

CLEVERSON FREITAS DE ALMEIDA

**HERANÇA DO PORTE E DESCRITORES MORFOAGRÔNOMICOS DE ABÓBORA
(Cucurbita moschata Duchesne)**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2017

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

A447h
2017 Almeida, Cleverton Freitas de, 1989-
Herança do porte e descritores morfoagronômicos em
abóbora (*Cucurbita moschata* Duchesne) / Cleverton Freitas de
Almeida. – Viçosa, MG, 2017.
xiv, 42f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Derly José Henriques da Silva.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f.37-42.

1. Abóbora - Melhoramento genético. 2. Crescimento
vegetal. 3. Sementes. 4. Óleo vegetal. I. Universidade Federal de
Viçosa. Departamento de Fitotecnia. Programa de Pós-graduação
em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 635.62

CLEVERSON FREITAS DE ALMEIDA


**HERANÇA DO PORTE E DESCRITORES MORFOAGRÔNICOS DE
ABÓBORA (*Cucurbita moschata* Duchesne)**

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

APROVADA: 25 de julho de 2017


Moacyr Alves de Souza


Thais Roseli Corrêa


Derly José Henriques da Silva
(Orientador)

“Aos meus pais Pedro Paiva de Almeida e Marlene Souza Freitas de Almeida e aos meus irmãos Everson, Andrea e Adriana.”

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus por essa conquista.

A Universidade Federal de Viçosa que ao longo desses sete anos tem me dado felicidades e orgulho. Ao Programa de Pós-graduação em Genética e melhoramento e seus docentes, pela oportunidade de executar esse trabalho e pelo aprendizado obtido. À Capes pela concessão da bolsa, sem a qual não seria possível a realização desse sonho.

Ao meu orientador professor Derly pela paciência e entusiasmo em transmitir todo o conhecimento. Ao professor Moacil e a Thais pela disponibilidade em participar da banca de defesa e contribuir para a finalização desse trabalho.

Aos amigos do Grupo de estudos em olericultura (NEO), em especial aos estagiários Yovani, Gustavo, Caique, Michael, Felipe e aos companheiros de pesquisa em Abóbora, Renata, Ronaldo Gomes (Maranhão) e Ronaldo Machado (Carabina) cuja ajuda foi fundamental na realização do experimento.

Aos amigos do alojamento em que morei, e aos novos amigos da pós-graduação que adquiri durante esses dois anos que, tanto nos momentos de confraternização quanto de estudos, foram imprescindíveis.

A Laura pelo companheirismo e paciência durante essa caminhada.

Aos meus irmãos e respectivos cônjuges e sobrinhos. Aos meus pais que sempre me deram todo suporte e apoio para ingressar e me manter nessa excelente Universidade, sem os quais seria impossível a obtenção desse título.

Ao meu Tio e Padrinho Arlenes que sempre incentivou e mostrou a importância dos estudos com grande exemplo de dedicação.

E a todos que de alguma forma contribuíram para a concretização desse projeto.

BIOGRAFIA

CLEVERSON FREITAS DE ALMEIDA, filho de Pedro Paiva de Almeida e Marlene Sousa Freitas de Almeida, nasceu dia 23 de setembro de 1989, na cidade de São Paulo, estado de São Paulo, Brasil.

Em março de 2009 iniciou o curso de Agronomia na Universidade Federal de Viçosa, colando grau em janeiro de 2014,

Em agosto de 2015, ingressou no Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, em nível Mestrado, da Universidade Federal de Viçosa, submetendo a defesa da dissertação em julho de 2017.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	vii
LISTA DE SIGLAS	ix
RESUMO.....	xi
ABSTRACT.....	xiii
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. Cultura da abóbora.....	3
2.2. Bancos de Germoplasma- BGH-UFV.....	4
2.3. Óleo de sementes.....	5
2.4. Nanismo em abóbora	6
2.5. Estudo da herança	7
3. MATERIAL E MÉTODOS	8
3.1. Material vegetal	8
3.2. Instalação e condução dos experimentos.....	9
3.3. Avaliações.....	9
3.4. Análises genéticas	11
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	16
4.1. Média das gerações	16
4.1.1. Descritores de porte.....	16
4.1.2. Descritores de florescimento	18
4.1.3. Descritores de frutos.....	19
4.1.4. Descritores de sementes.....	20
4.1.5. Descritores de produção.....	22
4.2. Estimativas de parâmetros genéticos.....	23
4.2.1. Descritores do porte	23
4.2.2. Descritores de florescimento	24
4.2.3. Descritores de frutos.....	25
4.2.4. Descritores de sementes.....	26
4.2.5. Descritores de produção.....	26
4.3. Análise de gerações e efeitos gênicos	27
4.3.1. Descritores de porte.....	27
4.3.2. Descritores de florescimento	30

