29	Trat_7	2967,02	123,75	Trat_16	12,44	15,48	Trat_27	4,85	-19,46	Trat_47	23,06	7,35
Trat_316	4379,00	152,30	Trat_282	2896,30	118,42	Trat_311	12,42	15,30	Trat_323	4,86	-19,38	Trat_64	23,03	7,19
Trat_311	4346,92	150,45	Trat_16	2874,09	116,74	Trat_21	12,31	14,28	Trat_178	4,88	-19,03	Trat_309	22,97	6,93
Trat_96	4034,28	132,44	Trat_23	2861,27	115,77	Trat_23	12,13	12,60	Trat_79	4,88	-18,91	Trat_70	22,97	6,91
Trat_252	3999,97	130,46	Trat_286	2845,86	114,61	Trat_28	12,10	12,36	Trat_333	4,92	-18,28	Trat_286	22,96	6,85
Trat_309	3983,33	129,50	Trat_70	2800,39	111,18	Trat_288	12,08	12,18	Trat_283	4,94	-17,93	Trat_247	22,92	6,66
Trat_4	3980,81	129,36	Trat_192	2790,55	110,44	Trat_277	12,06	11,98	Trat_340	4,95	-17,74	Trat_104	22,90	6,59
Trat_24	3806,14	119,30	Trat_163	2636,74	98,84	Trat_286	12,06	11,94	Trat_358	4,95	-17,74	Trat_348	22,90	6,57
Trat_114	3535,23	103,69	Trat_224	2574,78	94,17	Trat_361	12,06	11,94	Trat_199	4,98	-17,38	Trat_431	22,88	6,49
Trat_151	3518,74	102,74	Trat_422	2522,21	90,20	Trat_315	12,03	11,70	Trat_136	4,98	-17,27	Trat_10	22,76	5,91
Trat_10	3431,85	97,73	Trat_90	2425,46	82,91	Trat_119	11,97	11,16	Trat_152	5,11	-15,19	Trat_68	22,73	5,79
Trat_14	3428,29	97,53	Trat_231	2425,24	82,89	Trat_305	11,88	10,26	Trat_264	5,11	-15,19	Trat_241	22,73	5,78
Trat_107	3392,64	95,47	Trat_305	2371,60	78,85	Trat_432	11,88	10,26	Trat_121	5,11	-15,08	Trat_186	22,68	5,58
Trat_175	3354,77	93,29	Trat_308	2360,38	78,00	Trat_96	11,87	10,20	Trat_272	5,14	-14,64	Trat_277	22,66	5,46
Trat_282	3262,09	87,9 5	Trat_156	2213,74	66,94	Trat_156	11,86	10,05	Trat_93	5,15	-14,53	Trat_252	22,64	5,38

MTFr: massa total de frutos (g); MMeFr = massa média de frutos (g); DMaFr= diâmetro maior do fruto (cm); DMeFr= diâmetro menor do fruto (cm); COMPFr=comprimento do fruto; GS= ganho de seleção (%); μ+g= nova média obtida

Tabela 18 Continuação

ESPCAS			ESPPOL			LCAV			COMPCAV			Cta		
Genótipo	$\mu+g$	GS (%)	Genótipo	$\mu+g$	GS (%)	Genótipo	$\mu+g$	GS (%)	Genótipo	$\mu+g$	GS (%)	Genótipo	$\mu+g$	GS (%)
Trat_1	0,80	0,00	Trat_2	1,34	-8,46	Trat_231	10,40	37,08	Trat_232	15,35	29,05	Trat_383	23,85	7,90
Trat_147	0,80	0,00	Trat_1	1,39	-5,34	Trat_169	9,35	23,25	Trat_254	15,04	26,40	Trat_433	23,56	6,60
Trat_146	0,80	0,00	Trat_147	1,44	-2,17	Trat_308	9,12	20,23	Trat_168	15,02	26,25	Trat_167	23,34	5,61
Trat_150	0,80	0,00	Trat_146	1,44	-2,00	Trat_309	8,81	16,08	Trat_384	14,70	23,55	Trat_308	23,27	5,29
Trat_152	0,80	0,00	Trat_184	1,44	-2,00	Trat_311	8,79	15,80	Trat_434	14,46	21,57	Trat_36	23,23	5,11
Trat_160	0,80	0,00	Trat_422	1,44	-1,97	Trat_316	8,77	15,53	Trat_310	13,09	10,07	Trat_218	23,14	4,71
Trat_166	0,80	0,00	Trat_220	1,44	-1,82	Trat_361	8,77	15,53	Trat_3	13,03	9,51	Trat_240	23,04	4,27
Trat_174	0,80	0,00	Trat_221	1,44	-1,82	Trat_23	8,77	15,51	Trat_312	12,78	7,42	Trat_290	23,04	4,23
Trat_181	0,80	0,00	Trat_255	1,44	-1,82	Trat_24	8,77	15,51	Trat_136	12,76	7,25	Trat_231	23,03	4,18
Trat_220	0,80	0,00	Trat_268	1,44	-1,82	Trat_90	8,64	13,85	Trat_317	12,69	6,70	Trat_217	23,02	4,15
Trat_232	0,80	0,00	Trat_272	1,44	-1,82	Trat_28	8,60	13,30	Trat_242	12,69	6,66	Trat_395	23,02	4,14
Trat_269	0,80	0,00	Trat_285	1,44	-1,82	Trat_140	8,58	13,02	Trat_287	12,66	6,46	Trat_192	23,01	4,13
Trat_283	0,80	0,00	Trat_358	1,44	-1,79	Trat_151	8,58	13,02	Trat_8	12,63	6,19	Trat_255	23,00	4,04
Trat_12	0,80	0,00	Trat_429	1,44	-1,79	Trat_175	8,58	13,02	Trat_362	12,55	5,49	Trat_77	22,97	3,95
Trat_14	0,80	0,00	Trat_131	1,44	-1,75	Trat_288	8,56	12,76	Trat_11	12,49	4,99	Trat_90	22,97	3,95
Trat_18	0,80	0,00	Trat_207	1,44	-1,64	Trat_16	8,49	11,92	Trat_309	12,45	4,68	Trat_253	22,97	3,94
Trat_26	0,80	0,00	Trat_217	1,44	-1,64	Trat_163	8,45	11,36	Trat_152	12,44	4,59	Trat_398	22,96	3,90
Trat_57	0,80	0,00	Trat_249	1,44	-1,64	Trat_119	8,41	10,81	Trat_316	12,44	4,53	Trat_129	22,94	3,81
Trat_71	0,80	0,00	Trat_283	1,44	-1,64	Trat_253	8,41	10,81	Trat_17	12,43	4,51	Trat_85	22,94	3,79
Trat_78	0,80	0,00	Trat_318	1,45	-1,62	Trat_277	8,41	10,81	Trat_22	12,40	4,27	Trat_44	22,94	3,78
Trat_82	0,80	0,00	Trat_12	1,45	-1,58	Trat_305	8,37	10,27	Trat_167	12,38	4,11	Trat_414	22,93	3,77
Trat_83	0,80	0,00	Trat_27	1,45	-1,58	Trat_293	8,35	10,00	Trat_141	12,38	4,08	Trat_97	22,93	3,76
Trat_95	0,80	0,00	Trat_95	1,45	-1,58	Trat_432	8,35	10,00	Trat_97	12,38	4,03	Trat_114	22,93	3,76

ESPCAS=espessura da casca; ESPPOL= espessura da polpa; LCAV = largura da cavidade; COMPCAV=comprimento da cavidade; Cta = carotenoides totais; GS= ganho de seleção (%); $\mu+g$ = nova média obtida

3.3 Características relacionadas às sementes

3.3.1 Análise de médias e variâncias

Os genitores foram contrastantes apenas para as características massa de 100 sementes (M100SEM) e número de sementes por fruto (NSEM) (Tabela 19).

Para a massa de 100 sementes, o BGH-7319 obteve estimativa de 28,71g, enquanto que o genitor Piramoita, 53,94g. Na população F1 (M100SEM = 68.75g), verificou-se valores superiores ao seu genitor de melhor desempenho, caracterizando ação de sobredominância.

Ainda, ao observar a população F2, pode-se verificar a presença de segregantes transgressivos. A ocorrência de indivíduos com valores superiores à média de seus genitores demonstra que o cruzamento realizado é promissor existindo boa complementação entre os genitores e assim maior possibilidade de selecionar indivíduos com número de alelos efetivos superiores aos dos pais (RAMALHO, 2012).

Tabela 19 Número de plantas (N), média (m), variância (σ^2) para as seis características relacionadas às sementes, em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020

Geração	N	CSEM		LSEM		ESPSEM		M100SEM		MSSEM		NSEM	
		Média	σ^2	Média	σ^2	Média	σ^2	Média	σ^2	Média	σ^2	Média	σ^2
P1	24	9,44	2,24	8,90	0,11	8,38	4,49	28,71	2091,09	9,94	11,21	25,92	1654,33
P2	16	9,59	2,64	9,06	0,04	8,09	6,14	53,94	6675,26	10,94	61,17	30,12	2737,01
F1	16	10,29	6,71	9,06	0,39	7,14	11,10	68,75	6712,60	13,23	94,60	46,15	4303,38
F2	233	10,30	15,83	9,00	0,30	7,61	8,87	62,14	6083,32	10,49	43,52	32,36	2279,09
RC1	99	10,26	6,95	8,89	0,81	7,51	8,95	75,32	6327,59	14,88	182,78	61,74	6432,50
RC2	100	9,87	4,62	8,98	0,19	7,89	7,08	37,73	3854,02	9,36	27,31	20,74	1194,26

m=média; σ^2 =variância; CSEM = comprimento da semente (mm); LSEM = largura da semente (mm); ESPSEM = espessura da semente (mm); M100SEM = massa de 100 sementes (g); MSSEM = massa seca de sementes (g); NSEM = número de sementes (cont.).

