

**CLEVERSON FREITAS DE ALMEIDA**

**HERANÇA DE CARACTERES RELACIONADOS À PRODUTIVIDADE E PERFIL  
DE ÁCIDOS GRAXOS DO ÓLEO DE SEMENTES DE ABÓBORA E SELEÇÃO DE  
PLANTAS COMPACTAS E COM MAIOR PRODUTIVIDADE DE ÓLEO  
FUNCIONAL**

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

Orientador: Derly José Henriques da Silva

**VIÇOSA - MINAS GERAIS  
2021**

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

T

A447h  
2021

Almeida, Cleverson Freitas de, 1989-  
Herança de caracteres relacionados à produtividade e perfil  
de ácidos graxos do óleo de sementes de abóbora e seleção de  
plantas compactas e com maior produtividade de óleo funcional /  
Cleverson Freitas de Almeida. – Viçosa, MG, 2021.  
1 tese eletrônica (66 f.): il.

Orientador: Derly José Henriques da Silva.  
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,  
Departamento de Fitotecnia, 2021.

Inclui bibliografia.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2021.237>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. *Cucurbita moschata* - Melhoramento genético.  
2. FAI-BLUP. 3. Morfometria. I. Silva, Derly José Henriques da,  
1961-. II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de  
Fitotecnia. Programa de Pós-Graduação em Genética e  
Melhoramento. III. Título.

CDD 22. ed. 635.622

Bibliotecário(a) responsável: Alice Regina Pinto CRB6 2523

**CLEVERSON FREITAS DE ALMEIDA**

**HERANÇA DE CARACTERES RELACIONADOS À PRODUTIVIDADE E PERFIL  
DE ÁCIDOS GRAXOS DO ÓLEO DE SEMENTES DE ABÓBORA E SELEÇÃO DE  
PLANTAS COMPACTAS E COM MAIOR PRODUTIVIDADE DE ÓLEO  
FUNCIONAL**

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

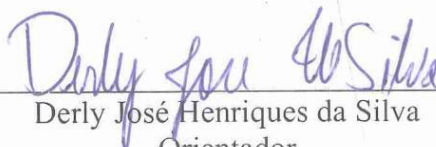
APROVADA: 8 de outubro de 2021.

Assentimento:



---

Cleverson Freitas de Almeida  
Autor



---

Derly José Henriques da Silva  
Orientador

## AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, por me conceder saúde e condições de enfrentar todos os desafios durante esta caminhada.

À minha família por todo o suporte, exemplos de vida e perseverança, que sempre me nortearam na concretização deste sonho.

À Lorena por toda a motivação e apoio incondicional, que foram indispensáveis para a conclusão deste trabalho.

Ao meu orientador Derly José Henriques da Silva por todas as ideias, ensinamentos, colaboração e amizade.

Aos abobreiros Ronaldo (Carabina) e Ronaldo (Maranhão), Rebeca e Renata por toda a ajuda na condução dos experimentos, juntamente com os funcionários da Horta Velha, que foram de extrema importância para execução dos trabalhos de campo.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento por toda a infraestrutura e excelentes disciplinas que me propiciaram uma base sólida na agronomia e na genética e melhoramento de plantas.

Ao grupo de estudos do programa (GENMELHOR) que me proporcionou aprimorar habilidades pessoais, tais como organização, liderança e trabalho em equipe.

À FAPEMIG pela concessão de bolsa de estudos.

A todos que, de alguma forma, contribuíram para a realização deste trabalho.

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

Muito obrigado!

## **BIOGRAFIA**

CLEVERSON FREITAS DE ALMEIDA, filho de Pedro Paiva de Almeida e Marlene de Souza Freitas de Almeida, nasceu em 23 de setembro de 1989, em São Paulo, São Paulo, Brasil.

Em março de 2009, ingressou no curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa em Viçosa-MG, Brasil, colando grau em março de 2014.

Em agosto 2015, iniciou o curso de Mestrado no Programa de Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa-MG, Brasil, onde em julho de 2017 obteve o título de Mestre em Genética e Melhoramento.

Em agosto 2017, iniciou o curso de Doutorado no Programa de Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa-MG, Brasil, submetendo-se à defesa da tese em outubro de 2021.

## RESUMO

ALMEIDA, Cleverton Freitas, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, outubro de 2021. **Herança de caracteres relacionados à produtividade e perfil de ácidos graxos do óleo de sementes de abóbora e seleção de plantas compactas e com maior produtividade de óleo funcional.** Orientador: Derly José Henriques da Silva.

Diante do aumento da demanda interna de óleos vegetais e a busca do aproveitamento de resíduos produzidos na agricultura, o uso do óleo de sementes de abóbora se mostra extremamente promissor. Uma forma de aumentar sua produtividade é mediante o aumento do número de plantas por área o que pode ser obtido via redução do porte da planta. Para possibilitar altos ganhos via melhoramento genético para produtividade de óleo, assim como, perfil de ácidos graxos é imprescindível o conhecimento da natureza e magnitude da variação genética na população, o que pode ser feito via análise de gerações. Além disso, como são necessários ganhos genéticos para vários caracteres simultaneamente é necessário o uso de índices de seleção. Portanto, o objetivo deste trabalho foi determinar a herança de caracteres relacionados à produtividade e perfil de ácidos graxos do óleo de sementes da abóbora e estimar as relações genéticas entre esses caracteres, assim como, selecionar genótipos de abóbora com crescimento compactos, precoces e com maior produtividade de óleo funcional de sementes. Para isso primeiramente foram utilizadas seis gerações derivadas do cruzamento envolvendo genitores contrastantes para esses caracteres. Os genitores utilizados foram o BGH 7319 e o cultivar Tronco Verde, e a partir do cruzamento desses dois genitores foram obtidas as plantas  $F_1$ , as quais foram autofecundadas para obtenção da geração  $F_2$  e também retrocruzadas com os genitores  $P_1$  e  $P_2$  para obtenção das gerações  $RC_1$  e  $RC_2$ , respectivamente. Para realizar a seleção, foram avaliadas 76 famílias de meios irmãos obtidas de cada planta  $RC_1$  avaliada, sendo cada família constituída por cinco plantas, totalizando 380 indivíduos. Foi utilizado o delineamento experimental de blocos aumentados (DBA), com 10 repetições para os tratamentos comuns. Os valores genéticos individuais e de famílias foram estimados a partir do procedimento da máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada (REML/BLUP). Foram estimadas a acurácia e herdabilidades para famílias e indivíduos, e a seleção dos melhores genótipos foi realizada com o auxílio do índice FAI-BLUP (Factor Analysis and Ideotype-Design), comparando-se três estratégias de seleção, a saber: seleção de 20% das melhores famílias (1), seleção entre e dentro simultaneamente (2), seleção individual, independente de famílias (seleção massal) (3). Em geral, a análise de gerações demonstrou que

os efeitos aditivos foram predominantes para a maioria dos caracteres, sendo que para teor de óleo constatou-se sobredominância. Quanto à seleção dos melhores genótipos, foram obtidos os maiores ganhos de seleção preditos com a estratégia de seleção individual, com ganhos preditos para produtividade de sementes em torno de 35% e de redução do comprimento do entrenó de 15% em média, sendo considerada a melhor estratégia. Os ganhos preditos para perfil de ácidos graxos e teor de óleo foram próximos a zero independente da estratégia utilizada. O índice FAI-BLUP viabilizou a seleção de genótipos de abóbora com crescimento compacto, precoces e com maior produtividade de óleo funcional de sementes que poderão ser utilizados em um programa de seleção recorrente intrapopulacional.

**Palavras-chave:** *Cucurbita moschata*. FAI-BLUP. Porte.

## ABSTRACT

ALMEIDA, Cleverson Freitas, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, October, 2021. **Inheritance of traits related to productivity and fatty acid profile of winter squash seed oil and selection of compact plants with higher functional oil productivity.** Advisor: Derly José Henriques da Silva.

Given the increase in domestic demand for vegetable oils and the search for the use of waste produced in agriculture, the use of winter squash seed oil is extremely promising. One way to increase its productivity is by increasing the number of plants per area, which can be obtained through the development of more compact plants. To enable high gains via genetic plant breeding for oil productivity, as well as the fatty acid profile, it is essential to know the nature and magnitude of genetic variation in the population, which can be done via generational analysis. Furthermore, as genetic gains are needed for several traits simultaneously, it is necessary to use selection indices. Therefore, the objective of this work was to determine the inheritance of traits related to the yield and fatty acid profile of winter squash seed oil and to estimate the genetic relationships between these traits, as well, select winter squash genotypes with compact growth, earlier-flowering and with higher productivity of functional seed oil. For this, firstly, six generations derived from crosses involving contrasting parents for the traits under study. The parents used were BGH 7319 and the cultivar Tronco Verde, F<sub>1</sub> plants were obtained from the crossing of these two parents, which were then self-fertilized to obtain the F<sub>2</sub> generation; F<sub>1</sub> plants were also backcrossed with the P<sub>1</sub> and P<sub>2</sub> parents to obtain the RC<sub>1</sub> and RC<sub>2</sub> generations, respectively. To carry out the selection, 76 half-sib families obtained from each RC<sub>1</sub> plant were evaluated, five plants per family being evaluated, totaling 380 individuals. The experimental design of augmented blocks (DAB) was used, with 10 repetitions for the common treatments. The individual and family breeding values were estimated using the restricted maximum likelihood/best unbiased linear prediction procedure (REML/BLUP), and after the best genotypes were selected through the FAI-BLUP selection index, comparing three selection strategies, namely: selection of 20% of the best families (1), selection between and within families simultaneously (2), and individual selection, independent of families (mass selection) (3). In general, additive effects were predominant for most of the traits, with an overdominance for oil content. Regarding the selection of the best genotypes greater selection gains were obtained with the individual selection strategy, with predicted gains of 15% in internode length reduction, and a seed productivity gain around 35%, with individual selection

being considered the best selection strategy. The predicted gains for the fatty acid profile and oil content were close to zero, regardless of the selection strategy. The FAI-BLUP index enabled the selection of winter squash genotypes with compact growth, earlier-flowering and with higher productivity of functional seed oil that could be used in recurrent intrapopulation selection program.

**Keywords:** *Cucurbita moschata*. FAI-BLUP. Plant size.

## SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL .....	11
REFERÊNCIAS .....	14
<b>ARTIGO 1- Herança de caracteres relacionados à produtividade e perfil de ácidos graxos do óleo de sementes de abóbora .....</b>	<b>17</b>
RESUMO .....	17
ABSTRACT .....	18
1. INTRODUÇÃO .....	19
2. MATERIAL E MÉTODOS .....	21
2.1 Obtenção das gerações .....	21
2.2 Instalação e condução do experimento .....	21
2.3 Determinação do teor total de óleo .....	22
2.4 Perfil de ácidos graxos .....	23
2.5 Análises genético-estatísticas.....	24
3. RESULTADOS .....	26
3.1 Médias das gerações .....	27
3.2 Componentes genéticos das médias.....	29
3.3 Componentes genéticos de variâncias e herdabilidades .....	31
3.4 Correlações genéticas .....	32
4. DISCUSSÃO .....	33
5. CONCLUSÕES .....	37
6. REFERÊNCIAS .....	38
<b>ARTIGO 2 Seleção multicaracterística de genótipos compactos e com maior produtividade de óleo funcional de sementes de abóbora .....</b>	<b>42</b>
RESUMO .....	42
ABSTRACT .....	43
1. INTRODUÇÃO .....	44
2 MATERIAL E MÉTODOS .....	46
2.1 Obtenção dos genótipos e condução do experimento .....	46
2.3 Características avaliadas .....	48
2.4 Análises estatísticas .....	49
2.4.1 Modelo estatístico .....	49
2.4.2 Acurácia de famílias e indivíduos.....	49
2.4.3 Herdabilidade de famílias e individual .....	50
2.5 Índice de seleção FAI-BLUP .....	50
2.6 Ganhos genotípicos preditos via diferentes estratégias de seleção.....	51
2.6.1 Seleção entre famílias (1).....	51
2.6.2 Seleção entre e dentro (2) .....	51
2.6.3 Seleção individual (Seleção massal) .....	52
2.7 Softwares estatísticos .....	52
3 RESULTADOS .....	52
3.1 Teste da razão de verossimilhança (LRT) .....	52
3.2 Acurácia e herdabilidade.....	53
3.3 Índice de seleção FAI-BLUP .....	54
3.1.1 Cargas fatoriais visando seleção das melhores famílias .....	55
3.1.2 Cargas fatoriais visando seleção dos melhores indivíduos .....	56
3.4 Ganho genotípico predito via diferentes estratégias de seleção .....	57

4	DISCUSSÃO .....	59
5	CONCLUSÕES .....	61
6	REFERÊNCIAS .....	61
	CONSIDERAÇÕES FINAIS .....	66

## INTRODUÇÃO GERAL

A abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) é uma cultura amplamente consumida e produzida em várias regiões do país, além disso, possui várias possibilidades de consumo, desde suas partes vegetativas, polpa dos frutos até as suas sementes (JACOBO-VALENZUELA et al., 2011). No entanto, no processamento dos seus frutos na indústria ainda é descartado cerca de 30% de partes como a casca e sementes, as quais poderiam ser aproveitadas (PUMAR et al., 2005). As sementes são importantes fontes de óleos com relevâncias quanto aos aspectos nutricional, industrial e farmacêuticos. Associado a isso, o teor de óleo das sementes de *C. moschata* é elevado podendo representar até 49% de sua composição (PATEL, 2013).

Além disso, o perfil lipídico deste óleo é constituído por cerca de 70% de ácidos graxos insaturados, com preponderância de ácidos graxos como linoleico C18:2 ( $\Delta^{9,12}$ ), e oleico C18:1 ( $\Delta^9$ ) (GOMES et al., 2021), o que proporciona baixa produção de radicais livres à dieta, além de conferir elevada estabilidade ao óleo durante o seu armazenamento (JAKAB et al., 2003). O óleo das sementes de *C. moschata* também é rico em componentes bioativos, tais como a vitamina E, carotenoides, e tocoferóis, os quais protegem o óleo da oxidação e constituem componentes de importante atividade antioxidante (VERONEZI et al., 2015). No entanto, mesmo apresentando todos esses benefícios relacionados ao seu consumo, ainda assim, é pouco consumido pela grande maioria da população brasileira.

No Brasil, o azeite mais consumido é o de oliva que é na maior parte importado, uma vez que a produção nacional não atende à demanda do mercado interno. Em 2019, o país importou 98% do seu consumo interno de azeites, colocando-o na posição de quarto maior importador do mundo, sendo que esse consumo tem aumentado em média cerca de 18% nos últimos anos (INTERNATIONAL OLIVE OIL COUNCIL, 2020).

Diante disso, o uso do óleo de sementes de abóbora configura alternativa promissora ao atendimento à demanda por azeites com elevada qualidade nutricional, além de proporcionar renda extra aos produtores envolvidos com o seu cultivo.

A viabilidade econômica da produção de óleo de sementes de abóbora depende do aumento da produtividade de sementes, assim como, do seu teor de óleo, o que é um desafio, porque além de serem características ainda pouco exploradas nesta cultura, a população de plantas de *C. moschata* costuma ser reduzida em comparação as demais, o que compromete a produtividades dessas características. Isso está atrelado ao fato de que suas plantas ocupam grandes áreas em decorrência de seus caules rastejantes e hábito de crescimento indeterminado,

emitindo ramos a grandes distâncias, o que impossibilita maior adensamentos (PUIATTI & SILVA, 2005; NICK & BOREM, 2017).

Diante disto, o incremento na produtividade de sementes e óleo, desta olerícola depende de estratégias que possam assegurar o aumento do número de plantas por área, o que pode ser obtido com o desenvolvimento de genótipos compactos via melhoramento genético.

Plantas compactas ocupam menor área que segundo Maynard et al., (2002) possuem hábito de crescimento “do tipo moita”, permitindo a obtenção de maior população por área, comparadas àquelas de ramos longas. De acordo com Wu et al. (2007), este hábito é considerado monogênico e codificado pelo gene Bu que possui dominância completa, entretanto, segundo outros autores essa dominância ocorre apenas durante a fase inicial e na fase reprodutiva atua como recessivo, devido ao fenômeno de reversão de dominância (PARIS e EDELSTEIN, 2001). Conseqüentemente a transferência desses alelos para genótipos promissores quanto a produtividade de óleo, viabiliza o aumento do número de plantas por área, proporcionando maior produtividade de semente e de óleo.

Para possibilitar altos ganhos via melhoramento genético para produtividade de óleo é imprescindível o conhecimento da natureza e magnitude da variação genética na população para os caracteres associados a esta variável, tal como, teor de óleo e produtividade de sementes (PANDEY et al, 2010), assim como, para perfil de ácidos graxos, que está intimamente relacionado a estabilidade oxidativa (FEHR et al, 2007), sendo que o ácido oleico comparado aos demais ácidos graxos insaturados possui a maior estabilidade oxidativa por apresentar apenas uma insaturação (GREINER, 1990), conseqüentemente, em programas que visam à melhoria da qualidade do óleo, busca-se aumento da fração de ácido oleico em detrimento aos demais ácidos graxos.

Uma forma de conhecer a natureza e magnitude da variação genética é através do estudo da herança, no qual irá permitir determinar as estratégias do programa de melhoramento genético, assim como, o critério e a intensidade da seleção e o método de condução da população segregante (RAMALHO et al., 2012).

Este estudo pode ser feito pelo método de análise de geração que tem sido amplamente utilizado, sendo relatado para diversas culturas, tais como, trigo (SAID, 2014), amendoim (WILSON et al., 2013), soja (UZOKWE et al., 2017), tomate (COPATI et al., 2019), milho (ALMEIDA et al., 2018) e abóbora (ALMEIDA et al., 2020), entre outros.

Um programa de melhoramento visando o desenvolvimento de genótipos compactos e com a alta produtividade de óleo funcional leva em consideração várias características. Para que haja ganhos para todas simultaneamente é necessário o uso de índices de seleção os quais

poder ser otimizados a partir do uso de médias genótípicas individuais, que representam uma medida do valor genético aditivo que constituirá a próxima geração (OLIVEIRA et al., 2021). Os valores genéticos individuais podem ser estimados via modelos mistos, por meio da predição dos valores genóticos pelo método BLUP (Best Linear Unbiased Prediction - Melhor Predição Linear Não-Viesada) (RESENDE, 2009).

Na literatura são encontrados vários índices de seleção possíveis, tais como, índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice com base na soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock (1978), dentre outros. Recentemente foi proposto por Rocha et al. (2018) o índice de seleção FAI-BLUP (Factor Analysis and Ideotype-Design) que considera as correlações genéticas entre as características de interesse e o ideótipo. Este índice possui algumas vantagens em relação àqueles tradicionalmente utilizados, destacando a possibilidade de uso em dados desbalanceados, ausência da necessidade da atribuição de pesos as diferentes características e não apresenta problemas de multicolinearidade, tendo sido obtidos ótimos desempenhos em diversas pesquisas (OLIVEIRA et al., 2021; ALMEIDA et al., 2021; ROCHA et al., 2019; WOYANN et al., 2019).

Neste sentido, o índice de seleção FAI-BLUP poderá direcionar o melhorista na seleção de genótipos mais próximos ao ideótipo (ROCHA et al., 2018). Conforme Woyann et al., (2019) um ideótipo pode ser definido com um conjunto de características desejáveis. No caso específico da produtividade de óleo e porte, pode-se considerar que os componentes de produção de óleo, tais como, massa de sementes por fruto, número de frutos por planta, teor de óleo, assim como perfil de ácidos graxos e o comprimento do entrenó sendo como os principais.

Portanto, considerando a escassez de pesquisas sobre o tema, o objetivo desta tese foi determinar a herança de caracteres associados à produtividade e perfil de ácidos graxos do óleo de sementes de abóbora por meio da análise de gerações e estimar as relações genéticas entre esses caracteres, além disso, selecionar genótipos de abóbora compactos, precoces e com maior produtividade de óleo funcional de sementes através do índice de seleção FAI-BLUP, comparando-se diferentes estratégias de seleção.

## REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, G.Q., DE CARVALHO, J.R.A.S., PESSOA, H.P., ALVES, F.M., CHAVES, L.J. Selection of *Hancornia speciosa* germplasm accessions based on the FAI-BLUP index. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.51, p.1-8, 2021.
- ALMEIDA, C.F., GOMES, R.S., MACHADO JUNIOR, R., OLIVEIRA, R.L., LAURINDO, R. D. F., CHAGAS, R. R., SILVA, D. J. H. Genetic control of internode length in winter squash (*Cucurbita moschata*). **Genetics and molecular research**, v.19, p.1-15, 2020.
- ALMEIDA, V.C., VIANA, J.M.S., RISSO, L.A., RIBEIRO C., DELIMA, R.O. Generation mean analysis for nitrogen and phosphorus uptake, utilization, and translocation indexes at vegetative stage in tropical popcorn. **Euphytica**, v.214, p.1-12, 2018.
- COPATI, M.G.F., ALVES, F.M., DARIVA, F.D., PESSOA, H.P., DIAS, F.O., CARNEIRO, P.C.S., DA SILVA, D.J.H., NICK, C. Resistance of the wild tomato *Solanum habrochaites* to *Phytophthora infestans* is governed by a major gene and polygenes. **Anais da academia brasileira de ciências**, v.91, p.1-8, 2019.
- FEHR, W.R. Breeding for modified fatty acid composition in soybean. **Crop Science**, v.47, p.72-87, 2007.
- GOMES, R.S., JÚNIOR, R.M., DE ALMEIDA, C.F., DE OLIVEIRA, R.L., CHAGAS, R.R., PEREIRA, E.D., DA SILVA, D.J.H. Identification of high seed oil yield and high oleic acid content in brazilian germplasm of winter squash (*Cucurbita moschata* D.). **bioRxiv**, 2021.
- GREINER, C.A. Economic implications of modified soybean traits. **Special report**, v.92, p.1-100, 1990.
- HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Austin, v.28, p.476-490, 1943.
- INTERNATIONAL OLIVE OIL COUNCIL. Brasil: Olive oil imports. 2020. Disponível em: <http://www.internationaloliveoil.org/>. Acesso em: 4 de março de 2021.
- JACOBO-VALENZUELA, N., DE JESUS ZAZUETA-MORALES, J., GALLEGOS-INFANTE, J.A., AGUILAR-GUTIERREZ, F., CAMACHO-HERNANDEZ, I.L., ROCHA-GUZMAN, N.E., GONZALEZ-LAREDO, R.F. Chemical and physicochemical characterization of winter squash (*Cucurbita moschata* D.). **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici**, Cluj-Napoca, Cluj-Napoca, v.39, p.34-40, 2011.
- JAKAB, A., JABLONKAI, I., FORGACS, E. Quantification of the ratio of positional isomer dilinoleoyl-oleoyl glycerols in vegetable oils. **Rapid Commun. Mass Spectrom.**, v.17, p.2295-2302, 2003.

LAURINDO, R.D.F. **Controle do porte e dissimilaridade genética em abóbora com potencial oleaginoso. 108p.** Tese de doutorado. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG. 2020.

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.

MULAMBA, N.N., MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v.7, p.40-51, 1978.

NICK, C., BORÉM, A. **Abóboras e Morangas do plantio à colheita.** 1. Ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 203p, 2017.

OLIVEIRA, R.L., GOMES, R.S., ALMEIDA, C.F., MACHADO JUNIOR, R., ROCHA, J.R.A.S.C., SILVA, D.J.H., CARNEIRO, P.C.S. Multi-trait Selection of Pumpkin Genotypes Aimed at Reducing the Growth Habit and Improving Seed Production. **Crop Science**, v.61, p.1620-1629, 2021.

PANDEY, S., JHA A., KUMAR, S., RAI, M. Genetics and heterosis of quality and yield of pumpkin. **Indian Journal Horticulture**, v.67, p.333-338, 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.

PATEL, S. Pumpkin (*Cucurbita* sp.) seeds as nutraceutical: A review on status quo and scopes. **Mediterranean Journal of Nutrition and Metabolism**, v.4, p.51-62, 2013.

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

PUMAR, M.; SAMPAIO, C.R.P.; FREITAS, M.C.J. Estudo comparativo das abóboras baiana (*Cucurbita moschata*) e moranga (*Cucurbita maxima*): frações e composição química das farinhas de semente. In **Anais do Simpósio Latino Americano de Ciência de Alimentos**, Campinas: Universidade Estadual de Campinas, 2005.

RAMALHO, M.A.P., SANTOS, J.B., PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária.** Lavras: UFLA. p.472, 2012.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes.** Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975p, 2009.

ROCHA, J.R.D.A.S.D.C., NUNES, K. V., CARNEIRO, A. L. N., MARÇAL, T. D. S., SALVADOR, F. V., CARNEIRO, P. C. S., & CARNEIRO, J. E. S. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v.111, p.1181-1189, 2019.

ROCHA, J.R.A.S.C.; MACHADO, J.C.; CARNEIRO, P.C.S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **Global Change Biology Bioenergy**, v. 10, p. 52-60, 2018.

SAID, A. A. Generation mean analysis in wheat (*Triticum aestivum* L.) under drought stress conditions. **Annals of Agricultural Sciences**, v.59, p.177-184, 2014.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, London, v.7, p.240-250, 1936.

UZOKWE, V.N.E., ADJEI, B.A.S., AWOLE, I.F., ABAIDOO, R., ODEH, I.O.A., OJO, D.K., ASHIELL, K.D., ANGINGA, N.S. Generation mean analysis of phosphorus-use efficiency in freely nodulating soybean crosses grown in low-phosphorus soil. **Plant Breeding**, v.136, p.139-146, 2017.

VERONEZI, C.M., JORGE, N. Chemical characterization of the lipid fractions of pumpkin seeds. **Nutricion & Food Science**. v.45, p.164-173, 2015.

WILSON, J.N., BARING, M.R., BUROW, M.D., ROONEY, W.L., SIMPSON, C.E. Generation Means Analysis of Oil Concentration in Peanut, **Journal of Crop Improvement**, v.27, p.85-95, 2013.

WOYANN, L.G., MEIRA, D., ZDZIARSKI, A.D., MATEI, G., MILIOLI, A.S., ROSA, A.C., BENIN, G. Multiple-trait selection of soybean for biodiesel production in Brazil. **Industrial Crops and Products**, v.140, p.111721, 2019.

WU, T.; ZHOU, J.; ZHANG, Y.; CAO, J. Characterization and inheritance of a bush-type in tropical pumpkin (*Cucurbita moschata* Duchesne). **Scientia Horticulturae**, 2007.

## **ARTIGO 1- Herança de caracteres relacionados à produtividade e perfil de ácidos graxos do óleo de sementes de abóbora**

### **RESUMO**

O objetivo deste trabalho foi determinar a herança de caracteres relacionados à produtividade e perfil de ácidos graxos do óleo de sementes da abóbora e estimar as relações genéticas entre esses caracteres. Foram usadas seis gerações derivadas do cruzamento envolvendo genitores contrastantes para esses caracteres. Os genitores utilizados foram o BGH 7319 e o cultivar Tronco Verde, e a partir do cruzamento desses dois genitores foram obtidas as plantas  $F_1$ , as quais foram autofecundadas para obtenção da geração  $F_2$  e também retrocruzadas com os genitores  $P_1$  e  $P_2$  para obtenção das gerações  $RC_1$  e  $RC_2$ , respectivamente. Em geral, os efeitos aditivos foram predominantes para a maioria dos caracteres, e com isto o desenvolvimento de linhagens é a estratégia mais recomendada para o melhoramento genético destas. Mesmo com menor expressão, os efeitos de dominância também foram significativos, demonstrando que a realização de teste de progênie ao longo das gerações de autofecundação possibilitará a distinção entre os genótipos, proporcionando assim maior eficiência na seleção e consequentemente maiores ganhos genéticos. Além disso, constatou-se sobredominância para teor de óleo, logo o desenvolvimento de híbridos visando o desenvolvimento de genótipos com maior teor de óleo é viável. As estimativas de correlações genéticas foram em geral de alta magnitude e o sentido favorável ao aumento na produtividade de óleo funcional, associada a melhor qualidade de perfil de ácidos graxos em abóbora. A seleção recorrente intrapopulacional visando o desenvolvimento de variedade de polinização aberta com maior produtividade, associada a maior estabilidade do óleo funcional em abóbora poderá ser útil.

**Palavras chaves:** Óleo funcional. Controle genético. *Cucurbita moschata* Duchesne. Análise de média de gerações.

## **ARTIGO 1- Inheritance of traits related to productivity and fatty acid profile of winter squash seed oil**

### **ABSTRACT**

The objective of this work was to determine the inheritance of traits related to the yield and fatty acid profile of winter squash seed oil and to estimate the genetic relationships between these traits. This work comprised the assessment of six generations derived from crosses involving contrasting parents for the traits under study. The parents used were BGH 7319 and the cultivar Tronco Verde, F<sub>1</sub> plants were obtained from the crossing of these two parents, which were then self-fertilized to obtain the F<sub>2</sub> generation; F<sub>1</sub> plants were also backcrossed with the P<sub>1</sub> and P<sub>2</sub> parents to obtain the RC<sub>1</sub> and RC<sub>2</sub> generations, respectively. In general, additive effects were predominant for most of the traits, and thus the development of inbred lines is the most recommended strategy for genetic improvement of these traits. Even with lower expression, the dominance effects were significant. This demonstrates that the performance of progeny test throughout the selfing generations will enable the distinction between genotypes, thus providing greater efficiency in selection and consequently greater genetic gains. In addition, there was an overdominance for oil content; therefore, the development of hybrids aiming at the development of genotypes with higher oil content is viable. In general, the estimates of genetic correlations were of high magnitude and favorable to the increase in functional oil productivity, associated with better quality of fatty acid profile. Recurrent intrapopulation selection aiming at the development of open pollinated variety with higher productivity, associated with greater stability of the functional oil in winter squash may be useful.

**Keywords:** *Cucurbita moschata* D., genetic control, generation average analysis, functional oil.

## 1. INTRODUÇÃO

O consumo de óleos vegetais para temperos de salada tem aumentado significativamente nos últimos anos, tanto no Brasil, quanto no mundo. Dentre os óleos para essa finalidade, destaca-se o azeite de oliva que é o mais consumido, devido principalmente ao seu gosto, aroma e seus benefícios à saúde associados ao seu consumo (MELLO & PINHEIRO 2012). No entanto, em termos de abastecimento o Brasil é dependente de importações para atender a demanda do mercado interno. Em 2019 foram importadas cerca 86 mil toneladas de azeite de oliva, o que representou 98% do consumo interno de azeites do Brasil, fazendo do país o quarto maior importador do mundo, sendo que esse consumo tem aumentado em média cerca de 18% nos últimos anos (INTERNATIONAL OLIVE OIL COUNCIL, 2020).

Diante desse consumo e dependência das importações, demonstra-se grande necessidade de fontes alternativas de óleos com essa finalidade, para suprir essa demanda cada dia mais crescente. Dentre as alternativas promissoras, destaca-se a abóbora (*Cucurbita moschata* Duch) que possui elevado potencial do uso do óleo de suas sementes para fins alimentares, uma vez que a fração lipídica das sementes desta espécie chega a representar até 49% de sua composição (PATEL, 2013). Além disso, este óleo possui excelente perfil de ácidos graxos, o que está intimamente relacionado a elevada qualidade nutricional, já que seu perfil é constituído por cerca de 70% de ácidos graxos insaturados e elevado teor de ácidos graxos monoinsaturados (JARRET et al., 2013).

Este óleo também é rico em componentes bioativos como a vitamina E, carotenoides, e tocoferóis, os quais o protegem da oxidação e constituem componentes de importante atividade antioxidante (VERONEZI et al., 2015). Seu consumo está associado a vários efeitos benéficos a saúde, que o eleva a classe de óleos funcionais, destacando-se a prevenção de algumas doenças, tais como, inibição da progressão de problemas relacionados à hipertensão e artrites, inibição da hiperplasia da próstata induzida por testosterona, e à redução dos níveis de câncer de mama, do pulmão, do estômago e do colo retal (STEVENSON et al., 2007).

Estes efeitos benéficos do óleo funcional de abóbora estão relacionados em parte a presença de ácidos graxos essenciais, tal como o ácido linoleico, que possui elevado valor nutricional e está associado a importantes atividades fisiológicas no organismo humano (DUBOIS et al., 2007). No entanto, esta fração está dentre as principais responsáveis pela instabilidade oxidativa dos óleos vegetais (SALTA et al., 2007), sendo que o que determina a instabilidade de um óleo vegetal é o seu balanço de ácidos graxos (FEHR, 2007).

Comparativamente ao ácido linoleico, o ácido oleico possui a maior estabilidade oxidativa por apresentar apenas uma insaturação (GREINER, 1990).

Para aumentar a estabilidade deste óleo, deve-se reduzir os teores de ácidos graxos poli-insaturados, tal como o linoleico e aumentar o teor de ácido oleico, para isso o óleo pode ser submetido ao processo de hidrogenação química. Entretanto, este processo leva à formação de gorduras trans, moléculas cujo consumo está associado ao aumento de diabetes e doenças coronárias, portanto é indesejável (KOK et al., 1999.,).

Outra possibilidade para aumentar a estabilidade oxidativa, é desenvolvimento de variedades geneticamente melhorada com alta proporção de ácido oleico (FEHR, 2007). A obtenção de altos ganhos via melhoramento genético para esse caractere, assim como, para produtividade de óleo depende do conhecimento da natureza e magnitude da variação genética na população (PANDEY, 2010).

Uma forma de conhecer a natureza e magnitude da variação genética, é através do estudo da herança, no qual irá permitir determinar as estratégias do programa de melhoramento genético, assim como, o critério e a intensidade da seleção e o método de condução da população segregante (RAMALHO et al., 2012).

Para isto o método de análise de geração tem sido amplamente utilizado, sendo relatado para diversas culturas, tais como, trigo (SAID, 2014), amendoim (WILSON et al., 2013), soja (UZOKWE et al., 2017), tomate (COPATI et al., 2019), milho (ALMEIDA et al., 2018) e abóbora (ALMEIDA et al., 2020), entre outros.

Por meio desta metodologia Faria (2012) demonstrou que o teor de óleo em algodão possui comportamento de caráter quantitativo e que tanto os efeitos gênicos quanto a variância atribuída aos desvios de dominância se mostraram de maior importância. Já para perfil de ácidos graxos em Canola, Coonrod et al (2008) relataram como mais importantes os efeitos aditivos para as frações de Ácido oleico, linoleico, linolênico, recomendando os métodos de seleção recorrente para obtenção de ganhos. Além disso, os efeitos maternos foram ausentes para esses caracteres o que pode simplificar o processo de melhoramento genético.

As pesquisas sobre este tema em abóbora são escassas e essas avaliações são onerosas e de custo elevado, sendo de grande importância o conhecimento das relações genéticas entre esses caracteres e outras que possuem maior facilidade de mensuração e menor custo ou que possuem maior herdabilidade. Isto pode ser obtido por meio da análise de correlação que irá nos informar sobre a associação entre duas características, o que permitirá que conheçamos as relações mutuas entre vários caracteres sob avaliação, permitindo assim determinar quais serão

as possíveis respostas indiretas nos caracteres de baixa herdabilidade ou com problemas de identificação (AZEVEDO et al., 2016; RAGHEB, 2016).

Considerando a escassez de pesquisas sobre a herança de caracteres associados à produtividade e perfil de ácidos graxos do óleo de sementes de abóbora e das relações genéticas entre esses descritores e o quão promissor é a cultura para essa finalidade, objetiva-se no presente trabalho determinar a herança desses caracteres assim como estimar as relações genéticas entre eles.

## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 Obtenção das gerações**

O estudo da herança foi realizado por meio da análise de gerações a partir da condução simultânea de seis gerações, a saber: P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>. O genitor P<sub>1</sub> corresponde ao acesso BGH-7319, pertencente ao Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV). Este acesso produz elevada massa de sementes por fruto, sementes com elevado teor de óleo e perfil lipídico com predomínio de ácidos graxos insaturados (SOBREIRA, 2013), sendo considerado promissor para o uso em programas de melhoramento, visando o aumento da concentração de ácidos graxos funcionais em sementes de abóbora.

O genitor P<sub>2</sub> corresponde ao cultivar Tronco Verde, que é contrastante, em relação ao genitor P<sub>1</sub>, para os caracteres a serem avaliados (LAURINDO et al., 2017). A geração F<sub>1</sub> foi obtida a partir do cruzamento entre os genitores P<sub>1</sub> e P<sub>2</sub>, enquanto que a geração F<sub>2</sub> foi obtida a partir da autofecundação das plantas F<sub>1</sub>. Os retrocruzamentos RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub> foram obtidos a partir do cruzamento das plantas F<sub>1</sub> com P<sub>1</sub> e P<sub>2</sub>, respectivamente.

### **2.2 Instalação e condução do experimento**

O experimento foi conduzido na unidade experimental do setor de Olericultura (20° 45'14'' S, 42° 52'53'' W e 648,74 m) do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa-MG, Brasil, sendo que as seis gerações foram obtidas anteriormente por (LAURINDO et al., 2017) e as avaliações das mesmas foram realizadas no período de agosto de 2018 a junho de 2019.

A semeadura foi realizada em bandejas de isopor com 72 células. As plântulas foram transplantadas para o campo de cultivo quando possuíam uma folha definitiva totalmente expandida. O solo foi previamente preparado por meio de gradagem e coveamento; foi adotado

o espaçamento 4m x 4m, entre plantas e fileiras, respectivamente, os tratos culturais foram realizados sempre que necessários seguindo as recomendações de Nick & Borém (2017). A colheita foi realizada quando os frutos atingiram o ponto de maturação comercial, ou seja, quando o pedúnculo dos frutos estava coberto por tecido corticoso ressecado.

O experimento foi montado sob o delineamento em blocos ao acaso com três repetições. Sendo cada repetição constituída de sete plantas de cada linhagem parental e da geração F<sub>1</sub>, 60 plantas da F<sub>2</sub> e 30 plantas de cada retrocruzamento (RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>), portanto foram caracterizadas no experimento um total de 21 plantas de cada genitor e geração F<sub>1</sub>, 180 da geração F<sub>2</sub> e 90 de cada um dos retrocruzamentos. Este número de plantas avaliadas está de acordo com recentes estudos (UZOKWE et al., 2017; ALMEIDA et al., 2018; NASCIMENTO et al., 2019; ALMEIDA et al., 2020).

Os caracteres mensurados foram massa de 100 sementes (M100S); Massa total de sementes por fruto (MTSF); Número total de sementes por fruto (NTSF); Comprimento (CMS), largura (LMS) e espessura (EMS) média das sementes, número de frutos por planta (NFP), teor total de óleo (%OL) e perfil de ácidos graxos.

Para todas as medidas de comprimento, largura e espessura das sementes foi utilizado um paquímetro digital, com as unidades em milímetros, enquanto àquelas relacionadas à massa foi utilizada balança digital, com precisão de quatro casas decimais em gramas. Todas as informações foram extraídas de um fruto por planta.

### **2.3 Determinação do teor total de óleo**

A determinação do teor de óleo total (%OL) foi feita mediante prensagem mecânica sem a adição de reagentes químicos, seguida da avaliação via extrato etéreo para determinar a quantidade de óleo remanescente.

A extração do óleo via prensagem mecânica foi feita com o auxílio de prensa hidráulica com capacidade de 30 toneladas, localizada no laboratório de pós-colheita da UFV, onde primeiramente as sementes foram parcialmente secas em estufa de circulação de ar forçado por 48 horas, a temperatura de 35<sup>0</sup>C. Para maior padronização do processo, foram pesadas 50g de sementes de cada amostra (MS<sub>inicial</sub>) (GOMES et al., 2020).

A torta obtida do processo de prensagem das sementes foi pesada (M<sub>torta</sub>) e a diferença  $[(MS_{inicial} - M_{torta}) / MS_{inicial} \times 100]$  foi usada para determinação do teor de óleo via prensa (TO<sub>inicial</sub>), posteriormente essa torta foi triturada e submetida à extração do óleo residual pelo método de extrato etéreo (RAMOS, 2005). Em que 0,7 a 0,8 g do material moído em moinho de facas foram acondicionados em saco de filtro modelo ANKOM XT4, cuja porosidade é de

3  $\mu\text{m}$ . Os sacos de filtro foram numerados, lacrados e pesados ( $M_A$ ). Os sacos de filtro com as respectivas amostras, foram então, levados à estufa a 105 °C por 3 horas e novamente pesados ( $M_B$ ). Posteriormente as amostras foram inseridas na cápsula de extração do equipamento. Utilizou-se éter de petróleo como solvente, com temperatura e o tempo de extração de 90 °C e 60 minutos, respectivamente. Ao final do processo de extração, os sacos de filtros foram levados novamente à estufa a 105 °C por 30 minutos e pesados novamente ( $M_C$ ).

O teor de extrato etéreo da amostra, que pode ser considerado como teor de óleo da torta ( $TO_{\text{torta}}$ ) foi calculado por:  $(TO_{\text{torta}}) = [(M_B - M_C) / M_A] \times 100$ .

O teor total de óleo (%OL) foi obtido pelo seguinte estimador:

$$\%OL = \{ [(MS_{\text{inicial}} \times TO_{\text{inicial}}) + (M_{\text{torta}} \times TO_{\text{torta}})] / MS_{\text{inicial}} \}.$$

Onde:

$MS_{\text{inicial}}$  = Massa de sementes iniciais que foram adicionadas a prensa

$TO_{\text{inicial}}$  = Teor de óleo inicial via prensa

$M_{\text{torta}}$  = Massa da torta

$TO_{\text{torta}}$  = Teor de óleo da torta

## 2.4 Perfil de ácidos graxos

A análise do perfil de ácidos graxos do óleo das sementes de abóbora foi realizada por meio de cromatografia gasosa. Para isso, foi utilizado o óleo extraído via prensagem mecânica do passo anterior e utilizada a metodologia descrita por Bubeck et al., (1989) com adaptações.

Para a determinação do perfil de ácidos graxos utilizou-se amostras de 5,0  $\mu\text{L}$  do óleo extraído via prensagem. Para isto, a amostra foi adicionada em tubos de tampa rosqueável, ao qual posteriormente foi adicionado 0,4mL de metóxido de sódio 1M. Em seguida os tubos foram tampados, agitados em vortex e mantidos por 1 hora no banho maria a 30°C. Após essa etapa, foi adicionado aos tubos, 1ml de água milli Q. e 1 ml de hexano, os quais, foram novamente tampados, agitados em vortex e então deixados em descanso por 1 hora. Posteriormente, coletou-se, dos tubos,  $\pm 0,75\text{ml}$  da fase orgânica que foi transferida para um novo tubo. Em seguida, adicionou-se, ao novo tubo com a fase orgânica, sulfato anidro. Após essa etapa, a amostra foi transferida para um vial de injeção, seguindo-se a análise cromatográfica.