4.3.3.	Descritores de frutos	30
4.3.4.	Descritores de sementes.....	31
4.3.5.	Descritores de produção.....	32
4.4.	Controle genético do comprimento do entrenó via máxima verossimilhança	33
4.4.1.	Comprimento médio do entrenó antes do florescimento (CMEA).....	33
4.4.2.	Comprimento médio do entrenó depois do florescimento (CMED).....	34
5.	CONCLUSÃO.....	36
6.	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	37

LISTA DE TABELAS

Tabela 1- Descritores avaliados em Abóbora (<i>C. moschata</i> Duch.) relativos ao porte, florescimento, frutos e produção para realizar o estudo de herança. Viçosa - MG.....	10
Tabela 2. Modelos genéticos e seus respectivos parâmetros. Viçosa – MG.	16
Tabela 3- Média, desvio padrão e grau médio de dominância dos descritores relativos ao porte nas gerações P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.....	18
Tabela 4- Médias e desvio padrão dos descritores relativos ao florescimento nas gerações P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.....	19
Tabela 5- Médias e desvio padrão dos descritores de frutos nas gerações P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 derivadas do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.	20
Tabela 6- Média, desvio padrão e grau médio de dominância dos descritores relativos às sementes nas gerações P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.....	22
Tabela 7- Média e desvio padrão dos descritores relativos a produção nas gerações P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa - MG.....	23
Tabela 8- Estimativa dos parâmetros genéticos para os descritores relativos ao porte na população F2 derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.	24
Tabela 9- Estimativa dos parâmetros genéticos para os descritores relativos ao florescimento na população F2 derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.....	25
Tabela 10- Estimativa dos parâmetros genéticos para os descritores relativos aos frutos na população F ₂ derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.	25
Tabela 11 - Estimativa dos parâmetros genéticos para os descritores de sementes na população F ₂ derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.	26

Tabela 12 - Estimativa dos parâmetros genéticos para os descritores de produção na população F ₂ derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.	27
Tabela 13- Modelo aditivo-dominante de 17 descritores relativos ao porte. Viçosa – MG.....	28
Tabela 14- Modelo completo de 17 descritores relativos ao porte. Viçosa – MG.....	29
Tabela 15- Modelos aditivo- dominante e completo para quatro descritores relativos ao florescimento. Viçosa - MG.....	30
Tabela 16- Modelos aditivo-dominante e completo para 11 descritores relativos aos frutos. Viçosa - MG.....	31
Tabela 17- Modelo aditivo-dominante e completo de sete descritores relativos às sementes. Viçosa - MG.....	32
Tabela 18- Modelos aditivo-dominante e completo para os três descritores relativos à produção. Viçosa - MG.....	33
Tabela 19- Testes de hipóteses de modelos genéticos para herança do comprimento médio do entrenó antes (CMEA) e após o florescimento (CMED) avaliados nas gerações P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 derivadas do cruzamento de BGH-7319 (P1) e Tronco Verde (P2) por meio da função de máxima verossimilhança. Viçosa - MG.....	35