Genótipos que possuem desempenho destacado para as características massa de sementes e número de sementes, possivelmente podem elevar a produtividade de óleo. Conforme relata SOBREIRA (2013), existem correlações de elevadas magnitudes entre estas características, com valores iguais a 0,74, entre massa de sementes por fruto e concentração de óleo, e de 0,75, entre número de sementes por fruto e concentração de óleo. Com relação ao comprimento e espessura das sementes, a seleção de genótipos que produzam sementes maiores é desejável, o que pode facilitar o processo de extração das sementes dos frutos, uma vez que a grande parte ainda é realizada de forma manual (SOBREIRA, 2013).

3.3.2 Estimativa dos parâmetros genéticos

Para as características comprimento de sementes (CSEM) e espessura de sementes (ESPSEM), as estimativas de variância genética foram superiores as estimativas da variância ambiental, inferindo que o ambiente influencia pouca a característica (Tabela 20).

Entretanto, estas são características de baixa herdabilidade (CSEM=16% e ESPSEM=18%) e foram as maiores herdabilidades para as características relacionadas às sementes. Estes resultados contrastam com Almeida (2017), que para estas mesmas características, encontrou herdabilidade de 34,07% para comprimento da semente e de 60,82% para espessura da semente.

Ao se observar as estimativas de acurácia e coeficiente de variação, estas foram semelhantes (Tabela 20). As acurácias refletem o quanto o valor estimado está próximo do real, foram obtidos valores próximos a 40% e os coeficientes de variação 13 (CSEM) e 21% (ESPSEM), considerados de baixa e média dispersão, respectivamente.

Tabela 20 Parâmetros genéticos estimados para seis características relacionadas às sementes em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020

Parâmetros	CSEM	LSEM	ESPSEM	M100s	MSSEM	NSEM
σ_g^2	22,20	0,82	2,94	547,84	9,99	25,73
σ_m^2	4,10	1,18	0,14	5726,50	104,62	3322,53
P-valor	0,01	0,53	0,00	0,12	0,45	0,86
$h^2(\%)$	0,16	0,08	0,18	0,09	0,08	0,01
r_{gg}	0,41	0,29	0,43	0,30	0,28	0,10
PEV	18,56	0,75	2,41	498,73	9,20	25,45
Média	15,22	8,81	1,78	53,09	5,35	29,56
CV	13,32	12,33	21,19	142,54	191,26	194,97

σ_g^2 = variância genotípica; σ_m^2 = variância ambiental; $h^2(\%)_{ind}$ = herdabilidade; r_{gg} = acurácia; PEV = variâncias do erro de predição ; CSEM = comprimento da semente (mm); LSEM = largura da semente (mm); ESPSEM = espessura da semente (mm); M100SEM = massa de 100 sementes (g); MSSEM = massa seca de sementes (g); NSEM = número de sementes (cont.).

3.3.3 Efeitos gênicos

Pela análise de componentes de médias, para as características massa seca de sementes (MSSEM) e número de sementes (NSEM), houve significância para os efeitos de média (m) e aditivos (a) (Tabela 21). Para o comprimento da semente, além do efeito de média, os efeitos de dominância (d) também foram significativos. Nas características largura de sementes e espessura de sementes, apenas os efeitos das médias foram significativos.

O modelo aditivo dominante foi adequado para explicar apenas duas características, comprimento de sementes (CSEM) e espessura de sementes (ESPSEM), com coeficientes de determinação de 71 e 84%, respectivamente. Para as demais características, este coeficiente ficou abaixo de 60% (Tabela 21).

Para as demais características relativas a semente, o modelo aditivo-dominante não foi adequado uma vez que os efeitos epistáticos podem manifestar de forma expressiva no controle dessas características. Segundo Viana (2000), interações epistáticas tendem a aumentar o viés das estimativas dos componentes aditivos e dominantes.

Para as características massa seca de sementes (MSSEM) e número de sementes, houve significância apenas para os efeitos epistáticos aditivo-dominante.

Enquanto que para a característica massa total de sementes (MTSEM), evidenciou a significância dos efeitos de média e epistáticos ad.

Tabela 21 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo aditivo-dominante, com base nas médias dos descritores relacionados às sementes obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020

Efeito	GL	M100SEM				MSSEM			NSEM		
		EST	σ^2	t		EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	482	26,72	78,31	3,02**	8,79	0,66	10,84**	19,91	44,63	2,98**	
a	482	14,39	52,27	1,99*	1,54	0,52	2,12*	16,60	26,75	3,21**	
d	482	59,88	338,71	3,25**	3,60	3,34	1,97 ^{ns}	25,42	197,90	1,81 ^{ns}	
R ²			0,25			0,27			0,28		

Efeito	GL	CSEM				LSEM			ESPSEM		
		EST	σ^2	t		EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	482	9,52	0,06	40,46**	8,98	0,002	222,41**	8,30	0,11	24,56**	
a	482	0,09	0,04	0,43 ^{ns}	-0,07	0,001	-1,85 ^{ns}	-0,11	0,07	-0,39 ^{ns}	
d	482	1,12	0,26	2,19*	0,00	0,01	0,03 ^{ns}	-1,26	0,49	-1,81 ^{ns}	
R ²			0,71			0,55			0,84		

m = média de homozigotos, a = aditivo, d= dominante, EST = estimativa do efeito, σ^2 = variância, t = teste t
 ** significativo a 1% de probabilidade, * significativo a 5% de probabilidade pelo teste t, ns não significativo;
 CSEM = comprimento da semente (mm); LSEM = largura da semente (mm); ESPSEM = espessura da semente (mm); M100SEM = massa de 100 sementes (g); MSSEM = massa seca de sementes (g); NSEM = número de sementes (cont.).

Tabela 22 Parâmetros genéticos estimados a partir do modelo completo, com base nas médias dos descritores relacionados às sementes, obtidas a partir de plantas em seis populações (P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}) de abóbora. Viçosa-MG. 2020

Efeito	GL	COMPSEM			LSEM			ESPSEM		
		EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	467	10,45	1,62	8,22**	9,24	0,06	36,93**	7,89	1,40	6,68**
a	38	-0,08	0,07	-0,30 ^{ns}	-0,08	0,00	-1,82 ^{ns}	0,14	0,14	0,37 ^{ns}
d	482	-0,46	9,54	-0,15 ^{ns}	-0,78	0,48	-1,12 ^{ns}	-0,35	10,22	-0,11 ^{ns}
aa	429	-0,94	1,55	-0,75 ^{ns}	-0,26	0,06	-1,05 ^{ns}	0,34	1,25	0,31 ^{ns}
ad	235	0,93	0,72	1,09 ^{ns}	-0,04	0,05	-0,19 ^{ns}	-1,05	1,22	-0,95 ^{ns}
dd	482	0,29	4,88	0,13 ^{ns}	0,60	0,29	1,13 ^{ns}	-0,40	6,54	-0,16 ^{ns}

Efeito	GL	M100SEM			MSSEM			NSEM		
		EST	σ^2	t	EST	σ^2	t	EST	σ^2	t
m	467	63,77	953,64	2,07*	3,91	12,54	1,11 ^{ns}	-7,51	524,17	-0,33 ^{ns}
a	38	-12,62	126,08	-1,12 ^{ns}	-0,50	1,07	-0,48 ^{ns}	-2,10	60,00	-0,27 ^{ns}
d	482	-11,50	6913,63	-0,14 ^{ns}	16,98	103,82	1,67 ^{ns}	105,81	4203,99	1,63 ^{ns}
aa	429	-22,44	827,56	-0,78 ^{ns}	6,53	11,47	1,93 ^{ns}	35,53	464,17	1,65 ^{ns}
ad	235	100,42	914,15	3,32**	12,03	12,77	3,37*	86,21	547,66	3,68**
dd	482	16,48	4239,50	0,25 ^{ns}	-7,66	64,84	-0,95 ^{ns}	-52,15	2703,02	-1,00 ^{ns}

m = efeitos das médias de todos os possíveis homozigotos, a = aditivos, d = dominantes, aa = efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad = aditivo x dominante dd = dominante x dominante; EST = estimativa do efeito, σ^2 = variância; CSEM = comprimento da semente (mm); LSEM = largura da semente (mm); ESPSEM = espessura da semente (mm); M100SEM = massa de 100 sementes (g); MSSEM = massa seca de sementes (g); NSEM = número de sementes (cont.).

3.3.4 Seleção de indivíduos F₂ via BLUP

Os programas de melhoramento visam obter genótipos que associem alta produtividade a fenótipos favoráveis também para outras características de interesse agrônomo e de mercado, como o porte reduzido em abóboras.

As propriedades do BLUP permitem maximização da acurácia seletiva, minimização do erro de predição, predição não viciada de valores genéticos, maximização do ganho genético – por ciclo de seleção – e maximização da probabilidade de seleção do melhor entre dois ou vários genótipos (RESENDE, 2004).

Foram selecionados 20 indivíduos da população segregante (10%), para as características referentes às sementes. Para todas as características selecionou-se indivíduos com valores superiores, pois deseja-se o acréscimo a estas características (Tabela 23).