A análise cromatográfica também foi realizada na UFV, no laboratório de análise de biomoléculas, localizado no Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária - BIOAGRO,

onde foi utilizado o cromatógrafo a gás, modelo Shimadzu CG-17A, equipado com um detector por ionização de chama e uma coluna capilar Supelco SPTM 2380 (30m × 0.25). Para a análise, foram inseridas amostras de 1,5  $\mu\text{L}$  e como gás de arraste foi usado nitrogênio (15 psi). Durante os três primeiros minutos da análise a temperatura do forno foi mantida em torno de 60°C, em seguida elevada para 170°C, à taxa de 5°C /min. Após nove minutos, a temperatura foi elevada para 250°C à taxa de 10°C /min. O injetor e o detector foram mantidos em temperaturas de 230 e 250°C, respectivamente. Os ácidos graxos foram identificados com base na comparação de seus tempos de retenção em relação ao tempo de retenção dos respectivos padrões. A quantificação individual dos ácidos graxos foi realizada calculando-se a porcentagem relativa do teor total de ácidos graxos, de acordo com o procedimento de normalização da área.

## 2.5 Análises genético-estatísticas

Todos os dados foram submetidos à análise de variância, visando à aferição de diferença significativa entre as gerações. A comparação de médias dos caracteres entre as gerações foi realizada por meio do teste LSD (Least significant difference), ao nível de 5% de significância (Steel & Torrie 1980). Posteriormente, foram obtidas as estimativas das variâncias aditiva  $\hat{\sigma}^2_a$ , fenotípica  $\hat{\sigma}^2_f$ , genética  $\hat{\sigma}^2_g$  e ambiental  $\hat{\sigma}^2_m$ , assim como dos desvios de dominância, conforme metodologia de Cruz et al., (2013).

As estimativas de variâncias foram obtidas a partir dos seguintes estimadores:

Variância fenotípica em  $F_2$ :

$$\hat{\sigma}^2_{f(F_2)} = \hat{\sigma}^2_{(F_2)}$$

Variâncias ambiental:

$$\hat{\sigma}^2_{m(F_2)} = \frac{2\hat{\sigma}^2_{(F_1)} + \hat{\sigma}^2_{(P_1)} + \hat{\sigma}^2_{(P_2)}}{4}$$

$$\hat{\sigma}^2_{m(RC1)} = \frac{\hat{\sigma}^2_{F_1} + \hat{\sigma}^2_{P_1}}{2}$$

$$\hat{\sigma}^2_{m(RC2)} = \frac{\hat{\sigma}^2_{F_1} + \hat{\sigma}^2_{P_2}}{2}$$

Variância genética em  $F_2$ :

$$\hat{\sigma}^2_{g(F_2)} = \hat{\sigma}^2_{f(F_2)} - \hat{\sigma}^2_{m(F_2)}$$

Variância aditiva:

$$\hat{\sigma}_a^2 = 2\hat{\sigma}_{f(F2)}^2 - [\hat{\sigma}_{f(RC1)}^2 + \hat{\sigma}_{f(RC2)}^2]$$

Variância devido aos desvios da dominância:

$$\hat{\sigma}_d^2 = \hat{\sigma}_{g(F2)}^2 - \hat{\sigma}_a^2$$

Grau médio de dominância baseado em variâncias:

$$K = \sqrt{\frac{2\hat{\sigma}_d^2}{\hat{\sigma}_a^2}}$$

Grau médio de dominância baseado em médias:

$$K_m = \frac{2\bar{F}_1 - (\bar{P}_1 + \bar{P}_2)}{\bar{P}_1 - \bar{P}_2}$$

Por sua vez, as estimativas de herdabilidades foram obtidas a partir dos seguintes estimadores:

Herdabilidade no sentido amplo ( $h_a^2$ ):

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_{g(F2)}^2}{\hat{\sigma}_{f(F2)}^2}$$

Herdabilidade no sentido restrito ( $h_r^2$ ):

$$h_r^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_{f(F2)}^2}$$

Para o modelo completo, foram estimados os efeitos das médias de todos os possíveis homocigotos (m), os efeitos aditivos (a), dominantes (d) e epistáticos: como aditivo x aditivo (aa), aditivo x dominante (ad) e dominante x dominante (dd). Para o modelo aditivo dominante foram estimados os efeitos aditivos (a), os efeitos 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 & JINKS, 1977). E a estimação pelo método da máxima verossimilhança. Modelos hierárquicos??

Análise das médias das gerações, modelo completo:

$$\hat{m} = \frac{1}{2}\bar{P}_1 + \frac{1}{2}\bar{P}_2 + 4\bar{F}_2 - 2\bar{RC}_1 - 2\bar{RC}_2$$

$$\hat{a} = \frac{1}{2}\bar{P}_1 - \frac{1}{2}\bar{P}_2$$

$$\hat{d} = -\frac{3}{2}\bar{P}_1 - \frac{3}{2}\bar{P}_2 - \bar{F}_1 - 8\bar{F}_2 + 6\bar{RC}_1 + 6\bar{RC}_2$$

$$\widehat{aa} = -4\overline{F_2} + 2\overline{RC_1} + 2\overline{RC_2}$$

$$\widehat{ad} = -\overline{P_1} + \overline{P_2} + 2\overline{RC_1} - 2\overline{RC_2}$$

$$\widehat{dd} = \overline{P_1} + \overline{P_2} + 2\overline{F_1} + 4\overline{F_2} - 4\overline{RC_1} - 4\overline{RC_2}$$

Os efeitos dos dois modelos foram submetidos ao teste t, a 5% de probabilidade, em que foi testada a nulidade de cada parâmetro ( $H_0: \beta_i=0$ ).

A correlação genética entre dois caracteres foi calculada por meio do estimador:

$$r_g(x_1, x_2) = (COV_{gx_1, x_2}) / \sqrt{\hat{\sigma}_{gx_1}^2 \hat{\sigma}_{gx_2}^2}$$

sendo  $COV_{gx_1, x_2} = (\hat{\sigma}_{g(x_1+x_2)}^2 - \hat{\sigma}_{g(x_1)}^2 - \hat{\sigma}_{g(x_2)}^2) / 2$

Onde  $COV_{gx_1, x_2}$ , corresponde as covariâncias genéticas entre os dois caracteres  $x_1$  e  $x_2$ ; e  $\hat{\sigma}_{gx_1}^2$  e  $\hat{\sigma}_{gx_2}^2$  correspondem as variâncias genéticas dos caracteres  $x_1$  e  $x_2$ , respectivamente.

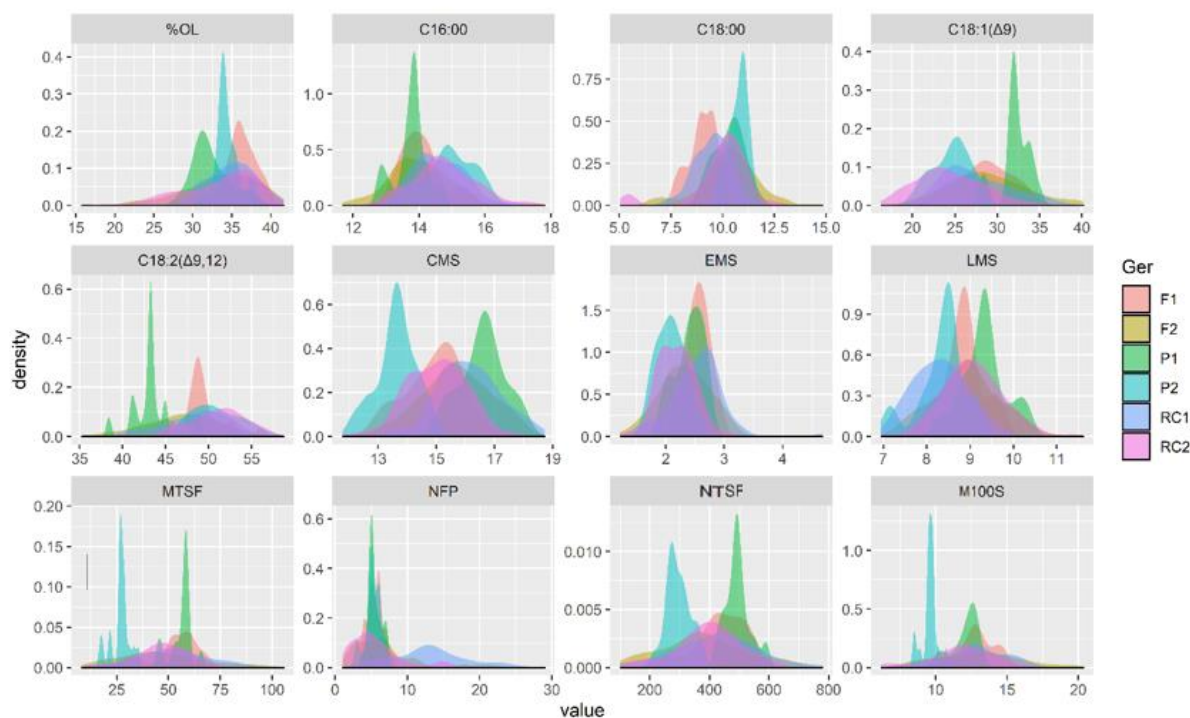
As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional Genes (CRUZ, 2013) e no programa R version 4.0.2 (R Core Team, 2020). Foram realizadas as análises das distribuições de frequência para cada geração e variável e também a análise de correlação genética, usando as funções (geomdensity e corrplot) do R package metan 1.12.0 (OLIVOTO & LÚCIO, 2020)

### 3. RESULTADOS

Mediante análise dos dados da população segregante  $F_2$  foram observadas distribuição contínua e foi possível atestar a normalidade das distribuições dos dados. Diante disto, a análise foi realizada com base nas estimativas de médias das gerações, variâncias, herdabilidades, assim como nas estimativas dos efeitos gênicos no controle dos caracteres.

Em relação a densidade de cada geração, foram observadas para a maioria dos descritores menores amplitudes de variação nas gerações  $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$  e o oposto para as demais (Figura 1).

**Figura 1-** Distribuição dos caracteres de produção e dimensão das sementes, perfil de ácidos graxos e teor de óleo nas gerações P<sub>1</sub> (BGH7319), P<sub>2</sub> (Tronco Verde), F<sub>1</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>.



M100S (g) - Massa de 100 sementes; MTSF (g) - Massa total de sementes por fruto; NTSF (cont) - Número total de sementes por fruto; CS (mm) - Comprimento, LS (mm) Largura e ES (mm) - Espessura média das sementes; NFP - Número de frutos por planta; %OL - Teor total de óleo expressa em percentagem de massa de sementes (g/100g), em base seca. C16:00- Ácido Palmítico; C18:00- Ácido esteárico; C18:1( $\Delta^9$ ) - Ácido oleico; C18:2( $\Delta^{9,12}$ ) - Ácido linoleico.

Os valores de coeficientes de variação (CV%) encontrados podem ser considerados baixos, sendo o maior CV% obtido para número de frutos por planta (NFP) 18,34%, o que demonstra alta confiabilidade dos dados do presente trabalho (Tabela 1).

Na análise de cromatografia gasosa, os principais ácidos graxos encontrados foram o Ácido linoleico – C18:2( $\Delta^{9,12}$ ), Oleico - C18:1( $\Delta^9$ ), Palmítico – C16:00 e Esteárico - C18:00. Sendo que em média 75,90% foram ácidos graxos insaturados, compostos por 48,20% de C18:2( $\Delta^{9,12}$ ) e 27,70% de C18:1( $\Delta^9$ ) e os 24,31% restantes saturados compostos por 14,35% e 9,96% de C16:00 e C18:00, respectivamente (Tabela 1).

### 3.1 Médias das gerações

Mediante a análise de variância (ANOVA) foram observadas diferenças significativas entre as gerações ( $p < 0,05$ ) para todos os caracteres avaliados, sendo que para a maioria deles foi observada diferença significativa pelo teste LSD ( $P < 0,05$ ) entre as médias dos genitores BGH-7319 e Tronco Verde. Este comportamento não foi observado apenas para NFP e C18:00,

sendo que, em geral o genitor BGH 7319 foi superior, as exceções foram apenas para %OL, C16:00 e C18:2( $\Delta^{9,12}$ ) em que o genitor Tronco verde foi o superior (Tabela 1).

Quando comparadas as médias da geração  $F_1$  com os valores obtidos nos genitores, observou-se interação predominantemente do tipo aditiva para CMS, LMS e C18:1( $\Delta^9$ ), uma vez, que as médias da geração  $F_1$  foram similares à média entre genitores ( $X_{12}$ ) e diferente da média de cada um considerado separadamente. Já para os caracteres M100S, MTSF, NTSF, EMS e C18:2( $\Delta^{9,12}$ ) foram observadas interações de dominância, seja ela completa ou incompleta, ou seja, iguais ao genitor de maior valor ou intermediária entre ele e a média dos genitores, respectivamente. Além disso, foi observada, sobredominância para os caracteres %OL e C18:00, uma vez que para esses caracteres a média da geração  $F_1$  foi superior a ambos os genitores (Tabela 1).

Essas interações de aditividade e dominância também podem ser avaliadas mediante observação dos valores dos graus médios de dominância ( $K_m$ ), estimados a partir das médias dos respectivos caracteres, em que foram obtidos valores de  $K_m$  próximo a zero para CMS, LMS e C18:1( $\Delta^9$ ) confirmando a interação predominantemente do tipo aditiva, entre 0 e 1 para NTSF e C18:2( $\Delta^{9,12}$ ) confirmando a dominância incompleta, e valores altamente superiores a uma unidade de  $K_m$  para C18:00 e %OL confirmando a sobredominância (Tabela 1).

As exceções foram apenas para M100S e EMS, uma vez que ao observarmos pelo teste de médias foi considerado dominância completa, mas foram encontrados valores de  $K_m$  superiores a uma unidade, outra exceção foi para MTSF que pelas médias foi dominância completa e pelo  $K_m$  ficou entre 0 e 1. O sinal negativo de  $K_m$  para C16:00 e C18:00 indica que a dominância ocorreu em direção à manifestação fenotípica de menor grandeza do caráter (Tabela 1).

Quando comparadas as gerações  $F_1$  e  $F_2$ , em geral foram observadas médias estatisticamente iguais para aqueles caracteres com interação aditiva, tais como, LMS e C18:1( $\Delta^9$ ), sendo CMS como exceção. E médias estatisticamente ou numericamente diferentes para aqueles que possuem interação de dominância completa ou incompleta, ou mesmo de sobredominância. Sendo que normalmente para esses caracteres a geração  $F_2$  apresentou-se como já esperado comportamento inferior à geração  $F_1$ , como é o caso de MTSF, NTSF, EMS, %OL e C18:2( $\Delta^{9,12}$ ), o que confirma a interação de dominância. A exceção foi para M100S que se esperava menor valor para a  $F_2$  e foi igual (Tabela 1).

Em relação aos segregantes transgressivos na geração  $F_2$  houve segregantes para valor máximo e mínimo para todas os caracteres avaliados no experimento.

**Tabela 1-** Média e grau médio de dominância dos caracteres relativos a sementes, teor e perfil de ácidos graxos do óleo em abobora nas gerações P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub> derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P<sub>1</sub>) com a cultivar Tronco verde (P<sub>2</sub>).

Geração	M100S	MTSF	NTSF	CMS	LMS	EMS
P <sub>1</sub>	11,99 <sup>a</sup>	56,24 <sup>a</sup>	494,85 <sup>a</sup>	16,62 <sup>a</sup>	9,33 <sup>a</sup>	2,41 <sup>ab</sup>
P <sub>2</sub>	9,57 <sup>b</sup>	26,65 <sup>d</sup>	295,28 <sup>c</sup>	13,60 <sup>d</sup>	8,35 <sup>c</sup>	2,08 <sup>d</sup>
X <sub>12</sub>	10,78	41,45	395,07	15,11	8,84	2,25
F <sub>1</sub>	12,96 <sup>a</sup>	53,08 <sup>ab</sup>	441,39 <sup>b</sup>	14,86 <sup>c</sup>	8,83 <sup>b</sup>	2,56 <sup>a</sup>
F <sub>2</sub>	13,02 <sup>a</sup>	47,01 <sup>bc</sup>	377,12 <sup>d</sup>	15,67 <sup>b</sup>	8,92 <sup>b</sup>	2,33 <sup>bc</sup>
RC <sub>1</sub>	12,63 <sup>a</sup>	52,79 <sup>ab</sup>	425,38 <sup>bc</sup>	16,09 <sup>b</sup>	8,28 <sup>c</sup>	2,53 <sup>a</sup>
RC <sub>2</sub>	11,81 <sup>a</sup>	46,05 <sup>c</sup>	393,75 <sup>cd</sup>	15,00 <sup>c</sup>	9,08 <sup>ab</sup>	2,19 <sup>cd</sup>
X geral	11,99	46,97	404,63	15,31	8,80	2,35
CV(%)	5,88	7,14	5,47	1,73	1,80	4,01
K <sub>m</sub>	1,80	0,79	0,46	-0,17	-0,02	1,94
Geração	NFP	%OL	C16:00	C18:00	C18:1(Δ <sup>9</sup> )	C18:2(Δ <sup>9,12</sup> )
P <sub>1</sub>	5,42 <sup>b</sup>	32,15 <sup>c</sup>	13,74 <sup>b</sup>	10,31 <sup>ab</sup>	32,05 <sup>a</sup>	43,17 <sup>d</sup>
P <sub>2</sub>	5,22 <sup>b</sup>	34,31 <sup>ab</sup>	14,91 <sup>a</sup>	10,78 <sup>a</sup>	24,54 <sup>c</sup>	50,85 <sup>a</sup>
X <sub>12</sub>	5,32	33,23	14,33	10,55	28,30	47,01
F <sub>1</sub>	5,56 <sup>b</sup>	36,23 <sup>a</sup>	14,07 <sup>b</sup>	9,01 <sup>d</sup>	28,64 <sup>b</sup>	49,36 <sup>b</sup>
F <sub>2</sub>	7,04 <sup>b</sup>	33,43 <sup>bc</sup>	14,03 <sup>b</sup>	10,28 <sup>ab</sup>	28,95 <sup>b</sup>	46,79 <sup>c</sup>
RC <sub>1</sub>	12,98 <sup>a</sup>	34,70 <sup>ab</sup>	14,61 <sup>a</sup>	9,51 <sup>cd</sup>	27,58 <sup>b</sup>	48,29 <sup>b</sup>
RC <sub>2</sub>	5,38 <sup>b</sup>	33,21 <sup>bc</sup>	14,74 <sup>a</sup>	9,91 <sup>bc</sup>	24,44 <sup>c</sup>	50,72 <sup>a</sup>
X geral	6,93	34,00	14,35	9,96	27,70	48,20
CV(%)	18,34	3,37	1,84	3,75	4,03	1,40
K <sub>m</sub>	2,40	2,78	-0,44	-6,42	0,09	0,61

Médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente pelo teste LSD a 5%. M100S (g) - Massa de 100 sementes; MTSF (g) - Massa total de sementes por fruto; NTSF (cont) - Número total de sementes por fruto; CMS (mm) - Comprimento, LMS (mm) Largura e EMS (mm) - Espessura média das sementes; NFP - Número de frutos por planta; %OL - Teor total de óleo expressa em percentagem de massa de sementes (g/100g), em base seca. C16:00- Ácido Palmítico; C18:00 Ácido esteárico; C18:1(Δ<sup>9</sup>) - Ácido oleico; C18:2(Δ<sup>9,12</sup>) - Ácido linoleico; Média entre os genitores: X<sub>12</sub>= (P<sub>1</sub> + P<sub>2</sub>)/2; CV(%) - Coeficiente de variação; K<sub>m</sub> - Grau médio de dominância baseado em médias.

### 3.2 Componentes genéticos das médias

Para estudar o componente genético das médias podemos utilizar tanto o modelo aditivo dominante ou também denominado simplificado, quanto o modelo completo. Para determinar qual deles utilizar, devemos analisar as estimativas ajustadas dos parâmetros deste modelo, que pode ser avaliada por meio da quantificação do coeficiente de determinação (R<sup>2</sup>), que expressa o grau de similaridade entre os valores observados e estimados a partir do modelo. Quando o modelo aditivo-dominante possibilita a obtenção de médias estimadas que se correlacionam bem com as médias observadas teremos um alto R<sup>2</sup> (próximo a uma unidade), o que demonstra alta precisão do modelo e seu uso poderá ser realizado (ROCHA et al., 2009).

Quando observados o R<sup>2</sup> para os caracteres avaliados, constata-se que o modelo aditivo dominante foi adequado para explicar os caracteres M100S, MTSF, NTSF, CMS, EMS, C18:00 e C18:2(Δ<sup>9,12</sup>). Para as demais este modelo foi inadequado, ou seja, não foi adequado para LMS, NFP, %OL, C16:00 e C18:1(Δ<sup>9</sup>), uma vez, que apresentaram R<sup>2</sup> inferior a 0,80 (Tabela 3).

Dentre os caracteres que se adequaram ao modelo aditivo - dominante, somente para CMS não houve significância para os efeitos de dominância, para todos as demais, ambos os efeitos foram significativos (Tabela 3).