LISTA DE SIGLAS

CRA- Comprimento da rama antes da primeira flor feminina
NEA- Número de entrenó antes da primeira flor feminina
CMEA- Comprimento médio do entrenó antes da primeira flor feminina
DEA- Diâmetro do entrenó antes da primeira flor feminina
CLA- Comprimento do limbo antes da primeira flor feminina
LLA- Largura do limbo antes da primeira flor feminina
CRD- Comprimento da rama depois da primeira flor feminina
NED- Número de entrenós depois da primeira flor feminina
CMED- Comprimento médio do entrenó depois da primeira flor feminina
DED- Diâmetro do entrenó depois da primeira flor feminina
CLD- Comprimento do limbo depois da primeira flor feminina
LLD- Largura do limbo depois da primeira flor feminina
CRT- Comprimento total da rama
NET- Número total de entrenós da rama
CMET- Comprimento médio do entrenó da rama toda
DMET- Diâmetro médio do entrenó
NRL- Número de ramas laterais
CPM- Comprimento do pedicelo masculino
CPF- Comprimento do pedicelo feminino
GDAM- Graus dias acumulados para abertura da flor masculina
GDAF- Graus dias acumulados para abertura da flor feminina
EMC- Espessura média da casca
EMP- Espessura média da polpa
DLCI- Diâmetro longitudinal da cavidade interna
DTCI- Diâmetro transversal da cavidade interna
CF- Comprimento do fruto
DMF- Diâmetro maior do fruto
FMZ- Firmeza da polpa
SST- Sólidos solúveis totais
Cta- Carotenoides totais
Lut- Luteína
PMS- Porcentagem de massa seca da polpa

M100S- Massa de 100 sementes

MTSF-Massa total de sementes por fruto

NTSF- Número total de sementes por fruto

MS/MF- Relação massa de sementes por massa de fruto

CS- Comprimento das sementes

LS- Largura das sementes

ES- Espessura das sementes

NFPP- Número de frutos por planta

PRFP- Produção média de frutos por planta

MMFP- Massa média de frutos por planta

RESUMO

ALMEIDA, Cleverson Freitas, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, Julho de 2017. **Herança do porte e descritores morfoagrômicos de abóbora (*Cucurbita moschata* Duchesne)**. Orientador: Derly José Henriques da Silva.

A abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) possui grande potencial para utilização de suas sementes como fonte de óleo, com excelente qualidade nutricional. Uma grande dificuldade em aumentar a produtividade de óleo em abóbora é o seu hábito de crescimento, que em geral é indeterminado com caules rastejantes que atingem grandes distâncias, a partir da coroa central o que impede maiores adensamentos de plantio, proporcionando reduzida quantidade de plantas por área. No entanto, alguns genótipos apresentam hábito reduzido, os quais possuem entrenós mais curtos, que possibilitaria aumento da densidade e, conseqüentemente, maior produtividade de sementes e óleo por área. Dessa forma, a transferência de alelos que confere essa redução do entrenó para genótipos com alto teor de óleo possibilitaria maior produtividade de semente por área, conseqüentemente de óleo. Para aumentar a eficiência desse processo é necessário o entendimento da herança desse hábito, assim como dos descritores relacionados. Diante disso, o objetivo desse trabalho foi estudar o controle genético de descritores morfoagrômicos e relacionados ao porte, visando reduzir o comprimento do entrenó e aumentar a produção de sementes e óleo em *C. moschata*. Para isso foi realizada análise de gerações, que permite avaliar simultaneamente várias gerações ou populações, incluindo genitores (P_1 e P_2), híbridos (F_1) e gerações segregantes F_2 , além das derivadas de retrocruzamentos. O genitor P_1 é o acesso BGH 7319 pertencente ao Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV), acesso considerado promissor para produção de óleo funcional. O genitor P_2 é o cultivar Tronco Verde que possui o gene que confere a redução do entrenó, em homozigose. Foram avaliados 17 descritores relacionados ao porte, quatro ao florescimento, 11 aos frutos, sete as sementes e três de produção, totalizando 42 descritores. Todas as características avaliadas foram submetidas à análise de geração, em que foram estimadas as médias e variâncias aditivas, desvios da dominância, fenotípica, genética e ambiental. Para o modelo aditivo dominante, foram estimados os efeitos aditivos, dominantes e da média. Para o modelo completo foram estimados os efeitos das médias de todos os possíveis homozigotos, aditivos, dominantes e epistáticos: aditivo x aditivo, aditivo x dominante e dominante x dominante. Além disso, foram utilizados estimadores de máxima verossimilhança para determinar qual o melhor modelo genético em explicar as características de comprimento médio do entrenó antes e após

o florescimento. O modelo aditivo dominante foi adequado para explicar 22 dos 42 descritores avaliados (52,42%). Para este modelo, o desvio de dominância foi significativo para 17 (77,27%) e para aqueles explicados pelo modelo completo foi significativo para 15 (75,00%), demonstrando sua grande influência no controle de tais descritores. Com a utilização de estimadores de máxima verossimilhança o modelo mais adequado para explicar o comprimento médio do entrenó antes do florescimento foi aquele que considera o gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância mais poligenes de efeitos aditivos e de dominância sob influência do ambiente. Para o comprimento médio do entrenó após o florescimento o modelo mais adequado é aquele que considera apenas poligenes de efeitos aditivos mais efeitos ambientais.