Tabela 23 Estimativas dos valores genotípicos, *rank* médio e seleção de indivíduos segregantes F₂ de abóbora para características relacionadas as sementes. Viçosa-MG. 2020

Comp			Larg			Esp			M100s			Mat seca			nsem		
Genótipo	μ+g	GS(%)	Genótipo	μ+g	GS(%)	Genótipo	μ+g	GS(%)	Genótipo	μ+g	GS(%)	Genótipo	μ+g	GS(%)	Genótipo	μ+g	GS(%)
Trat_398	52,49	245,00	Trat_409	9,95	12,96	Trat_288	3,57	100,10	Trat_108	71,76	35,16	Trat_24	12,95	142,21	Trat_24	32,00	8,23
Trat_308	17,64	15,92	Trat_218	9,91	12,50	Trat_58	2,72	52,68	Trat_383	71,14	33,99	Trat_19	10,20	90,74	Trat_19	31,73	7,33
Trat_309	17,64	15,92	Trat_309	9,91	12,50	Trat_22	2,53	41,98	Trat_24	70,97	33,68	Trat_119	9,50	77,69	Trat_16	31,46	6,43
Trat_68	17,42	14,46	Trat_389	9,74	10,64	Trat_107	2,44	36,63	Trat_309	70,52	32,84	Trat_96	9,32	74,24	Trat_96	31,45	6,37
Trat_288	17,22	13,15	Trat_85	9,70	10,16	Trat_114	2,44	36,63	Trat_218	70,29	32,40	Trat_5	9,11	70,35	Trat_3	31,40	6,22
Trat_409	17,22	13,15	Trat_52	9,62	9,23	Trat_358	2,42	35,92	Trat_3	70,27	32,37	Trat_16	9,08	69,77	Trat_299	31,40	6,20
Trat_77	17,08	12,24	Trat_108	9,62	9,23	Trat_69	2,34	31,28	Trat_275	69,68	31,24	Trat_309	8,84	65,36	Trat_119	31,32	5,95
Trat_140	16,82	10,57	Trat_178	9,42	6,94	Trat_90	2,34	31,28	Trat_22	69,31	30,55	Trat_299	8,49	58,77	Trat_258	31,21	5,58
Trat_261	16,80	10,41	Trat_261	9,42	6,94	Trat_108	2,25	25,94	Trat_69	68,96	29,89	Trat_140	8,47	58,42	Trat_5	31,20	5,54
Trat_5	16,49	8,36	Trat_376	9,37	6,47	Trat_414	2,23	25,22	Trat_114	68,96	29,89	Trat_258	8,30	55,24	Trat_140	31,14	5,32
Trat_85	16,49	8,36	Trat_19	9,37	6,45	Trat_204	2,16	21,06	Trat_389	68,95	29,87	Trat_305	8,18	53,01	Trat_45	31,03	4,95
Trat_90	16,49	8,36	Trat_308	9,33	6,01	Trat_239	2,16	21,06	Trat_83	67,91	27,92	Trat_75	8,11	51,62	Trat_154	30,97	4,74
Trat_198	16,46	8,19	Trat_68	9,33	5,99	Trat_309	2,14	19,87	Trat_402	67,64	27,40	Trat_35	7,97	49,09	Trat_35	30,94	4,65
Trat_204	16,46	8,19	Trat_198	9,29	5,55	Trat_389	2,14	19,87	Trat_230	67,41	26,96	Trat_22	7,90	47,68	Trat_305	30,91	4,57
Trat_107	16,40	7,80	Trat_96	9,29	5,52	Trat_235	2,06	15,71	Trat_358	67,11	26,42	Trat_308	7,85	46,76	Trat_252	30,82	4,25
Trat_218	16,38	7,64	Trat_10	9,25	5,06	Trat_402	2,04	14,53	Trat_312	67,03	26,25	Trat_45	7,81	46,01	Trat_309	30,79	4,15
Trat_192	16,29	7,08	Trat_129	9,25	5,06	Trat_178	1,97	10,37	Trat_403	66,94	26,09	Trat_69	7,72	44,31	Trat_308	30,75	4,00
Trat_19	16,23	6,69	Trat_140	9,25	5,06	Trat_285	1,97	10,37	Trat_354	66,76	25,76	Trat_68	7,70	43,98	Trat_9	30,73	3,95
Trat_160	16,21	6,53	Trat_2	9,23	4,82	Trat_52	1,96	9,89	Trat_316	66,68	25,59	Trat_154	7,57	41,46	Trat_75	30,66	3,70
Trat_238	16,21	6,53	Trat_5	9,21	4,60	Trat_308	1,95	9,18	Trat_204	66,62	25,48	Trat_316	7,51	40,37	Trat_12	30,61	3,54
Trat_235	16,12	5,97	Trat_162	9,17	4,15	Trat_341	1,85	3,83	Trat_75	66,60	25,45	Trat_160	7,47	39,76	Trat_160	30,58	3,44
Trat_12	15,90	4,47	Trat_252	9,13	3,69	Trat_395	1,85	3,83	Trat_178	66,44	25,15	Trat_277	7,47	39,63	Trat_68	30,57	3,40
Trat_22	15,90	4,47	Trat_288	9,13	3,69	Trat_403	1,85	3,83	Trat_142	66,16	24,62	Trat_9	7,44	39,06	Trat_316	30,51	3,19

CSEM = comprimento da semente (mm); LSEM = largura da semente (mm); ESPSEM = espessura da semente (mm); M100SEM = massa de 100 sementes (g); MSSEM = massa seca de sementes (g); NSEM = número de sementes (cont.); GS= ganho de seleção (%); μ+g= nova média obtida

Para a características comprimento largura e espessura, destaca-se os indivíduos 19 e 218, que foi selecionada para as mesmas. Vale ressaltar que o indivíduo Trat_309 foi selecionado para todas as características referentes as sementes.

4. CONCLUSÃO

O modelo aditivo-dominante foi eficiente para explicar 50% das características avaliadas. Sendo os efeitos aditivos e dominantes importantes para as características número de entrenós, comprimento do limbo, largura do limbo, comprimento do pedicelo, massa média dos frutos, diâmetro maior dos frutos, largura da cavidade, comprimento da cavidade, massa de 100 sementes.

O efeito aditivo é o mais importante para as características comprimento da rama, número de entrenós, comprimento médio do entrenó, diâmetro menor do fruto, massa seca das sementes, número de sementes.

Os efeitos epistáticos foram significativos para as características massa média dos frutos, comprimento do fruto e massa total de sementes.

O comprimento da rama é uma característica quantitativa, controlada por gene maior com efeito aditivo e de dominância e, após o florescimento, o controle ocorre por um gene de efeito maior e poligenes com efeito aditivo e de dominância.

A variabilidade existente entre as progênies de abóbora possibilitou o uso de estratégias de seleção de vinte genótipos para cada característica através do *rank* médio, com ganhos satisfatórios a fim de concentrar alelos favoráveis para características de interesse.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, C. F. Herança do porte e descritores morfoagrômicos de abóbora (*Cucurbita moschata* Duchesne). Dissertação. Universidade Federal de Viçosa. 58f. 2017.

ALMEIDA, C. L. P. Índices multivariados e blup multisafras na seleção de genótipos de goiabeira. Tese. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF. Campos dos goytacazes – RJ. 73f . 2017.

ASSUNÇÃO, M. P.; KRAUSE, W.; DALLACORT, R.; SANTOS, P. R. J.; NEVES, L. G. Seleção individual de plantas de maracujazeiro azedo quanto à qualidade de frutos via reml/blup. **Revista Caatinga**, v. 28, p. 57-63, 2015.

BLANK, A. F.; SILVA, T. B.; MATOS, M. L.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; SILVA-MANN, R. Parâmetros genotípicos, fenotípicos e ambientais para características morfológicas e agrônômicos em abóbora. **Horticultura Brasileira** , 31:106-111. 2013.

BARBIERI, R. L.; LEITE, D. L.; CHOER, E.; SINIGAGLIA, C. Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. **Ciência Rural.**, vol.35, n.2,p.303-308. 2005.

BARBOSA, L.; LOPES, P.S.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J.; TORRES, R. A. ; COSTA, A. R. C.; PIRES, A. V.; SANTANA JUNIOR, M. L. Comparação entre modelos para estimação de parâmetros genéticos em características de desempenho em suínos da raça Large White. **Revista Ceres**. 55(1): 060-065, 2008.

BEZERRA NETO, F. V.; LEAL, N. R.; COSTA, F. R.; GONÇALVES, G.M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; VASCONCELLOS, H. O.; MELLO, M. 2006. Análise biométrica de linhagens de abóbora. **Horticultura Brasileira** 24: 378-380.

CASTLE W. E. An improved method of estimating the number of genetic factors concerned in cases of blending inheritance. **Science**, v. 54. p. 223, 1921.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa: UFV, 514p. 2012

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, v.1, 480p. 2004

DENNA, D.W.; MUNGER, H. M. Morphology of the bush and vine habits and the allelism of the bush genes in *Cucurbita maxima* and *C. pepo* squash. **Proceedings of the American Society for Horticultural Science**, v.82, p.370–377, 1963.

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

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.nd. Malasya: Longman, 1996. 464p.

FERREIRA, M. G. Herança da resistência de *Solanum habrochaites* a *Phytophthora infestans* (Mont.) De Bary. 37p. Dissertação de mestrado. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG. 2017

FILGUEIRA, F. A. R. **Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. 3. Ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 421p, 2007.

GARCIA, A. L. B. Caracterização genética por modelos mistos de uma população de linhas puras recombinantes de arroz irrigado. Dissertação. 106p. Universidade Federal de Goiás. Goiania, Goiás. 2017.

HAYMAN, B. The separation of epistatic from additive and dominance variation in generation means. **Heredity** 12, 371–390 (1958).

HO, L.C. Fruit growth and sink strength. In: Marshall C & Grace J (Eds.) Fruit and seed production: **Aspects of development, environmental physiology and ecology**. Cambridge, Cambridge University Press. p.101-124. 1992.

JACOBO-VALENZUELA, N.; MARÓSTICA-JUNIOR, M. R.; ZAZUETA-MORALES, J. J.; GALLEGOS-INFANTE, J. A. Physicochemical, technological properties, and health-benefits of *Cucurbita moschata* Duchesne vs. Cehualca A Review. **Food Research International** ,44.2587–2593. 2011.

LYIMO, H. J. F., PRATT, R. C, MNYUKU R. S. O. W. Heritability and gene effect estimates for components of partial resistance to grey leaf spot of maize by generation mean analysis. **Plant Breeding** v.130, p.633-639, 2011.

MATHER, K. & JINKS, J.L. **Introduction to Biometrical Genetics**. Chapman and Hall Ltd., London. 1982

MATHER, K. & JINKS, J.L. **Introduction to biometrical genetics**. Ithaca NY. Cornell Univ. Press. 1977.