Além disso, mesmo a decomposição não sendo ortogonal, o coeficiente de determinação ( $R^2$ ) também pode ser adotado com o objetivo da percepção da importância de um particular efeito genético sobre a variabilidade disponível do caráter analisado. Dessa forma, para aqueles caracteres que houve significância tanto para os efeitos aditivos quanto de dominância e excluindo-se o efeito da média dos possíveis homozigotos, os efeitos mais importantes foram os aditivos, uma vez, que estes foram de maior magnitude, as exceções foram apenas M100S que os efeitos aditivos e de dominância foram similares e para C18:00 que os efeitos de dominância (d) foram superiores. Em relação aos sinais de d para esses caracteres, em geral foram positivos, a exceção foi para C18:00 que foi negativo (Tabela 3).

Para os caracteres cujos coeficientes de determinação foram baixos, constata-se a presença de interações não alélicas no cruzamento, o que foi comprovado pela considerável magnitude dos efeitos epistáticos. Além disso, a ausência de variabilidade genética entre os genitores para a variável NFP, por exemplo, também pode ter comprometido essa forma de análise.

Utilizando o modelo completo para avaliar os caracteres LMS, NFP, %OL, C16:00 e C18:1( $\Delta^9$ ) observou-se todos os efeitos significativos para LMS e C16:00, similar ao encontrado para NFP para o qual não houve significância apenas para os efeitos aditivos e média dos possíveis homozigotos e C18:1( $\Delta^9$ ) que não houve significância apenas para os efeitos aditivos por dominante, sendo que diferente dos demais o sinal do efeito de dominância para esta variável foi negativo. Comportamento diferente foi obtido para %OL que apenas a média, os efeitos aditivos e a epistasia do tipo aditiva - dominante foram significativas e todos os demais efeitos foram não significativos, sendo a epistasia o efeito mais importante, demonstrado pelo maior  $R^2$  (Tabela 2).

Ao observar o valor de  $R^2$  para os respectivos caracteres sob o modelo completo, em geral, o efeito genético mais importante foi o efeito epistático do tipo aditivo-dominante, com exceção de C16:00 que o efeito mais importante foi a epistasia aditiva por aditiva e para C18:1( $\Delta^9$ ) o efeito aditivo (Tabela 2).

Com exceção de %OL, todos os demais caracteres avaliados sob o modelo completo apresentaram epistasia duplicada, ou seja, tanto epistasia aditiva - aditiva quanto dominante por dominante significativas, no entanto com sinais contrários. Em geral, as interações aditivas por aditiva foram positivas e as dominante por dominante negativas, as exceções foram M100S, LMS e C18:1( $\Delta^9$ ) que foi ao contrário. Também foi observado epistasia duplicada entre alelos dominantes, uma vez que, em geral os efeitos de dominância foram significativos e positivos já

os efeitos dominantes por dominante foram significativos e negativos, o oposto também ocorreu para LMS e C18:1( $\Delta^9$ ) (Tabela 2).

**Tabela 2-** Estimativa dos efeitos aditivos, de dominância e epistáticos no controle genético dos caracteres relativos a sementes, teor e perfil de ácidos graxos do óleo em abobora nas gerações P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub> derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 com a cultivar Tronco Verde (P<sub>2</sub>).

Modelo aditivo dominante						
Efeitos	M100S (R <sup>2</sup> )	MTSF (R <sup>2</sup> )	NTSF (R <sup>2</sup> )	CMS (R <sup>2</sup> )	LMS (R <sup>2</sup> )	EMS (R <sup>2</sup> )
m	10,94** (97,34)	41,54** (87,99)	388,94** (94,70)	15,36** (99,03)	8,80** (99,90)	2,19** (98,31)
a	1,28** (1,35)	13,77** (10,10)	89,25** (5,14)	1,37** (0,96)	-0,05ns (0,00)	0,22** (1,04)
d	2,59** (1,29)	14,19** (1,89)	33,69* (0,14)	0,25ns (0,00)	0,00ns (0,00)	0,31** (0,64)
R <sup>2</sup>	0,88	0,93	0,86	0,89	0,17	0,89
Efeitos	NFP (R <sup>2</sup> )	%OL (R <sup>2</sup> )	C16:00 (R <sup>2</sup> )	C18:00 (R <sup>2</sup> )	C18:1( $\Delta^9$ ) (R <sup>2</sup> )	C18:2( $\Delta^9,12$ ) (R <sup>2</sup> )
m	5,64** (99,22)	33,21** (99,81)	14,38** (99,91)	10,54** (99,47)	28,02** (98,07)	46,99** (99,34)
a	0,35* (0,38)	-0,61* (0,03)	-0,41** (0,09)	-0,30** (0,08)	3,74** (1,92)	-3,40** (0,57)
d	0,65* (0,40)	2,38** (0,15)	-0,08 ns (0,00)	-1,38** (0,44)	-0,77ns (0,02)	2,53** (0,08)
R <sup>2</sup>	0,18	0,56	0,60	0,86	0,78	0,86
Modelo Completo						
Efeitos	M100S (R <sup>2</sup> )	MTSF (R <sup>2</sup> )	NTSF (R <sup>2</sup> )	CMS (R <sup>2</sup> )	LMS (R <sup>2</sup> )	EMS (R <sup>2</sup> )
m	13,79** (62,69)	31,61** (5,27)	268,26** (9,71)	15,61** (86,57)	9,78** (86,98)	2,10** (84,48)
a	1,23** (33,45)	14,80** (88,96)	99,67** (81,09)	1,48** (12,67)	0,49** (2,86)	0,16** (10,23)
d	-2,23ns (0,26)	40,75* (1,42)	267,74ns (1,49)	0,98ns (0,05)	-2,52** (0,88)	0,44ns (0,56)
aa	-2,98** (2,98)	9,89ns (0,52)	126,09* (2,18)	-0,49ns (0,09)	-0,94** (0,88)	0,14ns (0,42)
ad	-0,68ns (0,33)	-16,25** (3,06)	-141,15** (5,06)	-0,74ns (0,28)	-2,52** (7,91)	0,39** (4,31)
dd	1,40ns (0,26)	-19,44ns (0,76)	-96,49ns (0,45)	-1,73* (0,33)	1,58** (0,79)	0,02ns (0,00)
Epistasia	-	-	d	-	d	-
Efeitos	NFP (R <sup>2</sup> )	%OL (R <sup>2</sup> )	C16:00 (R <sup>2</sup> )	C18:00 (R <sup>2</sup> )	C18:1( $\Delta^9$ ) (R <sup>2</sup> )	C18:2( $\Delta^9,12$ ) (R <sup>2</sup> )
m	-2,78ns (0,80)	31,66** (92,78)	11,80** (83,86)	12,75** (91,44)	40,17** (63,03)	36,03** (67,32)
a	0,10ns (0,15)	-1,01** (2,78)	-0,59** (3,28)	-0,22* (0,83)	3,80** (18,18)	-3,86** (13,50)
d	31,67** (16,83)	3,16ns (0,14)	6,68** (4,06)	-6,17** (3,36)	-33,34** (6,70)	29,68** (7,03)
aa	8,13** (6,88)	1,71ns (0,28)	2,53** (4,14)	-2,23** (2,90)	-11,84** (5,66)	10,97** (6,62)
ad	14,93** (51,32)	5,09** (3,95)	0,89** (0,69)	-0,44ns (0,20)	-1,16ns (0,09)	2,75* (0,60)
dd	-23,32** (24,01)	1,41ns (0,07)	-4,40** (3,96)	2,44** (1,28)	21,71** (6,33)	-16,31** (4,94)
Epistasia	d	-	d	d	d	d

m = média de homozigotos, a = aditivo, d= dominante, aa = efeitos epistáticos do tipo aditivo x aditivo, ad = aditivo x dominante dd = dominante x dominante, \*\* significativo a 1% de probabilidade, \* significativo a 5% de probabilidade pelo teste t, ns - não significativo; R<sup>2</sup>- Coeficiente de determinação; M100S (g) - Massa de 100 sementes; MTSF (g) - Massa total de sementes por fruto; NTSF (cont) - Número total de sementes por fruto; CS (mm) - Comprimento, LS (mm) Largura, ES (mm) - Espessura média das semente; %OL (%)- Teor de óleo expressa em percentagem de massa de sementes (g/100g), em base seca. C16:00- Ácido Palmítico; C18:00 Ácido esteárico; C18:1( $\Delta^9$ )- Ácido oleico; C18:2( $\Delta^9,12$ )- Ácido linoleico.

### 3.3 Componentes genéticos de variâncias e herdabilidades

As estimativas dos valores de herdabilidade no sentido amplo ( $h^2_a$ ) observadas para a maioria dos caracteres podem ser classificadas de moderadas a altas magnitudes, uma vez que se encontram entre 60,24 a 96,14%, correspondendo à LMS e NFP respectivamente. A única variável situada fora dessa faixa foi CMS (49,96%), portando de baixa magnitude (Tabela 2). Ao observar os valores de herdabilidade no sentido restrito ( $h^2_r$ ) pode-se verificar valores de baixa a média magnitude. Com destaques para M100S e MTSF que foram superiores a 77% e para NTSF, CMS, EMS, C16:00 e %OL que foram inferiores a 43% sendo para o último o menor valor 27,38% (Tabela 3).

Em geral, a contribuição da variância aditiva foi superior à variância de dominância para a maioria dos caracteres avaliados, a exceção foi apenas para os caracteres EMS e %OL, confirmando os menores valores de herdabilidade no sentido restrito para ambas. (Tabela 3)

O grau médio de dominância  $\sqrt{(H/D)}$  estimado via variâncias foi geralmente intermediário, menor que uma unidade e variando de 0,17 a 0,99, indicando dominância parcial para a maioria dos caracteres, a exceção novamente foi apenas para NTSF, EMS e %OL que foram obtidos  $\sqrt{(H/D)}$  superiores a uma unidade, 1,28, 1,59, e 1,98, respectivamente, indicando sobredominância (Tabela 3).

**Tabela 3-** Estimativa dos parâmetros genéticos relativos a sementes, teor e perfil de ácidos graxos do óleo em abobora na população  $F_2$  derivadas do cruzamento do acesso BGH 7319 ( $P_1$ ) com a cultivar Tronco verde ( $P_2$ ).

Caracteres	$\sigma_a^2$	$\sigma_d^2$	$\sigma_m^2$	$\sqrt{(H/D)}$	$H_a^2$	$h_r^2$
M100S	6,4999	0,9185	0,9541	0,53	88,6	77,63
MTSF	339,5177	4,98	76,8929	0,17	81,75	80,57
NTSF	8667,7929	7135,1953	4056,7087	1,28	79,57	43,6451
CMS	0,5917	0,115	0,7078	0,62	49,96	41,83
LMS	0,3487	0,0233	0,2456	0,37	60,24	56,45
EMS	0,0604	0,0765	0,0484	1,59	73,86	32,57
NFP	19,5695	6,6687	1,0521	0,83	96,14	71,7
%OL	5,6682	11,0854	3,9498	1,98	80,92	27,38
C16:00	0,3975	0,1937	0,3853	0,99	60,64	40,7
C18:00	1,1678	0,4795	0,4041	0,90	80,299	56,92
C18:1( $\Delta^9$ )	10,6795	4,2348	6,4173	0,89	69,91	50,06
C18:2( $\Delta^9,12$ )	9,3644	3,0582	5,7534	0,81	68,34	51,52

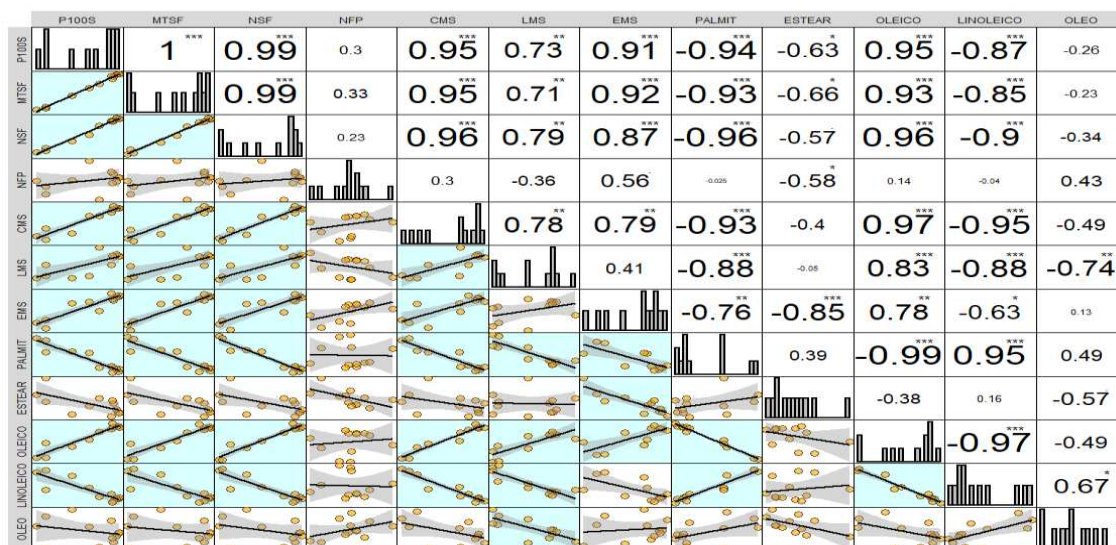
$\sigma_r^2$ - Variância fenotípica;  $\sigma_m^2$  - Variância ambiental;  $\sigma_g^2$ -Variância genotípica;  $\sigma_a^2$  - Variância aditiva;  $\sigma_d^2$  - Variância de dominância;  $h_a^2$  - Herdabilidade no sentido amplo em porcentagem;  $h_r^2$ - Herdabilidade no sentido restrito em porcentagem;  $\sqrt{(H/D)}$  =  $\sqrt{(2\sigma_a^2 / \sigma_d^2)}$  - Grau médio de dominância; M100S (g) - Massa de 100 sementes; MTSF (g) - Massa total de sementes por fruto; NSPF (cont) - Número total de sementes por fruto; CMS (mm) - Comprimento, LMS (mm) Largura e EMS (mm) - Espessura média das sementes; NFP - Número de frutos por planta; %OL (%) - Teor de óleo expressa em porcentagem de massa de sementes (g/100g), em base seca. C16:00- Ácido Palmítico; C18:00 Ácido esteárico; C18:1( $\Delta^9$ )- Ácido oleico; C18:2( $\Delta^9,12$ )- Ácido linoleico.

### 3.4 Correlações genéticas

Foram observadas altas estimativas de correlações genéticas entre os caracteres associados a sementes, destacando-se M100S e MTSF (1,00), seguido de NTSF com M100S, assim como, NTSF e MTSF, ambas 0,99. O mesmo foi observado entre estes caracteres e os de perfil, como por exemplo, M100S e C18:1( $\Delta^9$ ) (0,95) e M100S e C18:2( $\Delta^9,12$ ) (- 0,87), seguido de MTSF e C18:1( $\Delta^9$ ) (0,93) e MTSF e C18:2( $\Delta^9,12$ ) (-0,85) (Figura 2).

Entre os caracteres relacionados ao perfil a maior estimativa foi entre C18:1( $\Delta^9$ ) e C16:00 (-0,99), seguido de C18:1( $\Delta^9$ ) e C18:2( $\Delta^9,12$ ) com valor -0,97. Já no que se refere as estimativas de correlação entre %OL e os demais caracteres avaliados, em geral foram não significativas, as exceções foram apenas para LMS e C18:2( $\Delta^9,12$ ), sendo -0,74 e 0,67, respectivamente. (Figura 2).

**Figura 2** - Correlação genética entre os caracteres relativos a sementes, teor e perfil de ácidos graxos do óleo em abobora na população F<sub>2</sub> derivadas do cruzamento do acesso BGH 7319 (P<sub>1</sub>) com a cultivar Tronco verde (P<sub>2</sub>).



M100S (g) - Massa de 100 sementes; MTSF (g) - Massa total de sementes por fruto; NSPF (cont) - Número total de sementes por fruto; CMS (mm) - Comprimento, LMS (mm) Largura, EMS (mm) - Espessura da semente; OL (%) - Teor de óleo expresso em percentagem de massa de sementes (g/100g), em base seca. C16:00- Ácido Palmítico; C18:00 ácido esteárico; C18:1( $\Delta^9$ )- Ácido oleico; C18:2( $\Delta^9,12$ )- Ácido linoleico.

#### 4. DISCUSSÃO

As menores amplitudes das distribuições observadas para as gerações P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub> demonstra menor variabilidade para essas gerações em relações as demais, o que já era esperado e desejado para esse tipo de estudo, uma vez, que se espera que a variabilidade presente nestas gerações seja apenas de causa ambiental.

As médias gerais para as seis gerações que foram observadas na Tabela 1 estão de acordo com outros trabalhos com *C. moschata*, tanto no que se referem aos caracteres associados a produção e dimensão das sementes (GOMES et al., 2020; LAURINDO et al., 2017) quanto ao teor de óleo e perfil de ácidos graxos para essa espécie (APPLEQUIST et al., 2006; SOBREIRA, 2013).

É importante destacar a predominância de ácidos graxos insaturados (75,9%) em detrimento aos ácidos graxos saturados 24,10%, uma vez que os primeiros estão associados à melhoria da saúde cardiovascular, portanto, desejável na dieta humana (YADAV et al., 1993).

A diferença estatística entre os genitores para a maioria dos caracteres é de suma importância, pois demonstra que foram contrastantes em relação aos caracteres em questão o que contribuiu para uma boa precisão na execução do estudo. Além disso, para que haja êxito em um programa de melhoramento é necessário dentre outros fatores, que exista variabilidade

genética entre os genitores, uma vez que a eficiência de seleção e a expressão de heterose dependem da magnitude da variabilidade genética presente na população, o que está intimamente relacionada à variabilidade entre os parentais (SAID, 2014; ROCHA et al., 2009).

Para os caracteres com interação gênica predominantemente do tipo aditiva, a seleção é facilitada, pois o indivíduo ou grupo de indivíduos quando selecionados terão uma descendência também superior, fato que não ocorrerá com os demais caracteres que possuem interação de dominância, seja parcial, completa ou sobredominância, uma vez, que para estes sua descendência terá desempenho inferior a ele próprio, fato comprovado pela inferioridade da geração  $F_2$  em relação a  $F_1$  para a maioria destes. Portanto, a presença de dominância para esses caracteres, prejudica a seleção em gerações segregantes devido à dificuldade em diferenciar indivíduos homozigotos dominantes dos heterozigotos, essa dificuldade normalmente é contornada através de testes de progênies, que possibilitará maior eficiência na seleção, conseqüentemente ganhos genéticos superiores.

As discrepâncias para os valores de  $K_m$  para os caracteres M100S e EMS, são explicadas pelo fato da sua estimação ser obtida por meio da média, o que tem um viés causado pelos valores positivos e negativos se cancelarem, isso pode ser contornado por meio do uso do grau médio de dominância estimado via variâncias.

A predominância de efeitos aditivos no controle dos caracteres associados a produção de sementes também foi encontrada por Nagar et al., (2018) por meio de dialelos, assim como, por Coonrod et al., (2008) por meio da análise de gerações. De acordo com Lyimo et al., (2011), os efeitos aditivos são importantes na previsibilidade da expressão gênica dos caracteres quantitativos, enquanto que os efeitos de dominância podem ser explorados na identificação de híbridos, devido à natureza dominante dos caracteres (LYIMO et al., 2011).

Quando os efeitos aditivos são significativos existe uma tendência da média dos retrocruzamentos serem mais similares ao genitor recorrente, conseqüentemente retrocruzamentos repetidos seguidos de seleção podem aumentar ou diminuir a característica desejada, de acordo com o genitor recorrente utilizado (ZEWDIE & BOSLAND, 2000).

O sinal da estimativa de  $d$  demonstra qual o sentido da dominância, se é negativa ( $d < 0$ ), a dominância ocorre no sentido de conferir menor valor para a variável, caso contrário ( $d > 0$ ) será no sentido do maior valor. Portanto, para os caracteres relacionados a produção de sementes, tais como, M100S, MTSF e NTSF em que foram obtidas estimativas positivas de  $d$ , pode-se considerar que aqueles indivíduos com maiores valores, podem ser tanto heterozigotos quanto os homozigotos dominantes, caso seja completa. Portanto à medida que obtemos progênies de autofecundação a frequência dos genótipos heterozigotos sofrerá uma

redistribuição, possibilitando a seleção dos melhores e a eliminação dos genótipos homozigotos recessivos.

Considerando que os programas de melhoramento genético visam aumentar a estabilidade oxidativa que é determinada pelo balanço de ácidos graxos do óleo (FEHR, 2007), e que essa estabilidade está relacionada principalmente a quantidade de C18:1( $\Delta^9$ ) em detrimento dos demais ácidos graxos, uma vez, que o ácido C18:1( $\Delta^9$ ) comparado aos demais ácidos graxos insaturados possui a maior estabilidade oxidativa por apresentar apenas uma insaturação (GREINER, 1990), associado a isso tem-se que o C18:2( $\Delta^{9,12}$ ), está dentre os principais responsáveis pela instabilidade de óleos vegetais, devido a presença de maior número de insaturações (SALTA et al., 2007), conseqüentemente, objetiva-se no programa maiores valores C18:1( $\Delta^9$ ) e menores C18:2( $\Delta^{9,12}$ ).