ABSTRACT

ALMEIDA, Cleverson Freitas, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 1017. **Inheritance of plant habit and morphological descriptors of pumpkin (*Cucurbita moschata* Duchesne).** Adviser: Derly José Henriques da Silva.

The pumpkin seeds (*Cucurbita moschata* Duch.) has a great potential to be used as an oil source, which one has a high nutritional quality. Despite of that, there is a great difficult to increase the pumpkin oil production, related to type of plant pumpkin growth. The main features of pumpkin plant are undetermined growth, crawling stems which generally reach great distances from the central growth. As a result, occurs the inhibition of planting density and a less amount of pumpkin can be planting by area. As a possible solution, there is some genotypes of pumpkin which have a reduced habit growth and shorter internodes, providing a possibility to increase the planting density and consequently, higher seed and oil yields per area. This manner, the transference of these alleles, responsible by reduction of internodes of the training to genotypes with high oil content would allow higher seed productivity per area, consequently of oil. To increase the efficiency the allele transference process, it is necessary to understand the inheritance of this habit of plant growth, as well as related descriptors. Therefore, this research aimed to study the genetic control of morphoagronomic descriptors related to plant size, providing manner to reduce the length of internodes and increase the pumpkin seed and oil production in *C. moshata*. To undertake this research it was performed a generational analysis allowing the simultaneous evaluation of various generations or populations, including parents (P_1 and P_2), hybrids (F_1), segregating generations F_2 and those derived from backcrossing. The P_1 parent is the BGH 7319 access belonging to the Vegetable Germplasm Bank of the Federal University of Viçosa (BGH-UFV), an access considered promising to the production of functional oil. The P_2 parent is the Tronco Verde, cultivar that possesses the gene that confers the reduction of the internodes, in homozygous. Seventeen descriptors related to plant size, four to flowering, 11 to fruits, seven seeds and three of production were evaluated, totalizing 42 descriptors. All evaluated characteristics were submitted to the generation analysis, in which were estimated the means and additive, dominance deviations, phenotypic, genetic and environmental variances. To the dominant additive model were estimated the additive, dominant and means effects. In the complete model were estimated the effects of the means, additive, dominant, epistatic and of all possible homozygotes. In addition, maximum likelihood estimators were used to determine the best genetic model to explain the characteristics of length internode before and after flowering. The dominant additive model was adequate to explain 22 of the 42 descriptors

evaluated (52.42%). To this model, the dominance deviation was significant for 17 (77.27%) and for those explained by the complete model it was significant for 15 (75.00%), demonstrating its great influence in the control of such descriptors. With the use of maximum likelihood estimators, the most adequate model to explain the length internode average before flowering was that considered the major effect gene with additive and dominance effects plus polygenes of additive effects and dominance, under influence of the environment. For the average length of the internodes after flowering the most suitable model is that considered only polygenes of additive effects plus environmental effects.

1. INTRODUÇÃO GERAL

A abóbora *Cucurbita moschata* Duchesne pertence à família Cucurbitaceae, (FILGUEIRA, 2003). O gênero *Cucurbita* é formado por 24 espécies, sendo cultivadas *C. argyrosperma*, *C. ficifolia*, *C. maxima*, *C. moschata* e *C. pepo* (LIRA-SAADE, 1995 citado por FERREIRA 2008).

No Brasil a produção de *C. moschata* concentra-se na região Nordeste, responsável por 24% da produção nacional (RESENDE et al., 2013). O volume de abóbora comercializado no país em 2013 foi superior a 48 mil toneladas demonstrando sua importância nacional (AGRIANUAL, 2015).

No entanto, no processamento dos frutos de abóbora pela indústria é descartado cerca de 30% entre casca e sementes (PUMAR et al, 2005). Sendo as sementes importante fonte de óleos com o teor de 30 a 50%, dependendo da espécie, genótipo e ambiente de cultivo (MURKOVIC et al., 1996, EL-ADAWY; TAHA, 2001; STEVENSON et al., 2007). Além de possuir propriedades nutricionais benéficas. O consumo das sementes pode ser feito mediante o uso do seu óleo para tempero de salada ou estas podem ser consumidas torradas e salgadas (LAZOS, 1995; MURKOVIC et al., 1996; EL ADAWY e TAHA, 2001).