MATHER, K. & JINKS, J.L. **Biometrical genetics**. The study of continuous variation. Ithaca, New York, Cornell University Press, 1971. 382p.

MAYNARD, D. N., ELMSTROM, G. W., CARLE, R .B. ‘EI Dorado’ and ‘La Estrella’: compact plant tropical pumpkin hybrids. **HortScience**, v.37, p.831–833, 2002.

MELO, D. R. M. Avaliação de acessos e controle genético de sólidos solúveis em frutos de meloeiro. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia: Melhoramento genético) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido. Mossoró. 78f.il. 2010.

NASCIMENTO, A. G. Parametros genéticos obtidos por modelos mistos em progênie e procedência de *Mimosa scabrella* Bentham (bracatinga). Universidade de São Paulo. Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Piracicaba, 2010.

PARIS, H.S.; EDELSTEIN, M. Same Gene for Bush Growth Habit in *Cucurbita pepo* ssp. pepo as in *C. pepo* ssp. ovifera. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**. v.24, p. 80-81, 2001.

PEREIRA, A.M.; SILVA, G.D.; ALMEIDA, R.R.P.; SILVA, A.B.; QUEIROGA, R.C.F. Frutificação de abóbora Tetsukabuto sobre aplicação de doses de 2,4-D na época seca em Pombal-PB. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v.7, p.38-43, 2012.

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. A. S. C.; RIBEIRO, G. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa agropecuária Brasileira**. Brasília, v.49, n.11, p.882-890, nov. 2014.

PRIORI, D.; VALDUGA, E.; VILLELA, J. C. B.; MISTURA, C. C.; VIZZOTTO, M.; VALGAS, R. A.; BARBIERI, R. L. Characterization of bioactive compounds, antioxidant activity and minerals in landraces of pumpkin (*Cucurbita moschata*) cultivated in Southern Brazil. **Food Science and Technology**, 37(1), 33-40. 2017.

PUIATTI, M., SILVA, D.J.H. Abóboras e morangas. In: Fontes, P.C.R. (ed.). **Olericultura: teoria e prática**. Viçosa: DFT - Setor de Olericultura/UFV, p.279-297, 2005.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. Editora Globo: São Paulo. 5.ed.565 p. 2012.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Viçosa, v. 16, p. 330-339, 2016.

RESENDE, M.D.V. de; DUARTE, J.B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.37, p.182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V.; FURLANI-JUNIOR, E.; MORAES, M. L. T.; FAZUOLI, L. C. Estimativas de parâmetros genéticos e predição de valores genotípicos no melhoramento do cafeeiro pelo procedimento reml/blup. **Bragantia**, vol.60, n.3. 2001.

RESENDE, M.D.V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Colombo: Embrapa Florestas. 57p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100). 2004.

ROBINSON, R.W., MUNGERM, H.M., WHITAKER, T.W., BOHN, G.W. Genes of the Cucurbitaceae. **HortScience**, v.11, p.554–568, 1976.

SANTOS, J.B.; VENCOVSKY, R. Controle genético de alguns componentes do porte da planta em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.21, n.9, p.957-963, 1986.

SHIFRISS, O. Developmental reversal of dominance in *Cucurbita pepo*. **Proceedings of the American Society for Horticultural Science**, v.50, p.330–346, 1947.

SILVA, T. P. Predição de ganhos genéticos via REML/BLUP em progênies S2 de mamoeiro. Dissertação (mestrado). 55 f. Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2015.

SILVA, M. G. M. Seleção de famílias superiores de feijoeiro com resistência a antracnose e mancha angular. 2005. 80 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2005.

- SILVA, W. P. Estimadores de máxima verossimilhança em misturas de densidades normais: uma aplicação em genética. Dissertação (Mestrado em Estatística e experimentação Agropecuária) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 60p, 2003
- SOBREIRA, F. M. Divergência genética entre acessos de abóbora para estabelecimento de coleção nuclear e pré melhoramento para óleo funcional. 88p. Tese de doutorado. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG. 2013.
- STURION, J.A.; RESENDE, M.D.V. Seleção de progênies de ervamate (*Ilex paraguarensis* St. Hil.) para produtividade, estabilidade e adaptabilidade temporal de massa foliar. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n.50, p.37-51, 2005.
- VALLEJO, C. F. A.; MOSQUERA, S. E. Transferencia del gen Bu a poblaciones de zapallo, *Cucurbita* sp. con crecimiento postrado. **Acta Agronómica**, v.48, 1998.
- VIANA, J. M. S. Generation mean analysis in relation to polygenic systems with epistasis and fixed genes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, p.1159-1167, 2000.
- WHITAKER, T. W.; G.N. DAVIS. *Cucurbita*. Handbook of genefics. v. 2, p. 135-142, 1974.
- WU, T.; ZHOU, J. H.; ZHANG, Y. F.; CAO, J. S. Characterization and inheritance of a bush-type in tropical pumpkin (*Cucurbita moschata* Duchesne). **Sci Horticulture**.114(1):1-4. 2007.
- ZEWDIE, Y. & BOSLAND, P. Capsaicinoid Inheritance in an Interspecific Hybridization of *Capsicum annuum* × *C. chinense*. Journal of the American Society for Horticultural Science. **American Society for Horticultural Science**. 125. 10.21273/JASHS.125.4.448. 2000.
- ZHANG, G., REN, Y., SUN, H., GUO, S., ZHANG, F., ZHANG, J., e LI, H. A high-density genetic map for anchoring genome sequences and identifying QTLs associated with dwarf vine in pumpkin (*Cucurbita maxima* Duch.). **BMC genomics**, 16, 1101, 2015.
- ZHANG, Q. I, YU, E., MEDINA, A. 2012 Development of Advanced Interspecific-bridge Lines among *Cucurbita pepo*, *C. maxima*, and *C. moschata*. **Hortscience**, v. 47, p. 452–458, 2012.

CAPÍTULO 2

Dissimilaridade genética em população segregante de *Cucurbita moschata* por marcadores microssatélites

RESUMO

LAURINDO, Renata Dias Freitas, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2020. **Capítulo II. Dissimilaridade genética em população segregante de *Cucurbita moschata* por marcadores microssatélites.** Orientador: Derly José Henriques da Silva.

O óleo de semente de abóbora é considerado um alimento funcional, devido a presença de ácidos graxos insaturados e compostos bioativos. Entretanto a produtividade deste óleo é baixa, pois as abóboras que possuem hábito de crescimento rastejante necessitam de espaçamentos maiores, em um hectare são cultivadas cerca de quatrocentas plantas. A utilização de plantas com ramos curtos pode viabilizar a produção deste óleo, por possibilitar incrementos na produtividade, pois o número de plantas por área tende a ser maior, sendo cultivado até dez mil plantas por hectare. A seleção de genótipos braquíticos em abóbora não é eficaz, uma vez que esta característica sofre a ação da reversão de dominância. Nos programas de melhoramento, uma das principais necessidades é a capacidade de identificação de genótipos superiores na população segregante. Os marcadores moleculares permitem acessar o DNA, independente das condições ambientais e fornecem uma quantidade muito grande de informações a respeito da variabilidade. O objetivo do estudo foi avaliar a dissimilaridade genética dos indivíduos F₂ e selecionar genótipos promissores quanto a redução do comprimento da rama. Foram utilizados 40 *primers*, sendo que, apenas cinco apresentaram polimorfismo. Com base nos resultados da amplificação das bandas, foram obtidos cinco grupos distintos. A análise de dissimilaridade foi eficiente na discriminação da população F₂, sendo possível a seleção de genótipos para o Programa de Melhoramento.

Palavras-chave: *Cucurbita moschata*, marcadores microssatélites, variabilidade, agrupamento UPGMA

ABSTRACT

LAURINDO, Renata Dias Freitas, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March 2020. **Chapter II. Genetic dissimilarity in a segregating population of *Cucurbita moschata* by microsatellite markers.** Adviser: Derly José Henriques da Silva

Pumpkin seed oil is considered a functional food, due to the presence of unsaturated fatty acids and bioactive compounds. However, the productivity of this oil is low, since pumpkins that have a creeping growth habit need larger spacing, in about one hectare about four hundred plants are grown. The use of plants with short branches can make the production of this oil viable, as it allows for increases in productivity, since the number of plants per area tends to be higher, with up to ten thousand plants per hectare being cultivated. The selection of brachitic genotypes in pumpkin is not effective, since this characteristic undergoes the action of reversion of dominance. In breeding programs, one of the main needs is the ability to identify superior genotypes in the segregating population. Molecular markers allow access to DNA, regardless of environmental conditions and provide a very large amount of information regarding variability. The objective of the study was to evaluate the genetic dissimilarity of the F₂ individuals and to select promising genotypes regarding the reduction of the length of the branch. Forty primers were used, with only five showing polymorphism. Based on the results of the amplification of the bands, five different groups were obtained. The dissimilarity analysis was efficient in discriminating the F₂ population, making it possible to select genotypes for the Breeding Program.

Keywords: *Cucurbita moschata*, microsatellite markers, variability, UPGMA cluster

1. INTRODUÇÃO

A abóbora (*Cucurbita moschata*) é uma hortaliça-fruto, amplamente cultivada e consumida no Brasil e no mundo. A área cultivada com *C. moschata* é de aproximadamente 90 mil hectares com produção estimada de 400 mil toneladas (IBGE, 2012). Os frutos são consumidos em receitas doces e salgadas, na forma imatura ou madura. Entretanto, as sementes têm se destacado devido ao teor e composição do seu óleo.

O óleo de semente de abóbora é composto predominantemente por ácidos graxos insaturados, principalmente ácido oleico (n-9) e linoleico (n-6) (STEVENSON et al., 2007). Esse óleo é classificado como óleo funcional, pois proporciona benefícios à saúde e são compostos predominantemente por ácidos graxos insaturados e componentes bioativos como tocoferóis, carotenóides e β -sitosterol, (CAILI et al., 2006).