Portanto, pode-se utilizar as constatações do presente trabalho para determinar as estratégias que deverão ser usadas para obtenção de ganhos quanto ao perfil de ácidos graxos. Considerando os objetivos do programa, a predominância dos efeitos aditivos e efeitos de dominância negativo ( $d < 0$ ) para C18:1( $\Delta^9$ ) e o oposto para C18:2( $\Delta^{9,12}$ ) ( $d > 0$ ), poderemos obter progênies de autofecundação de cada planta e selecionar aquelas progênies com maior C18:1( $\Delta^9$ ) menor C18:2( $\Delta^{9,12}$ ) que os locus tendem a estarem em homozigose recessivas para os caracteres em questão.

Posteriormente pode-se cruzar as progênies selecionadas e proceder a seleção recorrente intrapopulacional para aumentar a frequência de alelos favoráveis na população, além disso, realizar de forma paralela a obtenção de linhagens superiores que depois ao longo das gerações de autofecundação, poderão ser cruzadas para o desenvolvimento de híbridos com alto teor de óleo, já que para esta variável foram observados no cruzamento, altos efeitos de dominância associados a alta variância de dominância.

Além disso, os efeitos dos genes epistáticos foram considerados complementares ou duplicados, dependendo dos seus sinais e significância, quando são significativos e possuem o mesmo sinal denomina-se epistasia complementares, quando ocorre o oposto são ditas epistasia do tipo duplicada (KEARSEY & POONI 1996). A presença de epistasia duplicada pode reduzir a variabilidade em  $F_2$  e outras gerações, reduzindo assim o progresso da seleção (KUMAR & PATRA 2010). Além disso, o fato de  $d$  apresentar sinal negativo e  $dd$  ser positivo, indica a presença de alelos dominantes relacionados ao aumento e também a redução do valor da característica, portanto indicativo da dominância bidirecional no controle de tais caracteres.

Essas constatações foram confirmadas por meio da verificação dos graus médios de dominância, em que, os valores de  $\sqrt{(H/D)}$  superiores a uma unidade para %OL e EMS indicam

que esses caracteres apresentaram efeitos de sobredominância de alguns genes controlando a característica sob estudo, o que refletiu em menores estimativas de herdabilidade no sentido restrito. Essa predominância de efeitos de dominância no controle da %OL também foi encontrada por Faria (2012), logo existe a possibilidade da ocorrência de heterose, sendo assim, a hibridação será mais efetiva do que a seleção na população para este caractere, portanto o desenvolvimento de híbridos para a finalidade de produção de óleo é uma estratégia recomendada. Associado a isso, a seleção para teor de óleo pode ser postergada para gerações mais avançadas, pois isso irá proporcionar uma redução das variâncias genéticas não aditivas por meio da endogamia, de forma que as variâncias genéticas aditivas poderão ser avaliadas mais claramente (SHAHROKHI et al., 2011, SAID, 2014).

Ao comparar os graus médios de dominância estimados via médias ( $K_m$ ) e variâncias  $\sqrt{(H/D)}$ , é possível concluir em relação a magnitude e a direção dos desvios, por exemplo, para C18:1( $\Delta^9$ ), que houve ausência de dominância pelo  $K_m$  ( $K_m$  próximo a zero) e dominância incompleta pelo  $\sqrt{(H/D)}$  que foi igual 0,89, indica a existência de desvios de dominância bidirecionais no controle da característica, logo, existem tanto efeitos de dominância aumentando o valor de C18:1( $\Delta^9$ ), quanto reduzindo, o que faz com que se anulem, conseqüentemente valor próximo a zero. Portanto, devemos dar preferência pelo uso de  $\sqrt{(H/D)}$  em detrimento ao  $K_m$ .

As estimativas dos valores de herdabilidade associada à variabilidade genética presente na população e à intensidade de seleção praticada, irão afetar diretamente o ganho de seleção a ser obtido no presente programa, quanto maior sua estimativa, espera-se maior ganho (SAID, 2014).

Para as caracteres com alta magnitude de herdabilidade tanto no sentido amplo quanto restrito, tais como, NFP, MTSF e M100S o componente de variância aditivo foi superior ao componente de dominância e a seleção será mais efetiva do que a hibridação, podendo ser realizada em plantas individuais e gerações precoces, obtendo ganhos genéticos mais rápidos, caso contrário, como por exemplo, para %OL a seleção deve ser realizada em experimentos realizados em mais locais e gerações mais avançadas (KUMAR & WEHNER 2013).

Os menores valores de herdabilidade obtidos para os caracteres relacionadas ao perfil de ácidos graxos, tal como, C16:00, C18:1( $\Delta^9$ ) e C18:2( $\Delta^{9,12}$ ), indicam que sofrem maior influência ambiental, o que pode ser justificados pelas elevadas estimativas de variância ambiental na proporção da variância fenotípica, portanto, comparativamente aos demais, os ganhos com a seleção em gerações iniciais serão menores. (MARIS, 1988), estes resultados são

semelhantes aos observados por Orhum, 2018 em milho. Segundo este autor, estes caracteres são quantitativos e extremamente afetados por genótipo e ambiente (ORHUN, 2018).

Segundo Gomes *at al* (2020), a variável NFP está intimamente relacionada ao aumento na produtividade de óleo por área em abóbora. Portanto, associado à alta estimativa de herdabilidade para essa variável, constata-se boa possibilidade de ganho na produtividade de óleo à medida que se selecionam plantas com maiores valores de NFP.

As maiores diferenças entre  $h^2_a$  e  $h^2_r$  para os caracteres %OL, EMS e NTSF demonstram o maior envolvimento dos efeitos de dominância no controle genético desses caracteres, o que também foi confirmado pelos maiores valores de  $\sqrt{(H/D)}$  para esses caracteres.

As altas estimativas de correlação com valores positivos entre os caracteres associados a produção de sementes, tais como, M100S e MTSF, associadas as altas estimativas destes com C18:1( $\Delta^9$ ) confere maior facilidade de ganhos simultâneos para ambos, o que implicará em maiores ganhos, visando aumento da produção de óleo com perfil de ácidos graxos desejável.

A alta magnitude da estimativa negativa de correlação entre C18:1( $\Delta^9$ ) e C18:2( $\Delta^{9,12}$ ) também foi encontrada por Nederal et al (2014) e pode ser justificada pelo fato do C18:2( $\Delta^{9,12}$ ) ser produzido a partir da conversão de C18:1( $\Delta^9$ ) (MERCER et al., 1990). Sob o ponto de vista de obtenção de ganhos para C18:1( $\Delta^9$ ) e redução de C18:2( $\Delta^{9,12}$ ) isso facilita o progresso de melhoramento genético, uma vez, que poderemos ter ganhos para ambos simultaneamente.

A ausência de correlação entre %OL e os demais caracteres relacionados a produtividade de sementes e qualidade do óleo, demonstra que é possível ganhos na produtividade e qualidade do óleo sem reduzir a %OL. O que também colabora com maiores ganhos para o programa em questão.

## 5. CONCLUSÕES

Com base no cruzamento realizado, pode-se concluir que os efeitos aditivos foram predominantes para a maioria dos caracteres, portanto para esses caracteres o desenvolvimento de linhagens se mostra uma estratégia recomendada, pois será possível o acúmulo de alelos favoráveis ao longo das gerações de autofecundação e seleção.

Constatou-se sobredominância para teor de óleo (%OL), logo o desenvolvimento de híbridos visando o desenvolvimento de genótipos com maior teor de óleo é viável.

A realização de teste de progênie para esses caracteres que possuem efeito de dominância significativos ao longo das gerações de autofecundação possibilitará a distinção entre os genótipos, possibilitando assim maior eficiência na seleção, consequentemente maiores ganhos.

A seleção recorrente intrapopulacional em avaliações precoces para a maioria desses caracteres pode ser útil para aumento da frequência de alelos favoráveis, visando o desenvolvimento de variedade de polinização aberta com maior produtividade de óleo associada a maior estabilidade do óleo funcional.

As estimativas de correlações genéticas foram em geral de alta magnitude e sentido favorável ao aumento na produtividade de óleo e melhoria do perfil de ácidos graxos em abóbora.

## 6. REFERÊNCIAS

ALMEIDA, C.F., GOMES, R.S., MACHADO JUNIOR, R., OLIVEIRA, R.L., LAURINDO, R. D. F., CHAGAS, R. R., SILVA, D. J. H. Genetic control of internode length in winter squash (*Cucurbita moschata*). **Genetics and molecular research**, v.19, p.1-15, 2020.

ALMEIDA, V.C., VIANA, J.M.S., RISSO, L.A., RIBEIRO C., DELIMA, R.O. Generation mean analysis for nitrogen and phosphorus uptake, utilization, and translocation indexes at vegetative stage in tropical popcorn. **Euphytica**, v.214, p.1-12, 2018.

APPLEQUIST, W.L., AVULA, B. SCHANEBERG, B.T., WANG, Y-H., KHAN, I.A. Comparative fatty acid content of seeds of four *Cucurbita* species grown in a common (shared) garden. **Journal of Food Composition and Analysis**, v.19, p.606-611, 2006.

AZEVEDO, A.M., SEUS, R., GOMES, C.L., FREITAS, E.M., CANDIDO, D.M., SILVA, D.J.H., CARNEIRO, P.C. Correlações genotípicas e análise de trilha em famílias de meios-irmãos de couve de folhas. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.51, p.35-44, 2016.

BUBECK, D.M., FEHR, W.R., HAMMOND, E.G. Inheritance of Palmitic and Stearic Acid Mutants of Soybean. **Crop science**, v.29, p.652-656, 1989.

COONROD, D., BRICK, M.A. BYRNE, P.F. DEBONTE, L. CHEN, Z. Inheritance of long chain fatty acid content in rapeseed (*Brassica napus* L.). **Euphytica**, v.164, p.583-592, 2008.

COPATI, M.G.F., ALVES, F.M., DARIVA, F.D., PESSOA, H.P., DIAS, F.O., CARNEIRO, P.C.S., DA SILVA, D.J.H., NICK, C. Resistance of the wild tomato *Solanum habrochaites* to *Phytophthora infestans* is governed by a major gene and polygenes. **Anais da academia brasileira de ciências**, v.91, p.1-8, 2019.

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

DUBOIS, V., BRETON, S., LINDER, M., FANNI, J., PARMENTIER, M. Fatty acid profiles of 80 vegetable oils with regard to their nutritional potencial. **European Journal of Lipid Science and Technology**, v.109, p.710-732, 2007.

FARIA, G.M.P. **Controle genético do teor de óleo em sementes de algodão (*Gossypium spp*)**. 73p. Dissertação de mestrado. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG. 2012.

FEHR, W.R. Breeding for modified fatty acid composition in soybean. **Crop Science**, v.47, p.72-87, 2007.

GOMES, R.S., MACHADO JÚNIOR, R., DE ALMEIDA, C.F., CHAGAS, R.R., DE OLIVEIRA, R.L., DELAZARI, F.T., DA SILVA, D.J.H. Brazilian germplasm of winter squash (*Cucurbita moschata* D.) displays vast genetic variability, allowing identification of promising genotypes for agro-morphological traits. **Plos One**, v.15, p.1-26, 2020.

GREINER, C.A. Economic implications of modified soybean traits. **Special report**, v.92, p.1-100, 1990.

INTERNATIONAL OLIVE OIL COUNCIL. Brasil: Olive oil imports. 2020. Disponível em: <http://www.internationaloliveoil.org/>. Acesso em: 4 de março de 2021.

JARRET, R.L., LEVY, I., POTTER, T.L., CERMAK, S.C., MERRICK, L.C. Seed oil content and fatty acid composition in a genebank collection of *Cucurbita moschata* Duchesne and *C. argyrosperma* C. Huber. **Plant Genet Resources**, v.11, p.149-157, 2013.

KEARSEY, M.J., POONI, H.S. **The Genetical Analysis of Quantitative Traits**. Chapman and Hall, London. p.381, 1996.

KOK, L.L., FEHR, W.R., HAMMOND, E.G., WHITE, P.J. Trans-Free margarine from highly saturated soybean oil. **Journal of the American Oil Chemist Society**, v.76, p.1175-1181, 1999.

KUMAR, B., PATRA, N.K. Genetic analysis of capsule and its associated economic traits in opium poppy (*Papaver somniferum* L.). **Journal of Heredity**, v.101, p.657-660, 2010.

KUMAR, R., WEHNER, T.C. Quantitative Analysis of Generations for 536 Inheritance of Fruit Yield in Watermelon. **HortScience**, v.48, p.844-847, 2013.

LAURINDO, R.D.F. **Controle do porte e dissimilaridade genética em abóbora com potencial oleaginoso**. 108p. Tese de doutorado. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG. 2020.

LAURINDO, R.D.F., LAURINDO, B.S., DELAZARI, F.T., CARNEIRO, P.C. De S, Da SILVA, D.J.H. Potential of hybrids and segregating populations of pumpkin for oil content in seeds and shrub-type plants. **Revista Ceres**, v.64, p.582-591, 2017.

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.

MARIS, B. Correlations within and between characters between and within generations as a measure for the early generation selection in potato breeding. **Euphytica**, Wageningen, v.37, p.205-209, 1988.

MATHER, K., JINKS, J.L. **Introduction to biometrical genetics**. London: Chapman and Hall, 1977.

MELLO, L.D., PINHEIRO, M.F. Aspectos físico-químicos de azeites de oliva e de folhas de oliveira provenientes de cultivares do RS, Brasil. **Alimentos e Nutrição**. v.23, p.537-548, 2012.

MERCER, L.C., WYNNE J.C., YOUNG, C.T. Inheritance of Fatty Acid Content in Peanut Oil. **Peanut science**. v.17, p.17-21, 1990.

NAGAR, A., SUREJA, A.K., KAR, A., BHARDWAJ, R., KRISHNAN, S.G., MUNSHI A Das. Profiling of mineral nutrients and variability study in pumpkin (*Cucurbita moschata*) genotypes. **Agricultural Research**, v.7, p.225-231, 2018.

NASCIMENTO, M.F., RÊGO, E.R.D., NASCIMENTO, N.F.F.D., LEITE, P.S.D.S., FINGER, F.L., BRUCKNER, C.H., RÊGO, M.M.D. Heritability of morpho-agronomic traits in ornamental pepper. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.19, p.253-261, 2019.

NEDERAL, S., PETROVIC, M., VINCEK, D., PUKEC, D., SKEVIN, D., KRALJIC, K., OBRANOVIC, M. Variance of quality parameters and fatty acid composition in pumpkin seed oil during three crop seasons. **Industrial Crops and Products**. v.60, p.15-21, 2014.

NICK, C., BORÉM, A. **Abóboras e Morangas do plantio à colheita**. 1. Ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 203p, 2017.

OLIVOTO, T., LÚCIO, A.D.C. metan: an R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v.11, p.783-789, 2020.

ORHUN, G.E. Genetic Control of Oil and Saturated Fatty Acids in Maize (*Zea mays* L.) Populations. **Journal of Agricultural Faculty of Gaziosmanpasa University**, v.35, p.242-247, 2018.

PANDEY, S., JHA A., KUMAR, S., RAI, M. Genetics and heterosis of quality and yield of pumpkin. **Indian Journal Horticulture**, v.67, p.333-338, 2010.

PATEL, S. Pumpkin (*Cucurbita* sp.) seeds as nutraceutical: A review on status quo and scopes. **Mediterranean Journal of Nutrition and Metabolism**, v.4, p.51-62, 2013.

RAGHEB, E.E. Recurrent Selection and Selfing with Selection as a Tools for Improvement of Sweet melon (*Cucumis melo* var. *aegyptiacus*). **Egyptian Journal of Horticulture**, v.43, p.427-439, 2016.

RAMALHO, M.A.P., SANTOS, J.B., PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária**. Lavras: UFLA. p.472, 2012.

RAMOS, A. AOCS. Approved procedure Am 5-04, rapid determination of oil/fat utilizing high temperature solvent extraction. **Urbana, IL: American Oil Chemists' Society**. p.1-3, 2005.

R CORE TEAM. *R*: A language and environment for statistical computing (version 4.0.2) [Software]. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>, 2020.

ROCHA, M.M., CARVALHO, K.J.M., FREIRE FILHO, F.R., LOPES, A.C.A., GOMES, R.L.F., SOUSA, I.S. Controle genético do comprimento do pedúnculo em feijão-caupi. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, p.270-275, 2009.

SAID, A. A. Generation mean analysis in wheat (*Triticum aestivum* L.) under drought stress conditions. **Annals of Agricultural Sciences**, v.59, p.177-184, 2014.

SALTA, F.N., MYLONA, A., CHIOU, A., BOSKOU, G., ANDRIKOPOULOS, N. Oxidative stability of edible vegetable oils enriched in polyphenols with olive leaf extract. **Food science and technology internacional**, v.13, p.413-421, 2007.

SHAHROKHI, M., KHORASANI, S.K., EBRAHIMI, A. Generation Mean Analysis for Yield and Yield Components in Maize (*Zea mays* L.). **Journal of Plant Physiology and Breeding**. v.1, p.59-72, 2011.

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.

STEEL, R.G.D., TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics. A biometrical approach**, McGraw-Hill Book Company, 1980.

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. Agricultural and Food Chemistry**, v.55, p.4005-4013, 2007.

UZOKWE, V.N.E., ADJEI, B.A.S., AWOLE, I.F., ABAIDOO, R., ODEH, I.O.A., OJO, D.K., ASHIELL, K.D., ANGINGA, N.S. Generation mean analysis of phosphorus-use efficiency in freely nodulating soybean crosses grown in low-phosphorus soil. **Plant Breeding**, v.136, p.139-146, 2017.

VERONEZI, C.M., JORGE, N. Chemical characterization of the lipid fractions of pumpkin seeds. **Nutricion & Food Science**. v.45, p.164-173, 2015.

WILSON, J.N., BARING, M.R., BUROW, M.D., ROONEY, W.L., SIMPSON, C.E. Generation Means Analysis of Oil Concentration in Peanut, **Journal of Crop Improvement**, v.27, p.85-95, 2013.

YADAV, N.S., WIERZBICKI, A., AEGERTER, M., CASTER, C.S., PEREZ-GRAU, L., KINNEY, A.J., HITZ, W.D., BOOTH JR, J.R., SCHWEIGER, B., STECCA, K.L. Cloning of Higher Plant (omega) – 3 Fatty Acid Desaturases. **Plant Physiology**, v.103, p.467-476, 1993.

ZEWDIE, Y., BOSLAND, P. Capsaicinoid inheritance in an interspecific hybridization of *Capsicum annuum* and *C. chinense*. **Journal of the American Society Horticulture Science**, v.125, p.448-453, 2000.

## **ARTIGO 2 – Seleção multicaracterística de genótipos de abóbora com crescimento compacto e com maior produtividade de óleo funcional de sementes**

### **RESUMO**

O objetivo deste trabalho foi selecionar genótipos de abóbora com crescimento compacto, florescimento precoces e com maior produtividade de óleo funcional de sementes. Foram avaliadas 76 famílias de meios irmãos, sendo cada família constituída por cinco plantas, totalizando 380 indivíduos. Foi utilizado o delineamento experimental de blocos aumentados (DBA), com 10 repetições para os tratamentos comuns. As características avaliadas compreenderam o porte e o ciclo de plantas, avaliados com base no comprimento médio de entrenós das ramas e número de dias para o florescimento, respectivamente; assim como a produtividade e perfil de ácidos graxos do óleo de sementes. Além disso, foram avaliadas características relacionadas ao rendimento de polpa como a espessura média de polpa. Os valores genéticos individuais e de famílias foram estimados a partir do procedimento da máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada (REML/BLUP), e a significância dos efeitos aleatórios do modelo foi avaliada via teste da razão de verossimilhança (LRT). Foram estimadas a acurácia e herdabilidades para famílias e indivíduos, e a seleção dos melhores genótipos foi realizada com o auxílio do índice FAI-BLUP (Factor Analysis and Ideotype-Design), comparando-se três estratégias de seleção, a saber: seleção de 20% das melhores famílias (1), seleção entre e dentro simultaneamente (2), seleção individual, independente de famílias (seleção massal) (3). O teste LRT revelou diferenças significativas entre famílias para todas as características avaliadas, o que não foi observado para indivíduos, uma vez que para estes não houve diferença significativa para as variáveis perfil de ácidos graxos e teor do óleo de sementes. Maiores valores de acurácia e herdabilidade individual foram observados para as características como porte e ciclo dos genótipos, assim como para as características relacionadas à produtividade de sementes. Associado a isso, obteve-se maiores ganhos de seleção com a estratégia de seleção individual, com ganhos preditos para redução do comprimento do entrenó de 15%, e ganho de produtividade de sementes em torno de 35%, sendo a seleção individual considerada a melhor estratégia de seleção. Os ganhos preditos para o perfil de ácidos graxos e teor de óleo foram próximos a zero, independente da estratégia de seleção. O índice FAI-BLUP viabilizou a seleção de genótipos de abóbora com crescimento compacto, precoces e com maior produtividade de óleo funcional de sementes que poderão ser utilizados em um programa de seleção recorrente intrapopulacional.