Sobreira (2013) encontrou concentração média de 41,68% de óleo em sementes de *Cucurbita moschata* Dush. ao caracterizar acessos do banco de Germoplasma da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV), sendo os ácidos graxos insaturados (linoleico e oleico) de maior predominância (75,61%). Associado esta característica, à presença de componentes bioativos elevam esse óleo à classe dos óleos funcionais que podem proporcionar vários efeitos benéficos à saúde dos consumidores (CAILI et al., 2006).

Dentre os efeitos benéficos do óleo de semente de abóbora pode-se destacar a inibição da hiperplasia da próstata induzida por testosterona, efeito inibidor da progressão de problemas relacionados à hipertensão e artrites, e pode reduzir os níveis de câncer de mama, do pulmão, do estômago e colo retal. (Huang et al, 2004).

Uma das possibilidades de obter incrementos na produção de óleo é mediante o aumento do número de sementes por área, que pode ser feito com o aumento do número de plantas por área. Porém, uma vez que *C. moschata* possui caule rastejante, hábito de crescimento indeterminado (PUIATTI E SILVA, 2005; FILGUEIRA 2007), e internódios longos emitindo ramos que se prolongam a grandes distâncias da coroa central da planta

(MAYNARD et al., 2002 ; Wu et al. (2007), característica que podem dificultar elevadas densidade de plantio.

Algumas plantas possuem fenótipo anão, caracterizado pela redução dos entrenós sendo chamadas plantas braquíticas (KILEN, 1977). Essas plantas possuem hábito de crescimento tipo moita, tendo como vantagens em relação àquelas que possuem ramos longas a possibilidade de se obter uma maior população por área (MAYNARD et al., 2002). Além disso, produzem frutos menores, porém em maior quantidade, o que pode significar maior produtividade (WU et al. 2007).

Em *C. maxima* são observados cultivares tipo moita, que possuem comprimento dos entrenós reduzido, essa redução é conferida por um único gene dominante para hábito de crescimento, o gene Bush (Bu), que é dominante no início do desenvolvimento de plantas das espécies *C. pepo* e *C. maxima* (SHIFRISS, 1947; ROBINSON et al., 1976). Porém, de acordo com outros trabalhos, essa dominância ocorre apenas durante a fase inicial, pois na fase reprodutiva atua como recessivo devido ao fenômeno de reversão de dominância (PARIS e EDELSTEIN, 2001).

Diante dos dados conflitantes a respeito do controle genético do porte em abóbora, este trabalho tem por objetivo avaliar o controle genético do porte de *C. moschata*, assim como de outros descritores morfoagronômicos visando transferir alelos associados ao porte reduzido para acessos promissores quanto ao teor de óleo, bem como outras características associadas à produção de óleo.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Cultura da abóbora

A abóbora *Cucurbita moschata* Duchesne pertence à família Cucurbitaceae, formada por cerca de 118 gêneros e 825 espécies (FILGUEIRA, 2003), faz parte da divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, subclasse Dilleniidae, ordem Violales e família Cucurbitaceae. Este gênero possui 20 pares de cromossomos ($2n=2x=40$) (PARIS et al, 2005), é formado por 24 espécies, cinco dessas cultivadas (*C. argyrosperma*, *C. ficifolia*, *C. maxima*, *C. moschata* e *C. pepo*) (LIRA-SAADE, 1995 citado por FERREIRA 2008).

C. moschata são plantas anuais em que ocorre desenvolvimento contínuo da parte vegetativa, floração e a frutificação; possui caule herbáceo, rastejante com gavinhas e raízes adventícias que auxiliam na fixação da planta ao solo; o hábito de crescimento é indeterminado e quanto ao florescimento, é classificada como monóica, ou seja, flores femininas e masculinas separadas na mesma planta. São consideradas plantas alógamas, sendo a polinização natural realizada por insetos (ROMANO et al 2008). Suas flores são grandes e vistosas, em suas anteras ocorrem grande produção de pólen pegajoso e pesado o que facilita a hibridização manual. (PUIATTI E SILVA, 2005; FILGUEIRA 2007).