Entretanto, a produtividade deste óleo é baixa, pois as abóboras que possuem hábito de crescimento rastejante necessitam de espaçamentos maiores, podendo uma única planta ocupar uma área de até 25 m², ou seja, em 1 hectare são cultivadas apenas 400 plantas. Sendo assim, a utilização de plantas com ramas curtas pode incrementar a produção por permitir um número de plantas por área maior, podendo alcançar até 10.000 plantas por hectare.

Para o desenvolvimento de plantas com ramas mais curta, os programas de melhoramento genético têm buscado introduzir genes braquíticos nas cultivares. Em abóboras com o gene braquítico, foi descrito como dominante na fase inicial de desenvolvimento, sem emissão de ramas, após o florescimento, emitem ramas e entrenós longos (SHIFRIS, 1947; ROBINSON et al., 1976), processo esse denominado reversão de dominância (PARIS & EDELSTEIN, 2001). Entretanto a seleção fenotípica desses materiais não é eficaz, porque mesmo geneticamente distinto os indivíduos podem ser fenotipicamente semelhantes. Para superar este problema, marcadores moleculares têm sido utilizados como ferramenta auxiliar para na discriminação de genótipos (FERRÃO et al. 2015; SOUSA et al. 2017) a fim de acelerar e tornar programas melhoramento viáveis.

Os marcadores moleculares são importante para detectar genes de interesse, pois permitem acessar o DNA, independente das condições ambientais, e são extremamente úteis para estudos de genética populacional (SALLA et al., 2002) além de fornecer uma quantidade muito grande de informações a respeito da variabilidade

(CAVALLI et al., 2003).

Dentre os marcadores moleculares destaca-se os microssatélites (SSR) por estarem distribuídos em todo o genoma e possuírem altas taxas de polimorfismo, além disso são codominantes e multialélicos e possuem especificidade local e reprodutibilidade. Dessa forma, esses marcadores são os mais indicados para estudos de diversidade genética (FERRÃO et al., 2015).

A análise da dissimilaridade genética dentro de uma população é fundamental para programas de melhoramento genético, pois essa dissimilaridade serve como parâmetro para identificação de genitores que possibilitem maior efeito heterótico na progênie e maior possibilidade de recuperação de recombinantes superiores nas gerações segregantes (CRUZ et al., 2012) e assim permitindo a tomada de decisão na escolha de indivíduos a serem cruzados.

Diante do exposto, o objetivo do estudo foi selecionar genótipos promissores quanto a redução do comprimento da rama em plantas de *Cucurbita moschata* com o uso de marcadores SSR.

2. MATERIAIS E METODOS

2.1 Instalação do experimento

O experimento foi conduzido no campo experimental da UEPE (Unidade de Extensão e Pesquisa – Horta Velha) do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa-MG, sob coordenadas de 20° 45' 14" S, longitude de 42° 52' 53" W e altitude de 648,74 m. Segundo a classificação de Koppen, o clima regional é do tipo Cwa, com umidade relativa média anual do ar de 80%, temperaturas médias máxima e mínima anual são de 26,4 e 14,8 °C, respectivamente, e precipitação média de 1221,4 mm, com concentração de chuvas no verão.

Foram utilizados o acesso BGH-7319 conservado no Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV) e o cultivar Piramoita. O acesso foi considerado promissor para programas de melhoramento visando produção de óleo funcional de sementes de abóbora. O BGH-7319 possui elevada massa de sementes por fruto (92,15g), elevada concentração de óleo (44,07%) e baixa concentração de ácido palmítico (14,08%) (SOBREIRA, 2013), entretanto possui ramas longas. O cultivar Piramoita, possui o gene Bush em homozigose que possibilitam o aumento da densidade de plantas por área, com conseqüente aumento da produtividade (CARDOSO, 2007). Ambos genótipos pertencem à espécie *Cucurbita moschata* (Figura 01).



Figura 1 (A) Planta do genitor BGH-7319 e (B) Planta do genitor Piramoita

Os híbridos F_1 foram obtidos por meio do cruzamento entre o acesso BGH-7319 utilizados como genitores femininos com o cultivar Piramoita, utilizado como genitor masculino. O acesso BGH-7319 sempre foi utilizado como genitor feminino, pois o óleo está presente no endosperma da semente e este é de origem materna. A população segregante F_2 , foi obtida a partir da autofecundação do híbrido. A instalação do experimento para a obtenção das populações foi realizado em casa de vegetação.

Após a obtenção das populações, as sementes foram semeadas em bandejas de poliestireno contendo 72 células, no dia 17 de janeiro de 2017. Quando as plântulas possuíam uma folha definitiva totalmente expandida foram transplantadas para o campo previamente preparado por meio de aração, gradagem e coveamento. O espaçamento utilizado foi de 3,0 x 4,0 metros. Os tratos culturais foram realizados segundo recomendações para a cultura (FILGUEIRA, 2007).

2.2 Coleta do material e extração do DNA

As folhas das plantas foram coletadas com auxílio de tubo falcon de 15 ml, e imediatamente congeladas em nitrogênio líquido (N_2), paralisando a atividade celular e evitando a oxidação. Após a coleta e congelamento, o tecido vegetal foi armazenado a $-80^\circ C$. Foram coletadas folhas dos genitores (BGH-7319 e Piramoita) e das populações F_1 e F_2 (Tabela 01).

Tabela 1 Genótipos e número de indivíduos coletados. Viçosa-MG. 2020.

Genótipo	Número de Indivíduos
BGH-7319 (P_1)	18
Piramoita (P_2)	16
BGH-7319 x Piramoita (F_1)	17
Autofecundação F_1 (F_2)	167

O DNA genômico das folhas foi extraído utilizando-se o método proposto por Diniz et al. (2005). Em microtubos de 2,0 mL, previamente identificados, adicionou-se aproximadamente 50 mg de tecido vegetal de cada amostra. Dois tampões foram preparados, o primeiro denominado tampão de lise (Sorbitol 0,35 M, Tris-HCl 0,10 M pH 8,0, EDTA 5 mM) e o segundo de extração (NaCl 2 M, CTAB 2%, Tris-HCl 0,2 M, EDTA 0,05 M). Os dois tampões foram misturados e acrescentou-se sarcosil (5%), bissulfito de sódio (1%), carvão ativo (0,1%) e PVP-40 (2%). Após esse preparo, a solução de extração foi pré-aquecida a 65°C, e 1,5 mL dessa solução foi adicionado em cada microtubo de 2,0 mL contendo as amostras e agitados em TissueLyser para maceração do tecido. Os tubos foram deixados em banho-maria a 65°C por 40 minutos e homogeneizados a cada 10 minutos. As amostras foram centrifugadas por 10 minutos a 14000 rpm e o sobrenadante transferido para novos tubos de 2,0 mL, com a adição de 1000 µL de clorofórmio: álcool isoamílico (24:1). As amostras no tubo foram homogeneizadas e depois centrifugadas durante 10 minutos a 14000 rpm. Em microtubo de 1,5 mL, transferiu-se 800 µL do sobrenadante e adicionou-se 600 µL de isopropanol gelado. Foi realizada uma homogeneização manual e os microtubos ficaram armazenados por 40 minutos a -80°C ou 2 horas a -20°C ou *overnight* a 4°. As amostras foram centrifugadas por 20 minutos a 14000 rpm, o sobrenadante foi descartado e o pellet lavado com etanol 70% e 95%. O DNA foi ressuscitado em 200 µL de TE (Tris-HCl 10 mM pH 8,0, EDTA 0,1 mM pH 8,0), contendo RNase na concentração final de 80 µg/µL e incubado em *banho-maria* a 37°C por 30 minutos.

A avaliação da qualidade do DNA foi realizada em gel de agarose 2%, corado com brometo de etídio e sua concentração verificada em espectrofotômetro Multiskan.

2.3 Amplificação com marcadores microssatélites

Para genotipagem foram utilizados 40 *primers* microssatélites (Tabela 2). Como existem poucos primers de microssatélites desenvolvidos para *C. moschata*, os *primers* de microssatélites desenhados para *C. pepo* e *C. máxima* podem ser usados como uma alternativa para encontrar regiões semelhantes no genoma, uma vez que pertencem ao mesmo gênero.

A reação de PCR foi realizada em volume final de 20 µL contendo, 11,2 µL de H₂O, 2,0 µL de PCR Buffer 10x, 0,6 µL de MgCl (50 mM), 1,2 µL de dNTPs (12,5 mM), 1,0 µL de cada *primer* (*Forward* e *Reverse*) 10 µM, 0,08 µL de Taq DNA Polimerase Invitrogen (5 u/µL) e 3,0 µL de DNA (20 ng/µL).