**Palavras – chave:** Análise de fatores, *Cucurbita moschata*, FAI-BLUP, índice de seleção, REML/BLUP.

**ARTIGO 2 – Multi-trait selection of winter squash genotypes with compact growth and higher functional seed oil productivity**

**ABSTRACT**

The objective of this work was to select winter squash genotypes with compact growth, earlier-flowering and with higher productivity of functional seed oil. A total of 76 half-sib families were assessed, each family consisted of five plants totaling 380 individuals. The experimental design of augmented blocks (DBA) was used, with 10 repetitions for the common treatments. The characteristics assessed comprised the plant size and cycle, evaluated based on the average length of the branches' internodes and on the number of days to flowering, respectively, as well as the productivity and fatty acid profile of seed oil. Characteristics related to pulp yield such as the average pulp thickness were also assessed. Individual and family breeding values were estimated using the restricted maximum likelihood/best unbiased linear prediction procedure (REML/BLUP), and the significance of random effects of the model was assessed using the likelihood ratio test (LRT). Accuracy and heritability for families and individuals were estimated, and the selection of the best genotypes was performed using the FAI-BLUP index (Factor Analysis and Ideotype-Design), comparing three selection strategies, namely: selection of 20% of the best families (1), selection between and within families simultaneously (2), and individual selection, independent of families (mass selection) (3). The LRT test revealed significant differences between families for all characteristics assessed, which was not observed for individuals, since there was no significant difference for individuals for the variables such as fatty acid profile and seed oil content. Higher values of accuracy and individual heritability were observed for characteristics such as size and cycle of genotypes, as well as for characteristics related to seed yield. Associated with this, greater selection gains were obtained with the individual selection strategy, with predicted gains of 15% in internode length reduction, and a seed productivity gain around 35%, with individual selection being considered the best selection strategy. The predicted gains for the fatty acid profile and oil content were close to zero, regardless of the selection strategy. The FAI-BLUP index enabled the selection of winter squash genotypes with compact growth, earlier-flowering and with higher productivity of functional seed oil that could be used in recurrent intrapopulation selection program.

**Keywords:** *Cucurbita moschata*. Factor analysis. FAI-BLUP. REML/BLUP. Selection index.

## 1. INTRODUÇÃO

A abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) é uma cultura amplamente consumida e produzida em várias regiões do país, além disso, possui uma infinidade de possibilidades de consumo, desde suas partes vegetativas, polpa dos frutos até as suas sementes (JACOBO-VALENZUELA et al., 2011). No entanto, no processamento dos seus frutos na indústria ainda é descartado cerca de 30% de partes como a casca e sementes, as quais poderiam ser aproveitadas (PUMAR et al., 2005). As sementes são importantes fontes de óleos com relevâncias quanto aos aspectos nutricional, industrial e farmacêuticos. Associado a isso, o teor de óleo das sementes de *C. moschata* é elevado podendo representar até 49% de sua composição (PATEL, 2013).

Além disso, o perfil lipídico deste óleo é constituído por cerca de 70% de ácidos graxos insaturados, com preponderância de ácidos graxos como linoleico C18:2 ( $\Delta^{9,12}$ ), e oleico C18:1 ( $\Delta^9$ ) (GOMES et al., 2021), o que proporciona baixa produção de radicais livres à dieta, além de conferir elevada estabilidade ao óleo durante o seu armazenamento (JAKAB et al., 2003). O óleo das sementes de *C. moschata* também é rico em componentes bioativos, tais como a vitamina E, carotenoides e tocoferóis, os quais protegem o óleo da oxidação e constituem componentes de importante atividade antioxidante (VERONEZI et al., 2015). No entanto, mesmo apresentando todos esses benefícios relacionados ao seu consumo, ainda assim, é pouco consumido pela grande maioria da população brasileira.

No Brasil, o azeite mais consumido é o de oliva que é na maior parte importado, uma vez que a produção nacional não atende a demanda do mercado interno. Em 2019, foram importadas cerca 86 mil toneladas de azeite de oliva, o que representou 98% do consumo interno de azeites do Brasil, colocando o país na posição de quarto maior importador do mundo, sendo que esse consumo tem aumentado em média cerca de 18% nos últimos anos (INTERNATIONAL OLIVE OIL COUNCIL, 2020). Diante disso, o uso do óleo de sementes de abóbora configura alternativa promissora ao atendimento à demanda por azeites com elevada qualidade nutricional, além de proporcionar renda extra aos produtores envolvidos com o seu cultivo.

Para que a produção do óleo das sementes de abóbora seja viável economicamente, é necessário que haja aumento na produtividade de sementes, o que é um desafio, porque além de ser uma característica ainda pouco explorada nesta cultura, a população de plantas de *C. moschata* costuma ser reduzida em comparação as demais culturas. Isso está atrelado ao fato

de que suas plantas ocupam grandes áreas em decorrência de seus caules rastejantes e hábito de crescimento indeterminado, emitindo ramas a grandes distâncias, o que impossibilita maiores adensamentos (PUIATTI & SILVA, 2005; NICK & BOREM, 2017). Isto constitui aspecto limitante para obtenção de maiores produtividades nesta cultura, comprometendo a viabilidade econômica da exploração de óleo (LAURINDO, 2020).

Diante disto, o incremento na produtividade de sementes desta olerícola depende de estratégias que possam assegurar o aumento do número de plantas por área, o que pode ser obtido com o desenvolvimento de genótipos com porte compacto via melhoramento genético.

Plantas compactas ocupam menor área, sendo que esta área está associada normalmente ao comprimento da rama, que de acordo com Singh (2017) é uma característica altamente correlacionada com o comprimento do entrenó, tornando este descritor importante na seleção de genótipos mais compactos. Segundo Maynard et al., (2002), plantas compactas possuem hábito de crescimento “do tipo moita” e permitem a obtenção de maior população por área, comparadas àquelas de ramas longas. Conseqüentemente a transferência desses alelos para genótipos promissores quanto a produtividade de óleo, viabiliza o aumento do número de plantas por área, proporcionando maior produtividade de semente e de óleo.

Conforme observado, mais de uma característica deve ser considerada em um programa de melhoramento visando o desenvolvimento de genótipos compactos e com a alta produtividade de óleo funcional. Para que haja ganhos para todas elas simultaneamente, é necessário o uso de índices de seleção os quais podem ser otimizados a partir do uso de médias genotípicas individuais, que representam uma medida do valor genético aditivo que constituirá a próxima geração (OLIVEIRA et al., 2021b).

Na literatura são encontrados vários índices de seleção possíveis, tais como, índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice com base na soma de postos ou ranks de Mulamba e Mock (1978), dentre outros. Recentemente foi proposto por Rocha et al. (2018) o índice de seleção FAI-BLUP (Factor Analysis and Ideotype-Design) que considera as correlações genéticas entre as características de interesse e o ideótipo. Este índice possui algumas vantagens em relação àqueles tradicionalmente utilizados, destacando-se a possibilidade de uso em dados desbalanceados, ausência da necessidade da atribuição de pesos às diferentes características e não apresenta problemas de multicolinearidade, tendo sido obtidos ótimos desempenhos em diversas pesquisas (OLIVEIRA et al., 2020b; ALMEIDA et al., 2021; ROCHA et al., 2019; WOYANN et al., 2019).

Neste sentido, o índice de seleção FAI-BLUP poderá direcionar o melhorista na seleção de genótipos mais próximos ao ideótipo (ROCHA et al., 2018). No caso específico da

produtividade de óleo e porte, pode-se considerar os componentes de produção de óleo, tais como, maior massa de sementes por fruto, número de frutos por planta, teor de óleo, assim como estabilidade do perfil de ácidos graxos e o menor comprimento do entrenó como os principais.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi selecionar genótipos de abóbora compactos, precoces e com maior produtividade de óleo funcional de sementes através do índice de seleção FAI-BLUP, comparando-se diferentes estratégias de seleção.

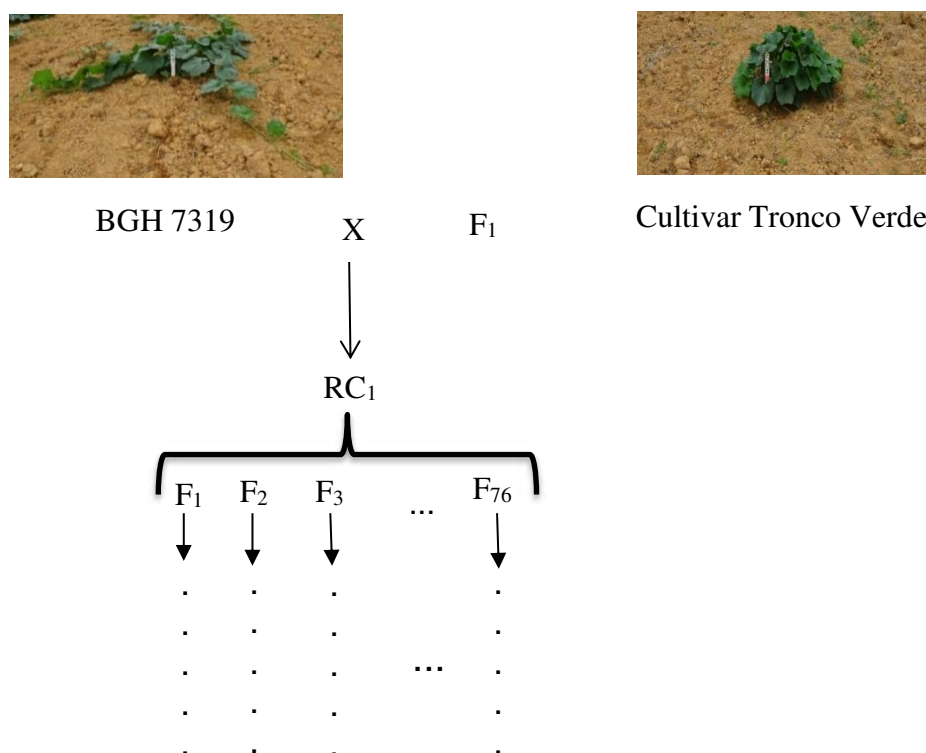
## **2 MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 Obtenção dos genótipos e condução do experimento**

Para obtenção das progênes avaliadas no presente experimento, foram utilizados como genitores o acesso BGH 7319 e o cultivar Tronco verde. O acesso BGH 7319 pertence ao Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV) e produz elevada massa de sementes por fruto, sementes com elevado teor de óleo e perfil lipídico com predomínio de ácidos graxos insaturados (SOBREIRA, 2013), sendo considerado promissor para o uso em programas que visam ao aumento da concentração de ácidos graxos funcionais em sementes de abóbora. Já o cultivar Tronco Verde possui o gene que confere redução do porte da planta em homozigose.

Estes genitores foram cruzados para obtenção da geração  $F_1$  que foi retrocruzada com o acesso BGH 7319 para obtenção da geração  $RC_1$ . Nesta geração foram cultivadas 89 plantas  $RC_1$  (ALMEIDA et al., 2020), que foram colhidas separadamente. Sendo obtida uma progênie de cada planta, portanto 89 progênes que foram denominadas como famílias. Cada família foi constituída por cinco plantas, oriundas de sementes de um único fruto de cada planta  $RC_1$ . Das 89 famílias foram avaliadas 76, uma vez que algumas plantas morreram ou não produziram frutos ou sementes (Esquema 1).

**Esquema 1:** Cruzamento realizado e famílias avaliadas visando desenvolvimento de genótipos mais compactos e com alta produção de óleo funcional de sementes de abóbora



Acesso BGH 7319 - acesso pertencente ao Banco de Germoplasma de Hortaliças (BGH) da Universidade Federal de Viçosa e considerado promissor para o programa de melhoramento visando produção de óleo funcional; Cultivar Tronco verde - cultivar que possui o gene que confere redução do entrenó em homozigose. F<sub>1</sub>: Geração oriunda do cruzamento entre BGH 7319 e Tronco Verde; RC<sub>1</sub>: Geração oriunda do cruzamento entre a F<sub>1</sub> e BGH 7319. F<sub>1</sub>-F<sub>76</sub>: Famílias avaliadas; ..... 5 plantas avaliadas por família.

\*Imagens obtidas aos 52 dias após o transplantio.

## 2.2 Delineamento experimental.

O experimento foi conduzido no campo experimental do setor de Olericultura da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa – Minas Gerais, (20° 45' 14'' S, 42° 52' 53'' W). Todos os tratamentos culturais foram realizados de acordo com as recomendações para a cultura (NICK & BOREM et al, 2017).

O delineamento experimental utilizado foi o de blocos aumentados (DBA) de Federer (1956), com 10 repetições para os tratamentos comuns, que no presente trabalho foram o acesso BGH - 7319 e os cultivares Tronco Verde e Piramoita, sendo todos distribuídos aleatoriamente em cada um dos 10 blocos, já os tratamentos regulares foram as 76 famílias, que também foram designadas aleatoriamente a todos os blocos, sendo aproximadamente oito por bloco.

Todos os tratamentos, comuns e regulares, foram constituídos por cinco plantas. Portanto, foram avaliados 380 indivíduos dos tratamentos regulares (76 x 5) e 150 dos

tratamentos comuns (3 x 5 x 10). O espaçamento utilizado foi de 3,0 x 3,5 m entre plantas e fileiras, respectivamente.

### 2.3 Características avaliadas

As características avaliadas foram espessura média da polpa (EMP), obtida com a mensuração dos quatro lados da polpa com auxílio de uma régua graduada, diâmetro transversal (DTCI) e longitudinal da cavidade interna (DLCI); massa de 100 sementes (M100S); Massa total de sementes por fruto (MTSF); Número total de sementes por fruto (NTSF); Comprimento (CMS), largura (LMS) e espessura (EMS) média das sementes; Número de frutos por planta (NFP); produtividade de sementes por planta (PRODSP), obtida pela multiplicação de NFP e MTSF, teor total de óleo (%OL) e perfil de ácidos graxos, quanto ao ciclo foram mensurados dias para o florescimento feminino e masculino, DFF e DFM, respectivamente, contados a partir da abertura da primeira flor de cada planta.

Além dessas características, também foram mensurados o comprimento médio do entrenó antes e após a primeira flor feminina, CMEA e CMED, respectivamente, sendo ambos obtidos pela razão do comprimento de três entrenós, localizados imediatamente antes e após a estrutura floral feminina pelo número de entrenós em cada intervalo.

Para todas as medidas referentes a medição, tais como, comprimento, largura e espessura médias das sementes foi utilizado paquímetro digital, sendo utilizadas as medidas em milímetros e obtidas de cinco sementes representativas, enquanto àquelas relacionadas à massa foi utilizada balança digital, com precisão de quatro casas decimais em gramas. Todas as informações foram extraídas de um fruto por planta.

O teor total de óleo (%OL), assim como, perfil de ácidos graxos foram estimados pelos modelos de predição NIR- (*Near infrared reflectance*), desenvolvidos por Oliveira (2021a). Em que foram coletados os espectros das sementes trituradas em moinho de facas tipo Willey com peneira de crivos de 1 mm. Para obtenção dos espectros NIR utilizou-se o instrumento Antaris II FT-NIR com transformada de Fourier e esfera de integração (Thermo Scientific), em que, preencheu-se com a amostra triturada um acessório de fundo de quartzo de cinco centímetros de diâmetro, que foi então posicionado na janela do instrumento. O procedimento foi realizado em triplicata e o espectro médio foi salvo para a etapa de predição. Os espectros foram obtidos utilizando software TQ Analysis, sendo coletados a cada 30 seg com a faixa espectral de 10.000-4.000  $\text{cm}^{-1}$  e resolução espectral de 3,8  $\text{cm}^{-1}$ . Um espectro de referência de fundo foi adquirido a cada 15 amostras. Para cada amostra, 32 escaneamentos foram realizados e a média armazenada. Os espectros foram obtidos em módulo de reflectância difusa e os espectros

armazenados como absorvência,  $\log(1/R)$ , onde  $R$  é a reflectância coletada. (OLIVEIRA, 2021a)

## 2.4 Análises estatísticas

### 2.4.1 Modelo estatístico

Para estimar os valores genéticos individuais e de famílias foi utilizado para as análises estatísticas o procedimento da máxima verossimilhança restrita / melhor predição linear não viesada (REML/BLUP), conforme Patterson e Thompson (1971) e Henderson (1975).

O modelo estatístico utilizado para o delineamento de blocos aumentados de Federer (1956) foi:

$$y = Xr + Zf + Wg + Tb + e,$$

Onde,  $y$  é o vetor de dados,  $r$  é a média geral (assumido como fixo),  $f$  é o vetor dos efeitos genéticos de famílias (assumidos como aleatórios)  $f \sim N(0, \sigma_f^2)$ ;  $g$  é o vetor dos efeitos de indivíduos (assumidos como aleatórios)  $g \sim N(0, \sigma_g^2)$ ;  $b$  é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios)  $b \sim N(0, \sigma_b^2)$ ; e  $e$  é o vetor de resíduos (aleatórios)  $e \sim N(0, \sigma_e^2)$ . As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

A significância de cada efeito aleatório do modelo estatístico foi avaliada via teste da razão de verossimilhança (LRT) proposto por Wilks (1938) em que a estimativa LRT foi comparada com o valor do qui-quadrado tabelado, com um grau de liberdade e nível de significância de 1% e 5%.

$$LRT = 2 \text{Log}Lc - 2 \text{Log}Lr$$

Em que:

$\text{Log}Lc$ : máximo da função de verossimilhança para o modelo completo;

$\text{Log}Lr$ : máximo da função de verossimilhança para o modelo reduzido.

### 2.4.2 Acurácia de famílias e indivíduos

A acurácia de famílias ( $r_{\hat{g}_{FAM}}$ ) e indivíduo ( $r_{\hat{g}_{IND}}$ ) foi estimada de acordo com as seguintes equações:

Acurácia de família ( $r_{\hat{g}_{FAM}}$ ):

$$r_{\hat{g}_{FAM}} = \sqrt{1 - \frac{PEV_{FAM}}{\hat{\sigma}_{FAM}^2}}$$

Acurácia de indivíduo ( $r_{\hat{g}_{IND}}$ ):

$$r_{gg_{IND}} = \sqrt{1 - \frac{PEV_{IND}}{\hat{\sigma}_g^2}}$$

Onde:  $PEV_{FAM}$  e  $PEV_{IND}$  são as variâncias do erro de predição dos valores genotípicos de família e indivíduo respectivamente; e  $\sigma_{FAM}^2$  e  $\hat{\sigma}_g^2$  são as variâncias genotípicas entre famílias e indivíduos respectivamente.

### 2.4.3 Herdabilidade de famílias e individual

A herdabilidade de sentido amplo ( $h_g^2$ ) de famílias ( $h_{FAM}^2$ ) e individual ( $h_{IND}^2$ ) foi estimada de acordo com as seguintes equações:

Herdabilidade de famílias ( $h_{FAM}^2$ )

$$h_{FAM}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{FAM}^2}{\sigma_f^2}$$

Herdabilidade individual ( $h_{IND}^2$ )

$$h_{IND}^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\sigma_f^2}$$

Onde:  $\hat{\sigma}_{FAM}^2$  e  $\hat{\sigma}_g^2$  são as variâncias genotípicas entre famílias e indivíduos respectivamente; e  $\sigma_f^2$  a variância fenotípica, que pode ser dada pela soma dos componentes de variâncias estimadas para cada característica.

### 2.5 Índice de seleção FAI-BLUP

O índice de seleção FAI-BLUP proposto por Rocha et al. (2018), fundamenta-se na análise de fatores e na distância genótipo-ideótipo de forma multicaracterística. Na análise de fatores foram obtidos os autovalores e as variâncias acumuladas referentes aos componentes principais obtidos a partir da matriz de correlação genotípica entre as variáveis. Já os ideótipos, foram definidos com base no sentido desejável das características de acordo com os objetivos do programa de melhoramento em questão.

O ideótipo desejável utilizado no índice FAI-BLUP, encontra-se na tabela 1.

**Tabela 1-** Ideótipo de abóbora visando desenvolvimento de genótipos mais compactos, precoces e alta produtividade de óleo utilizando o índice FAI-BLUP.

	EMP	DTCI	DLCI	MTSF	M100S	NTSF	CMS	LMS	EMS	PRODSP
Ideótipo	Min	Max	Max	Max	Max	Max	Max	Max	Max	Max
	NFP	CMEA	CMED	C16:00	C18:00	C18:1	C18:2	%OL	DFM	DFE
Ideótipo	Max	Min	Min	Min	Max	Max	Min	Max	Min	Min

EMP: espessura média da polpa do fruto; DTCI, DLCI: Diâmetro transversal e longitudinal da cavidade interna, respectivamente; MTSF: massa total de semente por fruto; P100S: Massa de 100 sementes, NTSF: Número de sementes por fruto, CMS, LMS, EMS: Comprimento, largura e espessura média das sementes, respectivamente; PRODSP: Produtividade de sementes por planta (NFP x MTSF); CMEA, CMED: comprimento médio do entrenó antes e após a primeira flor feminina respectivamente; C16:00- Ácido Palmítico; C18:00 Ácido esteárico; C18:1( $\Delta^9$ ) - Ácido oleico; C18:2( $\Delta^{9,12}$ ) - Ácido linoleico; %OL - Teor total de óleo expressa em percentagem de massa de sementes (g/100g), em base seca. DFM, DFE: Dias para o florescimento masculino e feminino, respectivamente. Min: mínimo valor genotípico; Max: máximo valor genotípico.

Em seguida, foram calculadas as distâncias entre os genótipos e os ideótipos, para que seja feito o ranqueamento dos genótipos que possuem menor distância em relação ao ideótipo de interesse, foram estimadas e convertidas em probabilidade espacial segundo a fórmula:

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1; j=1}^{i=n; j=m} \frac{1}{d_{ij}}}$$

Onde:  $P_{ij}$ : é a probabilidade do  $i$ -ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, n$ ) ser similar ao  $j$ -ésimo ideótipo ( $j = 1, 2, \dots, m$ );  $d_{ij}$ : distância genótipo-ideótipo entre o  $i$ -ésimo genótipo e o  $j$ -ésimo ideótipo – baseada na distância Euclidiana média padronizada.