O Brasil possui cerca de 127 mil estabelecimentos agropecuários produtores de abóbora, a quantidade produzida em todo país foi cerca de 390 mil toneladas em uma área de aproximadamente 90 mil hectares, logo, produtividade próxima a 4,4 ton/ha e com valor de produção anual em torno de 1,5 milhões de reais (IBGE, 2012). Esses valores provavelmente estão subestimados devido o comércio muitas vezes ser informal para essa cultura, portanto não considerados nos dados.

A produção de *C. moschata* concentra-se na região Nordeste, responsável por 24% da produção nacional (RESENDE et al., 2013). O volume de abóbora comercializado no país em 2013 foi superior a 48 mil toneladas demonstrando sua importância nacional (AGRIANUAL, 2015).

Sob aspectos nutricionais *C. Moschata* são ricas em carotenoides, principalmente beta caroteno e luteína (ROGRIGUEZ-AMAYA et al 2008), carotenoides esses associados a prevenção de doenças como o câncer, doenças cardiovasculares, catarata e degeneração macular relacionada a idade (GONZALES et al, 2001; ROGRIGUEZ-AMAYA et al 2003). Além disso, outros benefícios relacionados ao consumo de abóbora são citados tais como antidiabético, antitumor, antiparasita intestinal e anti inflamatória (FU et al.; 2006), que de acordo com Gonzáles et al (2001) estão associados a sua atividade antioxidante. Além disso,

as sementes de abóbora constituem em excelente fonte de vitamina E, e sua presença na dieta está associada a menores níveis de câncer gástrico, mama, pulmão e colo retal (HUANG et al, 2004).

2.2. Bancos de Germoplasma- BGH-UFV

Banco de germoplasma consiste no local onde se armazena o material genético das espécies de interesse, e que caracterizam a existência de diversidade genética (RAMALHO, 2012).

Caracterizar um germoplasma consiste em mensurar e documentar as características herdáveis das plantas. Essa caracterização é de extrema importância para avaliar a variabilidade genética disponível e proceder à identificação de acessos promissores a serem usados em programas de melhoramento (BESPALHOK, 2007).

O banco de germoplasma da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV) é um banco ativo que foi criado em 1966 com o apoio da Fundação Rockefeller, esse banco possui mais de seis mil acessos com 25 famílias e 106 espécies. As famílias com maiores participações são Solanaceae (44,21%), Leguminosae (16,83%), Cucurbitaceae (15,70%) (SILVA et al 2001).

Nos últimos anos tem sido realizado vários trabalhos visando encontrar fontes de resistência às pragas e doenças, tolerância à estresses abióticos e determinação de acessos promissores quanto aos componentes bioativos neste banco (LIMA NETO, 2013; SOBREIRA, 2013; MOURA, 2003)

Dentre esses trabalhos destaca-se o de Lima Neto (2013) que caracterizou acessos *C. moschata* com finalidade de selecionar genitores para uso em programas de melhoramento visando cultivares biofortificadas e produtivas. Como resultado foi possível identificar a elevada variabilidade nesse banco, tanto para composição de carotenoides quanto para características morfoagronômicas e que pôde-se selecionar quatro acessos (BGH-6997, BGH-7003, BGH-7671 e BGH-7765) que poderão ser usados como genitores (LIMA NETO, 2013).

Outro trabalho realizado foi o de Sobreira (2013), que também caracterizou acessos desta espécie determinando a composição de ácidos graxos em suas sementes, e encontrando como principais frações o ácido linoleico (54,46%), oleico (21,15%), palmítico (15,07%), esteárico (9,09%) e linolênico (0,21%). Portanto, maior predominância de ácidos graxos insaturados (linoleico e oleico), além disso, determinou acessos promissores visando a melhoria para esses compostos e outras características de importância agrônômica, dentre

esses acessos pode-se destacar o BGH-7319 que foi utilizado pelo presente trabalho (SOBREIRA, 2013).

2.3. Óleo de sementes

No Brasil e no mundo grande parte do que é produzido é descartado, por exemplo, perdas no processamento industrial de abóbora podem chegar a quase 30% de cascas e sementes. (PUMAR et al, 2005). As sementes chegam a corresponder a 3,32% do peso da abóbora (DEL VECHIO, 2004) e são importantes fontes de óleos com propriedades nutricionais benéficas. Estas sementes podem ser consumidas torradas e salgadas como é feito na Grécia, ou utilizadas como fonte de óleo após extração para tempero de saladas como é feito na Áustria (LAZOS, 1995; MURKOVIC et al., 1996; EL ADAWY e TAHA, 2001).