Tabela 2 Características dos locos microssatélites avaliados nos genótipos de *Cucurbita moschata*. Viçosa-MG. 2020

Primer	Forward sequence	Reverse sequence	Pb	T°
CMTp201	AGGAGTGGTGGGCTAATACG	TGAAATTGAGGGAGGGAGAG	110	59
CMTp98	GCAGAGGAGAAGTGGGTTTG	CTTTATCCGACCAAGCGTTC	213	60
CMTm209	ATTAGAATCCCTTGGAGAACG	GCAATCGTTTTTCTGTTGGT	152	60
CMTmC62	TGGATCCTCACTCTCAACTCA	GAAGAGTTACTACGTTGCTAGCCTAT	128	58
CMTm42	ATTGGTGGCGAAGCTATCAC	CCCACGTTATGGAGCAGAAT	211	60
CMTm120	GCCAAAGGTTCCAAATGACA	TGATTTGCGCACAAACAAAC	121	60
CMTm107	ACAAATGCCATGAAACACAACA	TGGTTGCTAGAGACCGTTGG	127	61
CMTm189	AATTATATAGCTGGCTGGATCG	AACATAACAACAGCAGGGAATG	106	57
CMTp235	ATGATGGAGTCCCAGTCGAG	ACCCACACACCCTCTCCTC	148	60
CMTm130	CCCTCCACCACCTCCTTAG	CAGGGGGATCATAAAAGTGG	110	59
CMTp205	CATGAAACGATATGAGTAGG	TGAGGTATTTTAGGAATAAAGA	143	50
CMTm144	ACATGGGCATACCTCGAATC	CACCTGGCTGTTTTGTCTGA	150	60
CMTm177	CAGACGTCGAACGTTGTCAC	CTGGAGAGGAGCATTTGGAG	101	60
CMTm56	TTTCTCCAATGCCAATCACA	CGCCGTTGAGTCAATTCAG	139	60
CMTm52	GCTCTCCATTTCCAGCTTC	GACGCAGAGGGAGATTAATGA	242	59
CMTp39	GGCGAAAAGGAAGAACGAAT	TTTTTCTCCCCCTTCCACAT	132	60
CMTm261	GGTGGCCTCTGAACAATTC	ACCTAACCAATGGGCATGAG	228	60
CMTm54	GTGTGGATGCAAATGGTGAG	GGGAATCGAGGGTTTTGAAT	143	60
CMTm232	AGAAAGAAATAAGGAACCCACAG	CGTCTCGCAATTCTTCAACT	196	58
CMTp126	ACCTCAAACCCCTTTTGTG	GGAAGAAGAAGGAGGAGGAG	117	57
CMTp245	AGGTAAGTGCACCCAGCTA	CCCATCTCTCAAGCTCATCC	134	60
CMTp141	ATTCATGTCATACTACCGACTTC	CGGATTTATAAGATGGCAAG	135	55
CMTm131	TAGAGTTCGATCAATGCAA	GTTGATACTTCAACCACGTT	111	52
CMTp68	CACACCCATTTTCATTTTGACC	ATTGATTGGGACGTGAGGAA	189	60
CMTm11	TGGAAGGATTCTCCACAGT	TACAATTTGACGTCCGCAAG	108	59
CMTm65	GAACTTCGTGTGTGCGTGTC	TTGCTGGAACCTCCTCTCGT	97	60
CMTm6	TTTTTAAAGGGCTGAAAATAATTG	GTCTGCGAAGCTCGAGTG	131	58
CMTm129	TGATCGAATTGTGGCTGGT	AATCAATCTGCTCCGTCGTC	148	60
CMTm87	AATCTGCAAACGGACTTCAAT	TCACAGTGATCCCCAAACTC	104	58
CMTm122	CAACGTGAACCTCTTAACGTGTC	CTGGGATGAAAAGGAACCCTA	133	60
CMTp231	TCTGGTCTTGGGGTGGTTCT	AGAAACAAAGTGGCGGGTGT	170	61
CMTm158	CCCAGCTATGAAGGTCTCTG	AAAAGCACAAAAGAAACACCA	80	57
CMTp133	TGCTCTCTTTGAATTCAGCAT	AGGGATCTTCCATTTCCAAT	113	57
CMTm187	ATCGGTGAGTCCCAAAAATG	ATCACAAAGCGGGAAAACAC	128	60
CMTm214	TGCTTTGATCAGTGAGCAGT	GGATGTAATCTCCGGACTTTC	139	57
CMTm218	TATCTGCACGCCAAACTCG	ACTTCGAACGGGAAGAAGGA	102	61
CMTm83	GGCATTCTGAGAACAGCTT	ACGTTAGTTATGCTATTTGTAGGC	111	57
CMTm165	TTCCAGACCCAATTCCCTTA	TCCATGGAGATGGGAGGTAG	126	59
CMTm60	TCCTCAAAGCATACCAACTGT	GCGCCATTTTATGATTGGAT	105	61
CMTm260	ACAATGGTTCTTTTATCCTTGA	TGCAAACAATGTGTGTGTGTG	90	60

Marca: identidade do marcador; F: *forward*; R: *reverse*; Pb: pares de base; T°: temperatura média de anelamento do primer.

As amplificações foram realizadas em Applied Biosystems Veriti 96-Well Thermal Cycler Model 9901, programado para uma etapa inicial de desnaturação do DNA a 94°C por 4 min, seguido de 33 ciclos 40s a 94°C (desnaturação), 1 minuto a 56°C (anelamento) e 40s a 72°C (extensão). Por fim, uma etapa de 30 min a 72°C para a extensão final. As temperaturas de anelamento variaram de 50 a 60°C, conforme a temperatura do *primer* utilizado.

Os produtos resultantes da reação de PCR foram separados por eletroforese em gel de poliacrilamida desnaturante 6% e visualizados por meio de coloração com nitrato de prata, conforme protocolo descrito por Brito et al. (2010). O marcador 100 bp DNA Ladder Invitrogen foi utilizado como referência de peso molecular para estimar os tamanhos dos produtos da amplificação.

Os marcadores SSR foram testados inicialmente entre os genitores, e os marcadores polimórficos foram analisados na população.

2.4 Análises genético-estatísticas

Os fragmentos amplificados foram codificados, sendo atribuídos aos indivíduos homocigotos os códigos 11 e 22, aos heterocigotos o código 12.

As análises dos marcadores moleculares foram realizadas no programa computacional GENES (Cruz, 2016). O conteúdo de informação polimórfica (PIC) para cada marcador molecular foi calculado a partir da seguinte equação:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^a p_i^2 - \sum_{i,j=1}^a \sum_{i \neq j} p_i^2 p_j^2$$

Onde p_i é a frequência do i -ésimo alelo do loco estudado.

Foi estimada a matriz de distância genética entre os pares de indivíduos que compõem a população, sendo a distância obtida a partir da equação:

$$D_{ii'} = 1 - \left(\frac{1}{2} \sum_{j=1}^L p_j c_j \right)$$

Onde:

$D_{ii'}$ = distância genética entre os pares de acessos i e i'

$p_j = \frac{a_j}{A}$: peso associado ao loco j , determinado por:

a_j : número total de alelos do loco j ;

A : número total de alelos estudados;

$$\sum_{j=1}^L p_j c_j = 1$$

c_j : número de alelos comuns entre os pares de acessos i e i'

A partir das distâncias genéticas estimada entre os pare de indivíduos, foi obtida a distância genética média.

O dendrograma foi construído utilizando a metodologia UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages*) implementado no *software* MEGA X (KUMAR et al., 2018), utilizando a matriz de distância genética entre os pares de indivíduos.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Seleção dos SSR polimórficos entre os genitores

A detecção de alelos polimórficos foi realizada nos genitores, por meio dos 40 pares de marcadores moleculares microssatélites (Tabela 2). Destes, cinco marcadores microssatélites foram selecionados e empregados nas análises de diversidade genética e de agrupamento.

Os 5 marcadores microssatélites polimórficos, amplificaram 10 bandas. A percentagem de *primers* polimórficos foi de aproximadamente 11%. O polimorfismo foi detectado nos *primers* SSR: CMTm 260, CMTm 214, CMTmC 62, CMTm 232 e CMTp 201. Estes estão localizados em cromossomos distintos no genoma da espécie: CMTm 260 (CR15), CMTm 214 (CR18), CMTmC 62(CR04), CMTm 232(CR10) e CMTp 201(CR01) (GONG et al., 2008).

Para cada *locus* SSR, foram identificados dois alelos, resultado esperado, pois, em uma população segregante oriunda do cruzamento entre dois genitores diploides, podem-se encontrar, no máximo, quatro alelos.

Foi possível observar polimorfismo a partir da análise de marcadores microssatélites em *C. moschata*, utilizando primers para *C. pepo* e *C. máxima*. Ao comparar o conteúdo, a ordem e distância das marcas, o mapeamento comparativo demonstra similaridade da organização cromossômica e os níveis de conservação durante a evolução do genoma entre as espécies de cucurbita (CHOI et al., 2004).

O sucesso na transferência de SSR (Simple Sequence Repeats) entre espécies dentro de um mesmo gênero tem sido relatado em *Olea* (RALLO et al., 2003), *Pinus* (GONZÁLEZ-MARTÍNEZ et al., 2004), *Triticum* (ADONINA et al., 2005) e

Cucumis (RITSCHER et al., 2004). Outro caso de sucesso na transferibilidade de primers microssatélites de *Cucubita pepo* para *C. ficifolia* e *C. argyrosperma* foi relatado por Priori et al. (2012), onde os loci testados apresentaram 80% de aproveitamento.

3.2 Frequências alélicas e conteúdo de informação polimórfica

A frequência alélica e o conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) foram estimados (Tabela 03). A frequência alélica variou de 0,302 a 0,698, quando utilizado o *primer* CMTm 232. A média foi de 0,58 e 0,42 para os alelos A¹ e A², respectivamente.

O valor médio do PIC foi de 0,36, sendo os maiores valores estimados para os locos CMTm 260 e CMTm 214, com valores de 0,3749 e 0,3742, respectivamente. O valor de PIC é considerado mediano, entretanto este valor é referente a dados de uma população proveniente do cruzamento de dois parentais da mesma espécie. Priori et al., (2012), na caracterização de variedades crioulas de abóbora, observaram que o conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) variou de 0,20 a 0,88 com média geral de 0,52 entre todos os acessos analisados. O PIC foi descrito primeiramente por Boststein et al. (1980) expressa a qualidade do marcador em estudos genéticos. Esta análise leva em consideração o número total de fragmentos detectados para cada loco para um dado marcador e a frequência destes alelos no conjunto de genótipos investigados (VARSHNEY et al., 2007). Segundo a classificação de Boststein et al. (1980), marcadores com valores de PIC superiores a 0,5 são considerados muito informativos, com valores entre 0,25 e 0,5 mediantemente informativos, e com valores inferiores a 0,25 pouco informativos. O PIC representa a existência de variabilidade, em que a variabilidade é maior com os maiores valores de PIC.

A frequência média dos genótipos heterozigoto (A¹A²) foi superior às frequências dos genótipos homozigoto (A¹A¹ e A²A²), estes resultados eram esperados, pois se trata de cruzamentos realizados entre genitores contrastantes.