## 2.6 Ganhos genotípicos preditos via diferentes estratégias de seleção

Foram comparadas três estratégias de seleção

### 2.6.1 Seleção entre famílias (1)

A partir do ranqueamento estabelecido pelo índice FAI BLUP, foram selecionadas as 20% melhores famílias, sendo preditos os ganhos de seleção (GS%) para cada característica, conforme a equação:

$$GS\% = \frac{\bar{X}_{s1} - \bar{X}_o}{\bar{X}_o} * 100$$

Em que GS%: Corresponde ao ganho de seleção predito da população;  $\bar{X}_{s1}$ : é a média BLUP das famílias selecionadas pela estratégia 1;  $\bar{X}_o$ : é a média BLUP geral da população.

### 2.6.2 Seleção entre e dentro (2)

A partir da seleção das 20% melhores famílias pelo índice FAI BLUP, foi realizada a seleção dentro destas, utilizando o ranqueamento estabelecido pelo índice FAI BLUP individual, selecionando os 40% maiores dentro de cada família e posteriormente, foram preditos os ganhos (GS%) para cada característica, conforme a equação:

$$GS\% = \frac{\bar{X}_{s2} - \bar{X}_o}{\bar{X}_o} * 100$$

Em que GS%: Corresponde ao ganho de seleção predito da população;  $\bar{X}_{s2}$ : é a média BLUP dos genótipos selecionados pela estratégia 2;  $\bar{X}_o$ : é a média BLUP geral da população.

### 2.6.3 Seleção individual (Seleção massal)

Desconsiderando as famílias e utilizando o índice FAI BLUP individual, foram selecionados os 50 melhores indivíduos, sendo preditos os ganhos (GS%) para cada característica, conforme a equação:

$$GS\% = \frac{\bar{X}_{s3} - \bar{X}_o}{\bar{X}_o} * 100$$

Em que: GS%: é o ganho de seleção da população;  $\bar{X}_{s3}$ : é a média BLUP dos genótipos selecionados pela estratégia 3;  $\bar{X}_o$ : é a média BLUP geral da população.

## 2.7 Softwares estatísticos

Os dados foram analisados pela metodologia de modelos mistos, em que foi utilizado o software ASReml (GILMOUR et al., 2015) para estimativa dos efeitos entre famílias, individual e para o teste da razão de verossimilhança.

A seleção por meio do índice de seleção FAI-BLUP foi realizada no programa computacional R (R Core Team, 2018), conforme rotina fornecida por Rocha et al. (2018).

## 3 RESULTADOS

### 3.1 Teste da razão de verossimilhança (LRT)

O teste de razão de verossimilhança (LRT) revelou diferenças significativas ( $p \leq 0,05$ ) entre famílias para todas as características avaliadas (Tabela 2), o que não foi observado para indivíduos, uma vez que para o mesmo não houve diferença significativa para as características associadas ao perfil de ácidos graxos e %OL, assim como, CMS e LMS. Já em relação à blocos, exceto para as variáveis de CMS, LMS, NFP e DFM, todas as demais não foram significativas.

**Tabela 2-** Teste de significância via teste da razão de verossimilhança (LRT) de características associadas ao porte, produtividade e perfil de ácidos graxos do óleo de sementes de abóbora.

Características	Efeitos		
	Famílias	Indivíduos	Blocos
EMP	14,11**	4,22*	0,00 <sup>ns</sup>
DTCI	26,95**	55,01**	1,08 <sup>ns</sup>
DLCI	41,30**	48,33**	0,44 <sup>ns</sup>
MTSF	5,62*	45,77**	0,00 <sup>ns</sup>
P100S	4,52*	8,61**	1,48 <sup>ns</sup>
NTSF	5,68*	8,69**	0,00 <sup>ns</sup>
CMS	30,70**	0,58 <sup>ns</sup>	5,18*
LMS	24,10**	0,01 <sup>ns</sup>	3,86*
EMS	6,83*	33,30**	1,56 <sup>ns</sup>
NFP	19,57**	56,64**	6,20**
PRODSP	16,62**	85,90**	3,19 <sup>ns</sup>
CMEA	12,58**	72,22**	0,40 <sup>ns</sup>
CMED	12,16**	76,22**	0,39 <sup>ns</sup>
C16:00	11,65**	0,42 <sup>ns</sup>	0,87 <sup>ns</sup>
C18:00	17,14**	0,00 <sup>ns</sup>	3,76 <sup>ns</sup>
C18:1( $\Delta^9$ )	25,96**	0,00 <sup>ns</sup>	1,17 <sup>ns</sup>
C18:2( $\Delta^{9,12}$ )	12,70**	1,61 <sup>ns</sup>	0,64 <sup>ns</sup>
%OL	12,91**	0,00 <sup>ns</sup>	0,00 <sup>ns</sup>
DFM	37,99**	24,99**	14,96**
DFF	38,56**	65,83**	1,98 <sup>ns</sup>

EMP: espessura média da polpa do fruto; DTCI, DLCI: Diâmetro transversal e longitudinal da cavidade interna, respectivamente; MTSF: massa total de semente por fruto; P100S: Massa de 100 sementes, NTSF: Número de sementes por fruto, CMS, LMS, EMS: Comprimento, largura e espessura média das sementes, respectivamente; NFP: Número de frutos por planta; PRODSP: Produtividade de sementes por planta (NFP x MTSF); CMEA, CMED: comprimento médio do entrenó antes e após a primeira flor feminina respectivamente; C16:00- Ácido Palmítico; C18:00 Ácido esteárico; C18:1( $\Delta^9$ ) - Ácido oleico; C18:2( $\Delta^{9,12}$ ) - Ácido linoleico; %OL - Teor total de óleo expressa em percentagem de massa de sementes (g/100g), em base seca. DFM, DFF: Dias para o florescimento masculino e feminino, respectivamente. ns: não significativo; \*\* e \*:  $p \leq 0,01$  e  $p \leq 0,05$ , respectivamente.

### 3.2 Acurácia e herdabilidade

De acordo com Resende e Duarte (2007) as estimativas de acurácia podem ser classificadas como baixa (0,1 - 0,4), moderada (0,5 - 0,65), alta (0,7 - 0,85) e muito alta (0,9 - 0,99). Portanto para família, as estimativas em geral foram de moderadas a alta, sendo as menores estimativas para características de sementes, tais como, M100S (0,57), MTSF e NTSF (0,58) e as maiores para as relacionadas a espessura de fruto e dias para o florescimento, variando de 0,75 para DTCI a 0,8 para DLCI e DFF (Tabela 3). Quanto a acurácia individual, as estimativas podem ser classificadas desde baixas a altas, sendo baixas aquelas associadas ao perfil (C16:00, C18:00, C18:1( $\Delta^9$ ), C18:2( $\Delta^{9,12}$ )), %OL, LMS e CMS, moderadas EMP, M100S e NTSF, e altas as demais, destacando-se a PRODSP que apresentou a maior estimativa (0,83) seguida de CMEA e CMED (0,80).

Quando comparadas as estimativas de acurácia individual e de família, em geral, observamos superioridade da primeira para as características relacionadas a produtividade de sementes, tais como, MTSF e PRODSP e relacionadas ao porte, tais como CMEA e CMED. Essa superioridade não foi observada principalmente para àquelas relacionadas ao perfil de ácidos graxos, tais como, C16:00, C18:00, C18:1( $\Delta^9$ ), C18:2 ( $\Delta^{9,12}$ ) e teor de óleo (%OL).

Em geral, as estimativas de herdabilidade individual foram superiores às observadas para família, com exceção da EMP, CMS, LMS, %OL e o perfil de ácidos graxos. Vale destacar as variáveis MTSF, NFP, PRODSP, CMEA e CMED que obtiveram estimativas superiores a 0,54. Com relação a herdabilidade de família, os valores foram baixos, variando de 0,09 para M100S a 0,28 para DLCI e DFF.

**Tabela 3-** Acurácia e herdabilidade das características associadas ao porte, produtividade e perfil de ácidos graxos do óleo de sementes de abóbora entre famílias e indivíduo.

Características	Acurácia		Herdabilidade	
	Famílias	Indivíduo	Famílias	Indivíduo
EMP	0,77	0,44	0,23 (0,06)	0,17 (0,08)
DTCI	0,75	0,78	0,22 (0,05)	0,53 (0,06)
DLCI	0,80	0,75	0,28 (0,06)	0,46 (0,06)
MTSF	0,58	0,75	0,10 (0,05)	0,54 (0,06)
P100S	0,57	0,50	0,09 (0,05)	0,24 (0,09)
NTSF	0,58	0,53	0,10 (0,05)	0,27 (0,09)
CMS	0,78	0,28	0,25 (0,06)	-
LMS	0,78	0,00	0,24 (0,06)	-
SEM	0,6	0,70	0,11 (0,05)	0,46 (0,07)
NFP	0,72	0,78	0,19 (0,05)	0,54 (0,06)
PRODSP	0,7	0,83	0,18 (0,05)	0,62 (0,05)
CMEA	0,67	0,80	0,15 (0,05)	0,60 (0,06)
CMED	0,67	0,80	0,15 (0,05)	0,60 (0,06)
C16:00	0,73	0,23	0,19 (0,06)	-
C18:00	0,7	0,00	0,17 (0,04)	-
C18:1( $\Delta^9$ )	0,79	0,00	0,26 (0,05)	-
C18:2( $\Delta^{9,12}$ )	0,74	0,35	0,20 (0,06)	-
%OL	0,66	0,00	0,13 (0,04)	-
DFM	0,79	0,66	0,26 (0,06)	0,35 (0,06)
DFF	0,8	0,78	0,28 (0,06)	0,50 (0,06)

Valores entre parênteses: Erro padrão; EMP: espessura média da polpa do fruto; DTCI, DLCI: Diâmetro transversal e longitudinal da cavidade interna, respectivamente; MTSF: massa total de semente por fruto; P100S: Massa de 100 sementes, respectivamente; NTSF: Número de sementes por fruto, CMS, LMS, EMS: Comprimento, largura e espessura média das sementes, respectivamente; PRODSP: Produtividade de sementes por planta (NFP x MTSF); CMEA, CMED: Comprimento médio do entrenó antes e após a primeira flor feminina respectivamente; C16:00- Ácido Palmítico; C18:00 Ácido esteárico; C18:1( $\Delta^9$ ) - Ácido oleico; C18:2( $\Delta^{9,12}$ ) - Ácido linoleico; %OL - Teor total de óleo expressa em percentagem de massa de sementes (g/100g), em base seca. DFM, DFF: Dias para o florescimento masculino e feminino, respectivamente. - Características com efeitos não significativos, então não calculadas.

### 3.3 Índice de seleção FAI-BLUP

#### Análise de fatores

Entre famílias, foram obtidos 20 componentes principais, sendo explicados 85,04% da variância total pelos oito primeiros. Já entre indivíduos, foram encontrados 13 componentes, sendo que os cinco primeiros explicaram 77,12% da variância total (dados em negrito) (Tabela 4).

De acordo com o critério de Kaiser (1958) o número de fatores é definido pelo número de autovalores iguais ou superiores à unidade. Sendo assim, foram utilizados no índice FAI-BLUP, os oito e cinco primeiros fatores para famílias e indivíduo, respectivamente, visando a

seleção dos genótipos mais compactos, precoces e com maior produtividade de óleo funcional de sementes de abóbora (Tabela 4).

**Tabela 4-** Autovalores e variância acumulada explicadas pelos componentes principais para as características avaliadas entre famílias e indivíduo.

Componente principal	Entre Famílias		Entre indivíduos	
	Autovalor	Variância acumulada (%)	Autovalor	Variância acumulada (%)
PC1	<b>4,90</b>	<b>24,51</b>	<b>3,28</b>	<b>24,83</b>
PC2	<b>2,57</b>	<b>37,37</b>	<b>2,12</b>	<b>41,15</b>
PC3	<b>2,50</b>	<b>49,85</b>	<b>1,88</b>	<b>55,65</b>
PC4	<b>2,03</b>	<b>60,00</b>	<b>1,64</b>	<b>68,28</b>
PC5	<b>1,60</b>	<b>68,02</b>	<b>1,15</b>	<b>77,12</b>
PC6	<b>1,28</b>	<b>74,43</b>	0,93	84,29
PC7	<b>1,12</b>	<b>80,01</b>	0,82	90,56
PC8	<b>1,01</b>	<b>85,04</b>	0,52	94,55
PC9	0,81	89,07	0,28	96,71
PC10	0,64	92,28	0,25	98,60
PC11	0,37	94,12	0,10	99,36
PC12	0,34	95,84	0,05	99,78
PC13	0,24	97,06	0,03	100,00
PC14	0,19	98,02		
PC15	0,16	98,83		
PC16	0,10	99,33		
PC17	0,06	99,61		
PC18	0,03	99,78		
PC19	0,03	99,92		
PC20	0,02	100,00		

### 3.1.1 Cargas fatoriais visando seleção das melhores famílias

Com base nas cargas fatoriais após rotação varimax, que indica a correlação de cada variável com um determinado fator, pode-se observar os valores (destacados em negrito) das variáveis que mais se correlacionaram com cada fator (Tabela 5).

O primeiro fator explicou 24,51% da variância e agrupou as características relacionadas ao porte (CMEA e CMED) e ao florescimento (DFM e DFF) (dados em negrito), já o segundo explicou 12,86% da variância e foi constituído pelas características associadas ao perfil dos ácidos graxos (C16:00, C18:1, C18:2) e assim sucessivamente, até o oitavo fator que explicou 5,03% da variância, sendo constituído pelas variáveis EMP e DLCI. Os 8 fatores comuns, gerados pela análise fatorial, apresentaram altos valores de comunalidade variando de 0,72 a 0,98, sendo os menores valores para CMS (0,72) e DTICI (0,73) (Tabela 5).

**Tabela 5-** Cargas fatoriais após rotação varimax e comunalidade para as características avaliadas em genótipos de abóbora baseado no índice FAI-BLUP para seleção das melhores famílias.

Características	Fatores								Comunalidade
	1	2	3	4	5	6	7	8	
EMP	0,14	-0,23	-0,07	0,15	0,19	0,14	0,12	<b>-0,77</b>	0,76
DTCI	-0,09	-0,27	0,55	-0,24	0,22	-0,13	0,36	0,30	0,73
DLCI	0,19	0,20	0,04	-0,37	0,11	-0,02	0,07	<b>-0,76</b>	0,82
MTSF	-0,13	0,05	0,35	<b>-0,84</b>	-0,26	-0,14	-0,03	-0,08	0,94
P100S	-0,07	0,16	<b>0,92</b>	0,09	-0,19	-0,12	0,01	-0,07	0,94
NTSF	-0,08	0,06	-0,27	<b>-0,93</b>	-0,10	-0,10	0,00	-0,01	0,98
CMS	-0,26	0,03	0,78	-0,09	0,03	0,17	-0,05	0,07	0,72
LMS	0,08	-0,07	0,49	0,17	0,05	0,59	0,26	-0,41	0,87
EMS	0,04	0,12	0,65	0,07	-0,30	-0,49	-0,03	-0,02	0,77
NFP	-0,16	0,03	0,02	-0,03	<b>-0,93</b>	-0,09	0,05	0,18	0,94
PRODSP	-0,15	0,01	0,18	-0,34	<b>-0,88</b>	-0,08	-0,03	0,09	0,96
CMEA	<b>-0,83</b>	0,09	0,11	-0,11	-0,14	0,22	0,03	0,24	0,84
CMED	<b>-0,8</b>	0,09	0,15	-0,16	-0,14	0,22	0,04	0,22	0,82
C16:00	0,18	<b>-0,77</b>	-0,25	0,09	0,12	0,25	-0,11	-0,16	0,81
C18:00	0,04	0,12	0,00	0,03	-0,04	-0,04	<b>0,95</b>	-0,16	0,94
C18:1	-0,04	<b>0,94</b>	-0,01	0,00	0,02	-0,01	-0,14	0,02	0,91
C18:2	0,02	<b>-0,94</b>	0,01	0,04	-0,01	0,07	-0,20	0,08	0,94
%OL	-0,11	0,23	0,14	-0,23	-0,11	-0,75	0,17	0,07	0,75
DFM	<b>-0,76</b>	0,05	0,05	0,11	-0,06	-0,42	-0,08	-0,07	0,78
DFF	<b>-0,84</b>	0,02	0,05	-0,06	-0,05	-0,32	-0,04	0,02	0,81
% variância explicada	24,51	12,86	12,48	10,15	8,02	6,41	5,58	5,03	

EMP: espessura média da polpa do fruto; DTCI, DLCI: Diâmetro transversal e longitudinal da cavidade interna, respectivamente; MTSF: massa total de semente por fruto; P100S: Massa de 100 sementes; NTSF: Número de sementes por fruto, CMS, LMS, EMS: Comprimento, largura e espessura média das sementes, respectivamente; PRODSP: Produtividade de sementes por planta (NFP x MTSF); CMEA, CMED: Comprimento médio do entrenó antes e após a primeira flor feminina respectivamente; C16:00- Ácido Palmítico; C18:00 Ácido esteárico; C18:1( $\Delta^9$ ) - Ácido oleico; C18:2( $\Delta^9,12$ ) - Ácido linoleico; %OL - Teor total de óleo expressa em porcentagem de massa de sementes (g/100g), em base seca. DFM, DFF: Dias para o florescimento masculino e feminino, respectivamente.

### 3.1.2 Cargas fatoriais visando seleção dos melhores indivíduos

O primeiro fator, explicou 24,83% da variância e também agrupou as características relacionadas ao porte (CMEA e CMED) e ao florescimento (DFM e DFF), o segundo fator explicou 16,32% da variância e foi constituído pelas variáveis DTCI, MTSF, NTSF, até o quinto e último fator que foi constituído pelas características associadas a polpa, tais como, tais como EMP e DLCI, explicando 8.84%.

Os 5 fatores comuns, gerados pela análise fatorial, apresentaram valores de comunalidade variando de 0,57 a 0,93, sendo a variável DTCI que apresentou menor valor (0,57) (Tabela 6).

**Tabela 6-** Cargas fatoriais após rotação varimax e comunalidade para as variáveis avaliadas em genótipos de abóbora baseado no índice FAI-BLUP para seleção dos melhores indivíduos da população independente da família.

Características	Fatores					Comunalidade
	1	2	3	4	5	
EMP	-0,01	-0,04	-0,06	0,16	<b>0,74</b>	0,58
DTCI	-0,14	<b>0,48</b>	-0,34	0,36	-0,26	0,57
DLCI	0,09	0,20	0,00	-0,07	<b>0,81</b>	0,71
MTSF	-0,10	<b>0,88</b>	-0,29	-0,16	0,15	0,93
P100S	-0,08	0,04	<b>-0,94</b>	-0,05	-0,01	0,89
NTSF	-0,06	<b>0,87</b>	0,34	-0,16	0,12	0,92
SEM	-0,01	0,01	<b>-0,87</b>	-0,05	0,09	0,77
NFP	-0,10	-0,02	-0,02	<b>-0,92</b>	-0,13	0,87
PRODSP	-0,08	0,46	-0,12	<b>-0,84</b>	0,00	0,93
CMEA	<b>-0,82</b>	-0,05	-0,12	-0,22	-0,10	0,76
CMED	<b>-0,82</b>	-0,04	-0,16	-0,26	-0,10	0,77
DFM	<b>-0,73</b>	0,15	0,04	0,13	0,08	0,58
DFF	<b>-0,85</b>	0,15	0,05	0,08	-0,03	0,75
% variância explicada	24,83	16,32	14,50	12,63	8,84	

EMP: espessura média da polpa do fruto; DTCI, DLCI: Diâmetro transversal e longitudinal da cavidade interna, respectivamente  
 MTSF: massa total de semente por fruto; P100S: Massa de 100 sementes, NTSF: Número de sementes por fruto, CMS, LMS, EMS: Comprimento, largura e espessura média das sementes, respectivamente; PRODSP: Produtividade de sementes por planta (NFP x MTSF); CMEA, CMED: Comprimento médio do entrenó antes e após a primeira flor feminina respectivamente; DFM, DFF: Dias para o florescimento masculino e feminino, respectivamente.

### 3.4 Ganho genotípico predito via diferentes estratégias de seleção

Os ganhos genotípicos preditos obtidos com as diferentes estratégias de seleção para todas as características avaliadas simultaneamente são mostrados na Tabela 7. Ao compararmos as diferentes estratégias de seleção através dos ganhos de seleção preditos, foi possível observar superioridade da estratégia da seleção individual para a maioria das características. No entanto, a seleção entre e dentro (2) também demonstrou altos valores de ganhos preditos para as mesmas. Tanto a estratégia 2 quanto a 3, foram altamente superiores a seleção apenas entre famílias (1). Além disso, a média dos indivíduos selecionados por ambas estratégias 2 e 3 foram altamente similares. Quanto ao sentido dos ganhos, somente DLCI que não apresentou ganho em sentido desejado.

Pode-se destacar os ganhos preditos para características de grande importância, tais como MTSF, NFP, PRODSP, CMEA e CMED, que foram superiores a 10% quando utilizada a estratégia 3. Com essa estratégia, os maiores ganhos preditos foram para produtividade de sementes (35,02%) e para a redução do comprimento médio do entrenó (em torno de 15%). Já os ganhos preditos para perfil de ácidos graxos, %OL, CMS e LMS foram próximos a zero independente da estratégia utilizada.