Os óleos vegetais mais consumidos mundialmente são os da soja, palma, colza e girassol. Do óleo de soja é consumido cerca de 31,6 milhões de toneladas por ano (SOY STATS, 2005), sendo que o seu teor gira em torno de 20% (VELLO; SILVA, 2006; SALES, 2016). O teor de óleo nas sementes de abóbora varia de 30 a 50%, dependendo da espécie, genótipo e ambiente de cultivo (MURKOVIC et al., 1996; STEVENSON et al., 2007), mostrando grande potencialidade da abóbora para esta finalidade.

Os óleos vegetais são constituídos por uma mistura de ésteres derivados do glicerol (triacilgliceróis ou triglicerídios), cujos ácidos graxos contêm cadeias de 8 a 24 átomos de carbono com diferentes graus de insaturação. A variação na proporção dos diferentes ácidos graxos determina as variações na composição química dos óleos vegetais, portanto a análise de sua composição constitui passo importante para a avaliação da qualidade do óleo (COSTA NETO et al, 2000).

Os óleos das sementes de abóbora são tipicamente óleos insaturados em que se predomina ácido oleico e linoleico, e baixa proporção de ácido linolênico e de outros ácidos graxos insaturados, como consequência possui alta estabilidade oxidativa durante a estocagem e baixa produção de radicais livres na dieta. (JAKAB et al 2003).

Segundo Lazos (1992), em virtude dessa alta concentração de ácidos graxos insaturados, tem sido sugerida a utilização do óleo de semente de abóbora como substituto aos óleos saturados nas dietas. Além disso, esses ácidos graxos insaturados associados à presença de componentes bioativos como tocoferóis, carotenoides e β -sitosterol, elevam esse óleo à classe dos óleos funcionais que podem proporcionar vários efeitos benéficos à saúde (CAILI et al., 2006).

O consumo do óleo de abóbora está associado à prevenção de algumas doenças, como inibição da progressão de problemas relacionados à hipertensão e artrites, inibição da hiperplasia da próstata induzida por testosterona, e como atuante na redução dos níveis de câncer de mama, do pulmão, do estômago e colo retal, conseqüentemente torna o óleo útil no tratamento da hiperplasia prostática benigna e outras doenças.

As sementes de abóbora além do seu potencial como fonte de óleo vegetal, podem ser consideradas boa fonte proteica (GOSSEL-WILLIAMS et al., 2006; STEVENSON et al., 2007).

2.4. Nanismo em abóbora

As plantas de *C. moschata* possuem hábito de crescimento indeterminado, internódios longos e emitem ramos que se espalham podendo chegar a uma distância de 15 metros da coroa central da planta. (MAYNARD et al., 2002; WU et al., 2007). O que prejudica certas práticas em seu cultivo, onerando a mão-de-obra, além de impedir maiores adensamentos de plantio.

Algumas plantas exibem fenótipo anão caracterizado pela redução dos entrenós sendo chamadas plantas braquíticas (KILEN, 1977). Essas plantas possuem hábito de crescimento reduzido com a possibilidade de se obter maior população por área (MAYNARD et al., 2002), e facilidade de realização de tratos culturais e colheita (ELSTEIN et. al., 1989), produzem frutos menores, porém em maior quantidade, o que pode refletir em maior produtividade e com frutos mais aceitos comercialmente (WU et al. 2007).

Em *C. maxima* são observados cultivares tipo moita, que possuem comprimento dos entrenós reduzido, essa redução é conferida por um único gene, o gene Bush (Bu), que é dominante no início do desenvolvimento de plantas das espécies *C. pepo* e *C. maxima* (SHIFRISS, 1947; DENNA E MUNGER, 1963; ROBINSON et al., 1976). Este gene promove redução drástica no conteúdo de giberelina da célula reduzindo a expansão celular (LOPEZ et al., 1995).