Para a maioria dos locos, a heterozigosidade média observada (Ho) foi menor que heterozigosidade média esperada (He), exceto para os locos: CMTm 260 (Ho=0.519 He= 0.500) e CMTp 201 (Ho=0.569; He=0.497). O CMTm 232 apresentou a menor Ho, 0.333, enquanto os maiores valores para Ho e He foram observados para CMTp 201 (Ho =0,569) e CMTm 260 (He=0,563), sendo apontados como efetivos e promissores para detectar polimorfismos em genótipos abóbora.

Tabela 3 Estimativa das frequências alélica e do conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) para cinco locos em *Cucurbita moschata*. Viçosa-MG. 2020

Loco	A1	A2	He	Ho	PIC	PICmax	Het/Homo
CMTm 260	0,509	0,491	0,500	0,519	0,375	0,375	1,077
CMTm 214	0,529	0,471	0,498	0,462	0,374	0,375	0,857
CMTmC 62	0,614	0,386	0,474	0,427	0,362	0,375	0,746
CMTm 232	0,698	0,302	0,422	0,333	0,333	0,375	0,500
CMTp 201	0,539	0,461	0,497	0,569	0,374	0,375	1,318
Média	0,58	0,42	0,478	0,462	0,363		

A1 = alelo A¹; A2 =alelo A²; He = heterozigosidade esperada; Ho = heterozigosidade observada; PIC = conteúdo de informação de polimorfismo; Het/Homo = relação de genótipos heterozigotos por homozigotos.

A frequência de heterozigotos representa a existência de variabilidade, pois a abóbora é diploide e podendo ter até dois alelos por loco (WEIR, 1996), sendo assim, a variabilidade é maior com a maior frequência de heterozigotos.

3.3 Análise de variância molecular

Com base nos cinco marcadores moleculares SSR, distribuídos nos diferentes cromossomos de *C. moschata*, foi realizado o estudo da diversidade dos indivíduos da população segregante F₂, bem como dos genitores.

O padrão de variabilidade genética encontrado indicou que a maior parte da variação molecular (51,95%) ocorre entre os acessos (Tabela 27). No entanto, uma quantidade significativa (48,05%) também foi atribuída a diferenças dentro dos acessos.

A estimativa máxima de svbhj foi de 51,25%. Hartl et al., (1997) consideram que estimativas acima de 0,25 indicam elevada diferenciação genética, ou seja, evidencia um alto nível de diferenciação genética, sendo 48,05% da variabilidade genética está distribuída dentro da população.

Tabela 4 Distribuição da variabilidade genética de *Cucurbita moschata* com base na análise molecular de variância (AMOVA). Viçosa-MG. 2020

FV	GL	SQ	%	ØST
Entre a população	3	30,59	51.95	0.52
Dentro da população	216	68,72	48.05	
Total	219	99,31	100	

FV= fonte de variação; GL = grau de liberdade; SQ = soma de quadrados; % = percentagem; ØST = coeficiente de correlação.

3.4 Dissimilaridade genética entre os genótipos de *Cucurbita moschata*

Neste trabalho foi proposto o uso da técnica gráfica de dendrograma para representar o padrão de similaridade e dissimilaridade entre os indivíduos da população. Foram utilizados para o estudo da dissimilaridade 169 indivíduos F₂, 17 indivíduos F₁, 18 indivíduos P₁ (BGH-7319) e 16 indivíduos P₂ (Piramoita).

A formação de grupos distintos está relacionada a variabilidade genética entre os genótipos, pois os progenitores apresentam diferenças morfológicas. O progenitor BGH-7319 possui ramas longas, as folhas possuem coloração verde clara, e pecíolo curto, produz poucos frutos por planta, entretanto estes frutos apresentam maior massa. O Piramoita possui ramas de comprimento reduzido, entrenós curtos, as folhas tem coloração verde escura, os pecíolos são mais alongados e produzem maior número de frutos por planta.

De maneira geral, a maioria das hibridações artificiais envolve cruzamentos apenas entre dois genitores. A maior limitação dos cruzamentos está na variação genética e no potencial de recombinação que são baixos devido a base genética inicialmente restrita e também devido ao posterior processo de autofecundação, que vai restringindo a recombinação genética na medida que a população tende à homozigose (DESTRO & MONTALVÁN, 1999).

Entretanto, a utilização de marcadores moleculares é uma ferramenta poderosa para discriminar os genótipos, possibilitando a escolha daqueles promissores ao programa de melhoramento com redução do porte da planta. A alta eficiência dos marcadores SSR em estudos de dissimilaridade genética foi observada pela análise do dendrograma, em que foi observada a discriminação dos genótipos.

O dendrograma gerado evidenciou a formação de cinco grupos distintos (Figura 3), no grupo 5 houve a formação de 3 subdivisões. Os genótipos BGH-7319 foram agrupados no grupo 5b e os genótipos Piramoita no grupo 3.

O grupo 1 é formado pelos genótipos F₂: 118, 85 e 71. Estes genótipos, pela caracterização agromorfológica realizada (Tabela 05), foram considerados como rama curta, com entrenós de comprimento reduzido.

O grupo 2 é formado por um único genótipo, o 122, indivíduo F₂, que possui entrenós curtos e caracterizado como rama curta.

Tabela 5 Características fenotípicas dos genótipos F₂, obtidas pelo cruzamento entre plantas de rama longa (BGH-7319) e moita (Piramoita) de *Cucurbita moschata*. Viçosa, MG. 2020.

POP	ID	Hábito	POP	ID	Hábito	POP	ID	Hábito
P1	1	Rama longa	F1	40	Intermediário	F2	79	Rama longa
P1	2	Rama longa	F1	41	Rama longa	F2	80	Intermediário
P1	3	Rama longa	F1	42	Rama longa	F2	81	Rama longa
P1	4	Rama longa	F1	43	Intermediário	F2	82	Rama longa
P1	5	Rama longa	F1	44	Intermediário	F2	83	Rama longa
P1	6	Rama longa	F1	45	Intermediário	F2	84	Intermediário
P1	7	Rama longa	F1	46	Intermediário	F2	85	Rama curta
P1	8	Rama longa	F1	47	Rama longa	F2	86	Intermediário
P1	9	Rama longa	F1	48	Rama curta	F2	87	Rama curta
P1	10	Rama longa	F1	49	Rama curta	F2	88	Intermediário
P1	11	Rama longa	F1	50	Rama curta	F2	89	Intermediário
P1	12	Rama longa	F1	51	Rama curta	F2	90	Intermediário
P1	13	Rama longa	F2	52	Rama longa	F2	91	Intermediário
P1	14	Rama longa	F2	53	Intermediário	F2	92	Intermediário
P1	15	Rama longa	F2	54	Intermediário	F2	93	Intermediário
P1	16	Rama longa	F2	55	Intermediário	F2	94	Intermediário
P1	17	Rama longa	F2	56	Intermediário	F2	95	Rama longa
P1	18	Rama longa	F2	57	Rama longa	F2	96	Intermediário
P2	19	Rama longa	F2	58	Rama longa	F2	97	Intermediário
P2	20	Rama curta	F2	59	Rama curta	F2	98	Rama curta
P2	21	Rama curta	F2	60	Rama longa	F2	99	Rama curta
P2	22	Rama curta	F2	61	Intermediário	F2	100	Rama curta
P2	23	Rama curta	F2	62	Intermediário	F2	101	Rama curta
P2	24	Rama curta	F2	63	Intermediário	F2	102	Rama curta
P2	25	Rama curta	F2	64	Intermediário	F2	103	Rama curta
P2	26	Rama longa	F2	65	Rama longa	F2	104	Rama curta
P2	27	Rama curta	F2	66	Rama longa	F2	105	Rama curta
P2	28	Rama longa	F2	67	Rama longa	F2	106	Rama longa
P2	29	Rama curta	F2	68	Intermediário	F2	107	Rama curta
P2	30	Rama curta	F2	69	Rama longa	F2	108	Rama curta
P2	31	Rama curta	F2	70	Rama longa	F2	109	Rama longa
P2	32	Intermediário	F2	71	Rama curta	F2	110	Intermediário
P2	33	Intermediário	F2	72	Rama longa	F2	111	Intermediário
P2	34	Rama curta	F2	73	Intermediário	F2	112	Rama longa
F1	35	Rama curta	F2	74	Intermediário	F2	113	Rama longa
F1	36	Rama curta	F2	75	Rama curta	F2	114	Intermediário
F1	37	Rama curta	F2	76	Intermediário	F2	115	Intermediário
F1	38	Rama longa	F2	77	Rama longa	F2	116	Intermediário
F1	39	Rama longa	F2	78	Intermediário	F2	117	Intermediário

P1: BGH-7319 (genitor feminino); P2: Piramoita (genitor masculino), F1: híbrido; F2: população segregante.

Tabela 5 Cont.