**Tabela 7-** Ganhos genotípicos preditos via as diferentes estratégias de seleção para as características associadas ao porte, produtividade e perfil de ácidos graxos do óleo de sementes de abóbora.

Características	$\bar{X}_o$	Estratégias					
		1		2		3	
		$\bar{X}_{s1}$	GS %	$\bar{X}_{s2}$	GS (%)	$\bar{X}_{s3}$	GS (%)
EMP	3,46	3,22	-6,96	3,38	-2,11	3,36	-2,85
DTCI	10,60	11,25	6,16	10,89	2,80	10,95	3,40
DLCI	11,64	10,60	-8,94	10,92	-6,13	11,35	-2,44
MTSF	55,13	56,96	<b>3,33</b>	60,16	<b>9,13</b>	61,55	<b>11,65</b>
P100S	12,09	12,21	1,02	12,30	1,81	12,53	3,70
NTSF	465,19	475,42	2,20	475,55	2,23	473,26	1,73
CMS	15,41	15,42	0,07	15,41	-0,03	15,43	0,11
LMS	8,30	8,26	-0,45	8,30	-0,01	8,30	0,02
SEM	2,43	2,46	1,13	2,48	2,02	2,54	4,63
NFP	9,16	10,16	<b>10,98</b>	10,35	<b>13,02</b>	10,45	<b>14,16</b>
PRODSP	513,84	592,57	<b>15,32</b>	667,33	<b>29,87</b>	693,8	<b>35,02</b>
CMEA	17,35	17,23	<b>-0,71</b>	15,45	<b>-10,94</b>	14,45	<b>-16,71</b>
CMED	17,98	17,94	<b>-0,25</b>	16,06	<b>-10,7</b>	15,37	<b>-14,53</b>
C16:00	14,16	14,14	-0,12	14,16	-0,02	14,15	-0,04
C18:00	9,96	10,02	0,58	9,96	0,00	9,96	0,00
C18:1( $\Delta^9$ )	27,22	27,04	-0,66	27,22	0,00	27,22	0,00
C18:2( $\Delta^9,12$ )	48,15	48,20	0,12	48,19	0,08	48,21	0,13
%OL	32,63	32,84	0,63	32,63	0,00	32,63	0,00
DFM	56,20	54,78	-2,52	54,36	-3,27	54,00	-3,92
DFE	64,71	63,16	-2,40	60,75	-6,12	59,42	-8,18

EMP: espessura média da polpa do fruto; DTCI, DLCI: Diâmetro transversal e longitudinal da cavidade interna, respectivamente; MTSF: massa total de semente por fruto; P100S: Massa de 100 sementes, respectivamente; NTSF: Número de sementes por fruto; CMS, LMS, EMS: Comprimento, largura e espessura média das sementes, respectivamente; PRODSP: Produtividade de sementes por planta (NFP x MTSF); CMEA, CMED: comprimento médio do entrenó antes e após a primeira flor feminina respectivamente; C16:00- Ácido Palmítico; C18:00 Ácido esteárico; C18:1( $\Delta^9$ ) - Ácido oléico; C18:2( $\Delta^9,12$ ) - Ácido linoléico; %OL - Teor total de óleo expressa em percentagem de massa de sementes (g/100g), em base seca. DFM, DFE: Dias para o florescimento masculino e feminino, respectivamente. Estratégia 1: Seleção entre famílias; Estratégia 2: Seleção entre e dentro das famílias; Estratégia 3: Seleção entre indivíduos independente da família;  $\bar{X}_o$ : Média inicial;  $\bar{X}_s$ : Média dos selecionados; GS (%): Ganho de seleção predito em percentagem.

Das 15 famílias selecionadas pela estratégia 1, apenas três não tiveram nenhum indivíduo selecionado via seleção individual, confirmando o potencial dessas famílias para a finalidade do programa, além disso, dos 30 indivíduos selecionados via seleção entre e dentro (estratégia 2) 15 também foram selecionados via seleção individual (em negrito) (Tabela 8).

**Tabela 4-** Famílias e indivíduos selecionados via as diferentes estratégias de seleção para as variáveis associadas ao porte e a produtividade e perfil de ácido graxos de óleo de abóbora.

Estratégias	Progênie selecionadas														
	1	12	14	28	33	38	45	55	57	59	61	65	69	71	73
1	<b>1_1</b>	1_3	12_2	12_3	<b>14_2</b>	14_3	28_1	<b>28_3</b>	<b>33_2</b>	33_3	<b>38_1</b>	<b>38_5</b>	45_3	<b>45_4</b>	<b>55_2</b>
	<b>55_3</b>	<b>57_3</b>	57_5	<b>59_3</b>	<b>59_5</b>	61_1	61_2	<b>65_1</b>	65_4	<b>69_1</b>	69_2	71_3	<b>71_4</b>	73_3	73_4
2	<b>1_1</b>	2_2	4_4	11_2	13_3	<b>14_2</b>	21_4	22_1	26_5	27_4	<b>28_3</b>	31_4	32_3	<b>33_2</b>	34_2
	35_1	36_2	37_2	37_4	<b>38_1</b>	<b>38_5</b>	40_2	41_1	41_4	<b>45_4</b>	46_4	48_2	49_4	50_3	51_5
	52_4	52_5	53_1	53_3	54_3	<b>55_2</b>	<b>55_3</b>	56_4	<b>57_3</b>	<b>59_3</b>	<b>59_5</b>	64_5	<b>65_1</b>	67_3	67_5
3	68_4	<b>69_1</b>	<b>71_4</b>	72_5	75_4										

Estratégia 1: Seleção entre famílias; Estratégia 2: Seleção entre e dentro das famílias; Estratégia 3: Seleção entre indivíduos independente da família; Dados em negrito: Indivíduos selecionados pela estratégia 2 e 3 simultaneamente.

## 4 DISCUSSÃO

As diferenças observadas com base no teste de razão de verossimilhança (LRT) entre famílias para todas as características, indicam elevada variabilidade entre as mesmas, o que é condição essencial para o estabelecimento de um programa de melhoramento genético, podendo ser efetivamente explorada com vistas a obtenção de ganhos genéticos através da seleção de genótipos superiores (SANTOS et., 2008). Diversos autores também encontraram diferenças significativas para a maioria das características estudadas neste trabalho (OLIVEIRA et al., 2021b; KIRAMANA & ISUTSA, 2018; OLIVEIRA et al.,2016). Já os efeitos não significativos entre indivíduos para as características associadas ao perfil de ácidos graxos e teor de óleo, demonstra ser pequena a possibilidade de ganhos genéticos para as mesmas ao selecionarmos com base no valor do indivíduo, já a não significância para blocos para a maioria delas, indica que em geral os blocos não influenciaram na obtenção dos seus valores (OLIVEIRA et al., 2021b).

No que se refere às estimativas de acurácia observadas, os maiores valores para a seleção com base no indivíduo para as características relacionadas a produtividade de sementes, tais como, MTSF e PRODSP e relacionadas ao porte, tais como CMEA e CMED, indica que houve para essas características maior correlação entre o valor genético predito e o valor genético verdadeiro, além disso, demonstram maior variância genética para elas na população, maior qualidade experimental, assim como maior confiabilidade nos resultados obtidos, já as considerações para as características de perfil de ácidos graxos e %OL seria o oposto. Isso ocorre porque além da variação residual e do número de repetições a acurácia também depende da proporção das variações genéticas e residual associadas as características avaliadas (RESENDE & DUARTE, 2007; ASSUNÇÃO et al, 2015).

Os maiores valores de herdabilidade individual em relação a de famílias, para as características associadas a produtividade de sementes e porte, demonstram uma menor influência ambiental e grande possibilidade de sucesso na seleção de genótipos de abóbora com base no indivíduo para a população em estudo. De acordo com Borges et al. (2019), valores superiores a 30% indicam forte possibilidade de sucesso no programa, já para aquelas com valores inferiores, tais como foram observados para as variáveis de perfil de ácidos graxos e %OL, nos indicam o oposto.

Quando utilizado o FAI-BLUP a primeira etapa é a análise de fatores, onde segundo o critério de Kaiser (1958), o número de fatores é definido pelo número de autovalores iguais ou superiores à unidade, logo esta é a razão do uso de oito fatores para seleção de famílias e cinco

de indivíduos. O grupo de características em cada fator tem alta correlação entre si e baixa correlação com as características dos outros fatores (CRUZ et al., 2014) e os sinais das cargas fatoriais refletem o sentido da seleção para determinada variável de acordo com o objetivo do programa de melhoramento (FERREIRA et al., 2010). Nesse sentido, em geral, as cargas fatoriais das características apresentaram sinais concordante com o propósito do programa de melhoramento deste estudo.

No que refere aos valores de comunalidade, baixos valores indicam menor relação do fator com esta característica, então pode-se dizer que DTCl possui a menor importância prática, uma vez que tanto nas cargas fatoriais visando seleção das melhores famílias quanto indivíduos, esteve entre os menores valores, portanto comparada as demais sua informação é menos confiável.

Os altos ganhos preditos para as características de NFP, PRODSP, CMEA e CMED demonstram grande potencial para o programa de melhoramento para as mesmas e demonstram a eficiência do índice utilizado em proporcionar ganhos simultâneos para o conjunto de características avaliadas. Além disso, cabe ressaltar que associado a redução de em torno de 15 % de comprimento do entrenó, pode-se testar um aumento de 15% no número de plantas por hectares, o que tende ao aumento de 15% na produtividade de óleo.

Já os baixos ganhos para as características de perfil de ácidos graxos e %OL demonstram que as estratégias utilizadas ou a variabilidade presente não foram suficientes para obtenção de altos ganhos. No entanto, a ausência de ganhos negativos para teor de óleo, juntamente com altos ganhos na produtividade de semente irá promover altos ganhos na produtividade de óleo por área que é o objetivo do programa.

Oliveira et al. (2020b) também visando os mesmos objetivos deste programa encontrou maiores ganhos preditos para CMEA e CMED e menores para NFP e MTSF. Além disso, a média dos indivíduos selecionados neste trabalho foi geralmente superior, com exceção das variáveis de comprimento do entrenó, podendo-se concluir que comparativamente, a atual população possui maior potencial para produtividade de óleo e menor para porte.

Os altos ganhos preditos de seleção associados as altas estimativas de acurácia e herdabilidade demonstram que a estratégia 3 é a mais recomendada na população em estudo, visando ganhos em produtividade de sementes associada ao ciclo mais curto e redução do porte em abóbora.

Os maiores ganhos preditos das estratégias 2 e 3, em relação a estratégia 1 já era esperado, uma vez, que em famílias de meios irmãos, a variância genética dentro corresponde a três quartos da variância genética aditiva mais a variância de dominância, já entre médias de

famílias é equivalente a apenas um quarto da variância genética aditiva. Enquanto que a seleção individual explora o máximo da variância aditiva. (ALMEIDA et al., 2021)

Para as características associadas ao perfil de ácidos graxos e teor de óleo que apresentaram ganhos de seleção preditos próximo a zero independente da estratégia utilizada, sugere-se introdução de variabilidade genética na população para aumentar os ganhos, essa introdução pode ocorrer de diferentes formas, tais como, uso de ferramentas biotecnológicas para gerar mutações e/ou transgênicos (WOYANN et al., 2019), ou de forma mais simples e menor custo buscando em bancos de germoplasma acessos com composição de ácidos graxos favoráveis.

O índice FAI-BLUP foi satisfatório em ranquear os genótipos visando desenvolvimento de genótipos mais compactos, precoces e com maior produtividade de óleo funcional. Associado a isso, uma metodologia de melhoramento possível a ser usada com vistas a obtenção de ganhos para as características avaliadas é a seleção recorrente. Esse método é geralmente utilizado em culturas de polinização aberta, tal como a abóbora, pois mantém a variabilidade genética e o vigor natural das plantas, e simultaneamente ao aumento da frequência de alelo favoráveis com as recombinações sucessivas de indivíduos superiores (RAGHEB, 2016). Várias pesquisas têm sido realizadas com resultados satisfatórios em abóbora com essa metodologia, o que reforça a possibilidade da sua utilização com os genótipos selecionados neste trabalho (CARDOSO, 2007; HAZARA et al, 2007; LINARES-RAMÍREZ et al, 2014).

## 5 CONCLUSÕES

Foram observados maiores valores de acurácia e herdabilidade associados aos descritores relacionados a produtividade de sementes, porte e ciclo dos genótipos de abóbora quando utilizados os valores genéticos individuais, associado a isso foram obtidos os maiores ganhos de seleção preditos com a estratégia de seleção individual, portanto é a estratégia recomendada.

O índice FAI-BLUP permitiu a seleção de genótipos de abóbora superiores, mais compactos, precoces e com maior produtividade de óleo funcional de sementes de abóbora que poderão ser utilizados em um programa de seleção recorrente intrapopulacional.

## 6 REFERÊNCIAS

ALMEIDA, G.Q., DE CARVALHO, J.R.A.S., PESSOA, H.P., ALVES, F.M., CHAVES, L.J. Selection of *Hancornia speciosa* germplasm accessions based on the FAI-BLUP index. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v.51, p.1-8, 2021.

ALMEIDA, C.F., GOMES, R.S., JUNIOR, R.M., OLIVEIRA, R.L., LAURINDO, R. D.F., CHAGAS, R.R., & DA SILVA, D. J. H. Genetic control of internode length in winter squash (*Cucurbita moschata*). **Genetics and Molecular Research**, v.19, p.1-15, 2020.

ASSUNÇÃO, M.P., KRAUSE, W., DALLACORT, R., DOS 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.

BORGES, R.M.E., DE LIMA, M.A.C., DA SILVA LIMA NETO, I., DE MELO, N.F. Prediction of genetic and selection parameters in pumpkin (*Cucurbita moschata* Duch.) progenies for morphoagronomic characteristics and pulp quality. **Australian Journal of Crop Science**, v.13, p.199-207, 2019.

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

CRUZ, C.D., CARNEIRO, P.C.S., REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, v.2, 688p, 2014.

FEDERER, W.T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Record**, v.40, p.191-208, 1956.

FEHR, W.R. Breeding for modified fatty acid composition in soybean. **Crop Science**, v.47, p.72-87, 2007.

FERREIRA, F.M., NEVES, L.G., BRUCKNER, C.H., VIANNA, A.P., CRUZ, C.D., BARELLI, M.A.A. Formação de supercaracteres para seleção de famílias de maracujazeiro amarelo. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.32, p.247-254, 2010.

GILMOUR, A.R., GOGEL, B.J., CULLIS, B.R., WELHAM, S.J., THOMPSON, R. ASReml user guide release 4.1 structural specification. **Hemel hempstead: VSN International ltd**, 2015.

GOMES, R.S., JÚNIOR, R.M., DE ALMEIDA, C.F., DE OLIVEIRA, R.L., CHAGAS, R.R., PEREIRA, E.D., DA SILVA, D.J.H. Identification of high seed oil yield and high oleic acid content in brazilian germplasm of winter squash (*Cucurbita moschata* D.). *bioRxiv*, 2021.

GREINER, C.A. Economic implications of modified soybean traits. **Special report**, v.92, p.1-100, 1990.

HAZARA, P.; MANDAL, A.K.; DUTTA, A.K.; SIKADAR, D.; PANDIT, M.K. Breeding pumpkin (*Cucurbita moschata* Duch.ex.Poir) for high yield and carotene content. **ISHS Acta Horticulturae**, p.431-435, 2007.

HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Austin, v.28, p.476-490, 1943.

HENDERSON, C.H. Best linear estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v.31, p.423-447, 1975.

INTERNATIONAL OLIVE OIL COUNCIL. Brasil: Olive oil imports. 2020. Disponível em: <http://www.internationaloliveoil.org/>. Acesso em: 4 de março de 2021.

JACOBO-VALENZUELA, N., DE JESUS ZAZUETA-MORALES, J., GALLEGOS-INFANTE, J.A., AGUILAR-GUTIERREZ, F., CAMACHO-HERNANDEZ, I.L., ROCHA-GUZMAN, N.E., GONZALEZ-LAREDO, R.F. Chemical and physicochemical characterization of winter squash (*Cucurbita moschata* D.). **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici**, Cluj-Napoca, Cluj-Napoca, v.39, p.34-40, 2011.

JAKAB, A., JABLONKAI, I., FORGACS, E. Quantification of the ratio of positional isomer dilinoleoyl-oleoyl glycerols in vegetable oils. **Rapid Commun. Mass Spectrom.**, v.17, p.2295-2302, 2003.

KAISER, H. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, v. 23, p.187-200, 1958.

KIRAMANA, J.K., ISUTSA, D.K. Multivariate analysis techniques reveal significant morphogenetic variability in pumpkin landraces in Kenya. **International Journal of Biosciences**, v.13, p.298-319, 2018.

LAURINDO, R.D.F. **Controle do porte e dissimilaridade genética em abóbora com potencial oleaginoso. 108p.** Tese de doutorado. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG. 2020.

LINARES-RAMÍREZ, A.M., & WESSEL-BEAVER, L.I.N.D.A. Recurrent Selection for Melonworm Resistance in Tropical Pumpkin. **CUCURBITACEAE**, p.69-72, 2014.

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

MULAMBA, N.N., MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v.7, p.40-51, 1978.

NICK, C., BORÉM, A. **Abóboras e Morangas do plantio à colheita.** 1. Ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 203p, 2017.

OLIVEIRA, 2021a - OLIVEIRA, R.L. **Seleção de genótipos de abóbora tipo Bush e predição do teor de óleo e perfil de ácidos graxos.** 51p. Tese de doutorado. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG. 2021a.

OLIVEIRA et al., 2021b - OLIVEIRA, R.L., GOMES, R.S., ALMEIDA, C.F., MACHADO JUNIOR, R., ROCHA, J.R.A.S.C., SILVA, D.J.H., CARNEIRO, P.C.S. Multi-trait Selection

of Pumpkin Genotypes Aimed at Reducing the Growth Habit and Improving Seed Production. **Crop Science**, v.61, p.1620-1629, 2021b.

OLIVEIRA, R.L., GONÇALVES, L.S.A., RODRIGUES, R., BABA, V.Y., SUDRÉ, C.P., SANTOS, M.H., ARANHA, F.M. Genetic divergence among pumpkin landraces. **Semina: Ciências Agrárias**, v.37, p.547-556, 2016.

PATEL, S. Pumpkin (*Cucurbita* sp.) seeds as nutraceutical: A review on status quo and scopes. **Mediterranean Journal of Nutrition and Metabolism**, v.4, p.51-62, 2013.

PATTERSON, H.D., THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, v.58, p.545-554, 1971.

PESEK, J., BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Sciences**, Ottawa, v.1, p.215-274, 1969.

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

PUMAR, M.; SAMPAIO, C.R.P.; FREITAS, M.C.J. Estudo comparativo das abóboras baiana (*Cucurbita moschata*) e moranga (*Cucurbita maxima*): frações e composição química das farinhas de semente. In **Anais do Simpósio Latino Americano de Ciência de Alimentos**, Campinas: Universidade Estadual de Campinas, 2005.

RAGHEB, E.E. Recurrent Selection and Selfing with Selection as a Tools for Improvement of Sweet melon (*Cucumis melo* var. *aegyptiacus*). **Egyptian Journal of Horticulture**. v.43, p.427-439, 2016.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 20 de agosto de 2020.

RESENDE, M.D.V.; 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. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975p, 2009.

ROCHA, J.R.A.S.C.; MACHADO, J.C.; CARNEIRO, P.C.S. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **Global Change Biology Bioenergy**, v. 10, p. 52-60, 2018.

ROCHA, J.R.D.A.S.D.C., NUNES, K.V., CARNEIRO, A.L.N., MARÇAL, T.D.S., SALVADOR, F.V., CARNEIRO, P.C.S., CARNEIRO, J.E.S. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. **Agronomy Journal**, v.111, p.1181-1189, 2019.

SANTOS, C.E.M.D., PISSIONI, L.L.M., MORGADO, M.A.D.O., CRUZ, C.D., BRUCKNER, C.H. Estratégias de seleção em progênies de maracujazeiro-amarelo quanto ao vigor e incidência de verrugose. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.30, p.444-449, 2008.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, London, v.7, p.240-250, 1936.

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.

VERONEZI, C.M., JORGE, N. Chemical characterization of the lipid fractions of pumpkin seeds. **Nutricion & Food Science**. v.45, p.164-173, 2015.

WILKS, S.S. The large-sample distribution of the likelihood ratio for testing composite hypotheses. **The Annals of Mathematical Statistics**, v.9, p.60- 62, 1938.

WOYANN, L.G., MEIRA, D., ZDZIARSKI, A.D., MATEI, G., MILIOLI, A.S., ROSA, A.C., & BENIN, G. Multiple-trait selection of soybean for biodiesel production in Brazil. **Industrial Crops and Products**, v.140, p.111721, 2019.

## **CONSIDERAÇÕES FINAIS**

A compreensão da herança dos caracteres relacionados à produtividade e perfil de ácidos graxos do óleo de sementes da abóbora e das relações genéticas entre eles permitiu entender os efeitos genéticos que os controlam, assim como, recomendar as melhores estratégias para ganhos em produtividade e perfil de ácidos graxos do óleo de sementes de abóbora.

O índice FAI-BLUP permitiu a seleção de genótipos de abóbora superiores, mais compactos, precoces e com maior produtividade de óleo funcional de sementes de abóbora que poderão ser utilizados em um programa de seleção recorrente intrapopulacional.