POP	ID	Hábito	POP	ID	Hábito	POP	ID	Hábito
F2	118	Rama curta	F2	157	Rama curta	F2	196	Rama longa
F2	119	Rama curta	F2	158	Rama curta	F2	197	Rama curta
F2	120	Rama curta	F2	159	Intermediário	F2	198	Rama curta
F2	121	Rama curta	F2	160	Rama curta	F2	199	Rama curta
F2	122	Rama curta	F2	161	Rama curta	F2	200	Rama longa
F2	123	Rama curta	F2	162	Intermediário	F2	201	Rama longa
F2	124	Rama curta	F2	163	Rama curta	F2	202	Rama longa
F2	125	Rama curta	F2	164	Rama curta	F2	203	Rama longa
F2	126	Rama curta	F2	165	Intermediário	F2	204	Rama longa
F2	127	Rama curta	F2	166	Rama curta	F2	205	Rama longa
F2	128	Rama curta	F2	167	Rama curta	F2	206	Rama longa
F2	129	Rama curta	F2	168	Rama longa	F2	207	Rama longa
F2	130	Rama curta	F2	169	Rama curta	F2	208	Intermediário
F2	131	Intermediário	F2	170	Rama curta	F2	209	Rama longa
F2	132	Intermediário	F2	171	Rama curta	F2	210	Rama longa
F2	133	Intermediário	F2	172	Rama curta	F2	211	Rama longa
F2	134	Rama longa	F2	173	Rama curta	F2	212	Intermediário
F2	135	Intermediário	F2	174	Rama curta	F2	213	Rama longa
F2	136	Intermediário	F2	175	Rama curta	F2	214	Rama longa
F2	137	Rama curta	F2	176	Rama curta	F2	215	Rama longa
F2	138	Rama longa	F2	177	Rama curta	F2	216	Rama longa
F2	139	Intermediário	F2	178	Intermediário	F2	217	Rama longa
F2	140	Rama curta	F2	179	Rama curta	F2	218	Rama longa
F2	141	Rama curta	F2	180	Rama curta	F2	219	Rama longa
F2	142	Rama curta	F2	181	Rama longa	F2	220	Rama longa
F2	143	Rama curta	F2	182	Rama curta			
F2	144	Rama curta	F2	183	Rama curta			
F2	145	Intermediário	F2	184	Rama curta			
F2	146	Rama longa	F2	185	Rama curta			
F2	147	Rama curta	F2	186	Rama curta			
F2	148	Rama longa	F2	187	Rama curta			
F2	149	Rama curta	F2	188	Rama curta			
F2	150	Rama curta	F2	189	Rama curta			
F2	151	Intermediário	F2	190	Rama curta			
F2	152	Rama curta	F2	191	Rama curta			
F2	153	Rama curta	F2	192	Intermediário			
F2	154	Rama curta	F2	193	Intermediário			
F2	155	Rama curta	F2	194	Intermediário			
F2	156	Intermediário	F2	195	Rama curta			

P1: BGH-7319 (genitor feminino); P2: Piramoita (genitor masculino), F1: híbrido; F2: população segregante.

O grupo 5 possui três subdivisões (a, b e c). No grupo 5a está alocado os genótipos F₂: 61, 64, 65, 74, 86, 92, 97 e 131. Todos os genótipos possuem ramas intermediárias com exceção do genótipo 65 caracterizado como ramas longas.

No grupo 5b estão alocados todos os genótipos genitor 1, BGH-7319, ainda dez genótipos F₂ 124, 158, 205, 212, 215, 216, 217, 218, 219 e 220. O BGH-7319 possui ramas longas, frutos grandes e em média dois a três frutos por planta, as folhas possuem coloração mais clara e manchas prateadas pelo limbo (prateamento). Os genótipos 124 e 158 se destacam por possuírem ramas curtas, já os demais genótipos possuem ramas intermediárias ou longas.

O grupo 5c é formado pela maioria dos genótipos. Além dos indivíduos F₂, neste grupo ainda está alocado três genótipos do genitor 2, Piramoita. Quarenta e um genótipos possuem ramas curtas e dezesseis, ramas de comprimento intermediário.

A informação sobre a dissimilaridade entre os genótipos possibilita identificar a variabilidade dentro de cada grupo e identificar dentro das populações os indivíduos mais divergentes, direcionando os cruzamentos, de forma que se espera que o cruzamento entre populações mais divergentes resulte em maior ganho genético.

Para o programa de melhoramento de abóbora, cuja o objetivo é a obtenção de genótipos com ramas curtas e potencial para produção de óleo, os cruzamentos mais indicados devem ocorrer entre o Grupo 5b e o Grupo 5c, ainda entre os genótipos do Grupo 5b e Grupo 1. No grupo 5b destacam-se os genótipos 124 e 158, por serem agrupados com o genitor BGH-7319 e possuírem ramas curtas. No Grupo 5c, pode-se selecionar os indivíduos entre quarenta e um genótipos F₂, que tem como característica a emissão de ramas curtas. No grupo 1, podem ser selecionados todos os genótipos, 118, 85 e 71.

A variabilidade genética é uma das características mais importantes num programa de melhoramento, e desta forma a avaliação correta deste parâmetro é uma das premissas para o sucesso de qualquer programa de melhoramento. Com base no dendograma e informações sobre o hábito de crescimento da planta, foi possível selecionar genótipos promissores a redução do comprimento da rama.

4. CONCLUSÃO

Os marcadores SSR testados foram eficientes em separar os genótipos de *Cucurbita moschata* em grupos distintos, possibilitando selecionar indivíduos promissores no programa de melhoramento de abóbora para redução do porte da planta.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADONINA, I. G.; SALINA, E. A.; PESTSOVA, E.G.; RÖDER, M.S. Transferability of wheat microsatellites to diploid *Aegilops* species and determination of chromosomal localizations of microsatellites in the S genome. **Genome** 48: 959-970. 2005.
- CARDOSO, A. I. I. Seleção recorrente para produtividade e qualidade de frutos em abobrinha braquiútica. **Horticultura Brasileira** 25: 143-148. 2007
- CAVALLI, S.S. Polimorfismos moleculares. In: **Genética e evolução vegetal**. Porto Alegre: UFRGS, 311-332. 2003
- CHOI, H. K.; KIM, D.; UHM, T.; LIMPENS, E.; LIM, H.; MUN, J. H.; et al.. A sequence-based genetic map of *Medicago truncatula* and comparison of marker colinearity with *M. sativa*. **Genetics** 166: 1463-1502. 2004.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Divergência genética. In: CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa. 1994. p. 287-323.
- DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. Seleção recorrente em plantas autógamas. In: DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. Melhoramento genético de plantas. Londrina: UEL, 1999, p. 271-281.
- DINIZ LEC, SAKIYAMA NS, LASHERMES P, ET AL (2005) Analysis of AFLP markers associated to the Mex-1 resistance locus in Icatu progenies. **Cropp Breeding and Applied Biotechnology** 5:387–393. doi: 10.12702/1984-7033.v05n04a03
- FERRÃO, L. F. V., CAIXETA ET, PENA G, ET AL (2015) New EST–SSR markers of *Coffea arabica*: transferability and application to studies of molecular characterization and genetic mapping. **Molecular Breeding** 35:31. doi: 10.1007/s11032-015-0247-z
- GONZÁLEZ-MARTÍNEZ SC; ROBLEDOARNUNCIO JJ; COLLADA C; DIAZ A; WILLIAMS, C.G.; ALÍA, R.; CERVERA, M.T. Cross-amplification and sequence variation of microsatellite loci in Eurasian hard pines. **Theoretical and Applied Genetics** 109: 103-111. 2004.

HARTL, D. L.; CLARK, A. G. **Principles Population Genetics**. Sinauer Associates. 481p. 3rd. 1997.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). 2012. Produção Agrícola Municipal. Disponível em <www.sidra.ibge.gov.br.> Acesso em 16 jun. 2014.

KUMAR, S.; STECHER, G.; LI, M.; KNYAZ, C.; TAMURA, K. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. **Mol Biol Evol**. 1;35(6):1547-1549. doi: 10.1093/molbev/msy096. PMID: 29722887; PMCID: PMC5967553. Jun 2018.

PARIS, H.S.; EDELSTEIN, M. Same Gene for Bush Growth Habit in *Cucurbita pepo* ssp. *pepo* as in *C. pepo* ssp. *ovifera*. **Cucurbit Genetics Cooperative Report**. v.24, p. 80-81, 2001.

PRIORI, D.; BARBIERI, R. L.; CASTRO, C. M.; OLIVEIRA, A. C.; VILELLA, J. C.B.; MISTURA, C.C. Caracterização molecular de variedades crioulas de abóboras com marcadores microssatélites. **Horticultura Brasileira**, 30(3), 499-506. 2012.

RALLO, P.; TENZER, I.; GESSLER, C.; BALDONI, L.; DORADO, G.; MARTIN, A. Transferability of olive microsatellite loci across the genus *Olea*. **Theoretical and Applied Genetics** 107: 940-946. 2003.

RITSCHER, P. S.; LINS, T. C.; TRISTAN, R. L.; BUSO, G. S.; BUSO, J. A.; FERREIRA, M. E. Development of microsatellite markers from an enriched genomic library for genetic analysis of melon (*Cucumis melo* L.). **BMC Plant Biology** 18: 4-9. 2004.

ROBINSON, R.W.; MUNGGERM, H.M., WHITAKER, T.W., BOHN, G.W. Genes of the Cucurbitaceae. **HortScience**, v.11, p.554–568, 1976.

SALLA, M. F. S.; RUAS, C. F.; RUAS, P. M.; CARPENTIERI-PÍPOLO, V. Uso dos marcadores moleculares na análise da variabilidade genética em acerola (*Malpighia emarginata* D. C.). **Revista Brasileira de Fruticultura**, 24:15-22. 2002.

SHIFRISS, O. Developmental reversal of dominance in *Cucurbita pepo*. **Proceedings of the American Society for Horticultural Science**, v.50, p.330–346, 1947.

SOBREIRA, F. M. Divergência genética entre acessos de abóbora para estabelecimento de coleção nuclear e pré melhoramento para óleo funcional. 88p. Tese de doutorado. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG. 2013.

STEVENSON, D. G.; ELLER, F. J.; WANG, L.; JANE, J. L.; WANG, T.; INGLETT, G. E. Oil and tocopherol content and composition of pumpkin seed oil in 12 cultivars. **J. Agric. Food Chem.** 55, 4005-4013. 2007.

VARSHNEY, R. K.; THIEL, T.; SRETENOVIC-RAJICIC, T.; BAUM, M.; VALKOUN, J.; GUO, P.; GRANDO, S.; CECCARELLI, S.; GRANER, A. Identification and validation of a core set of informative genic SSR and SNP markers for assaying functional diversity in barley, **Molecular Breeding**. Vol. 22, pag. 1–13. 2009.

WEIR, B. S. **Genetic data analysis II**. Sunderland: Sinauer Associates. 376p. 1996