Também em *C. maxima* mediante o uso de marcadores moleculares foi possível identificar regiões cromossômicas relacionadas ao fenótipo de encurtamento da rama. Foram encontrados 3 QTL (quantitative trait locus) nos grupos de ligação (LG) 1 3 e 4, sendo que um QTL (qCmB2) localizado no LG 3 explicou 21,4% da variação. Nesta região foi localizado o gene *Cma_004516* que codifica (GA) 20-oxidase da via de biossíntese de GA. Nas plantas de hábito de crescimento tipo bush houve uma deleção no promotor desse gene (*Cma_004516*). Adicionado a isso esses autores mostraram que a expressão desse gene no

tipo rama foi superior quando comparado ao tipo bush, comprovando que Cma_004516 é um possível gene candidato em controlar o crescimento da rama em abóbora. (ZHANG et al, 2015)

2.5. Estudo da herança

O conhecimento da herança da característica, ou seja, da sua natureza e magnitude que os efeitos gênicos as governam é importante no processo de seleção e predição do comportamento de gerações segregantes (CRUZ e REGAZZI, 2001), para assim entender a variabilidade genética disponível na população e determinar a proporção da variabilidade total que é de natureza genética, ou seja, determinar a herdabilidade da característica (BOREM e MIRANDA, 2013). Isto permite determinar o critério e a intensidade da seleção, e o método de condução da população segregante (RAMALHO et al., 2000, BUENO et al. 2001).

O estudo da herança de determinada característica pode ser realizado sob duas abordagens, uma qualitativa e a outra quantitativa. A abordagem qualitativa é realizada para características qualitativas que possuem distribuição em classes, pouco influenciadas pelo ambiente e controladas por poucos genes. Seu estudo baseia-se no uso do teste do qui-quadrado (χ^2) em que se considera a taxa de segregação observada e esperada em cada geração para determinar o padrão de herança. No entanto, as características quantitativas possuem distribuição contínua, são muito influenciadas pelo ambiente e controladas por muitos genes, portanto seu estudo baseia-se em médias e variâncias para determinar as magnitudes e os efeitos genéticos que governam determinado carácter (CRUZ et. al., 2005).

Esses estudos podem ser realizados através de análise de geração, que permite avaliar simultaneamente várias gerações ou populações, incluindo genitores, híbridos (F_1) e gerações segregantes, como as populações F_2 e as derivadas de retrocruzamentos. São estimados os parâmetros genéticos e os efeitos gênicos envolvidos na herança das principais características de importância, realiza-se análise de médias e variâncias nas seis gerações, identificando os tipos de interação alélica envolvida no controle genético das características, estimando as variâncias aditivas, dominância, fenotípica, genética e ambiental, herdabilidades no sentido amplo e restrito e os efeitos genéticos aditivo, dominantes e epistáticos (aditivo x aditivo, aditivo x dominante e dominante x dominante), além disso, podem determinar qual o modelo que melhor explica o controle genético de determinada característica, se é o modelo aditivo dominante que considera apenas os efeitos aditivos e dominantes ou modelo completo que acrescenta as epistasias ao modelo. (CRUZ e REGAZZI, 2001).

Nos estudos de herança do porte em abóbora foram obtidos resultados conflitantes; em alguns estudos o gene bush é dominante completo, mas que há interação de outros genes em sua expressão (EDELSTEIN et al., 1989). Em trabalho de Wu (2007) constatou-se que o hábito de crescimento tipo moita 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). No início do desenvolvimento as plantas oriundas do cruzamento entre o tipo bush e aquelas que emitem ramos são mais próximas do genitor bush, mas após o florescimento assemelham ao genitor que rastejante. Todos esses conflitos entre os resultados mostra a grande dificuldade em se determinar o controle genético do porte em abóbora.

Diante disso, o objetivo deste trabalho foi estudar o controle genético do porte de abóbora, assim como de descritores morfoagronômicos visando transferir alelos associados ao porte reduzido para acessos promissores quanto ao teor de óleo e outras características associadas.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material vegetal

Para realizar o estudo da herança foi feita análise de gerações em que foram semeadas simultaneamente seis gerações: P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂.

O genitor P₁ é o acesso BGH 7319 pertencente ao Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV), e considerado promissor para programas de melhoramento visando à produção de óleo funcional de sementes de abóbora, uma vez que possui elevada massa de sementes por fruto, elevada concentração de óleo e baixa concentração de ácido palmítico (SOBREIRA, 2013). O genitor P₂ é o cultivar Tronco Verde que possui o gene que confere redução do entrenó em homozigose que possibilita o aumento da densidade de plantas por área. (Figura 1)

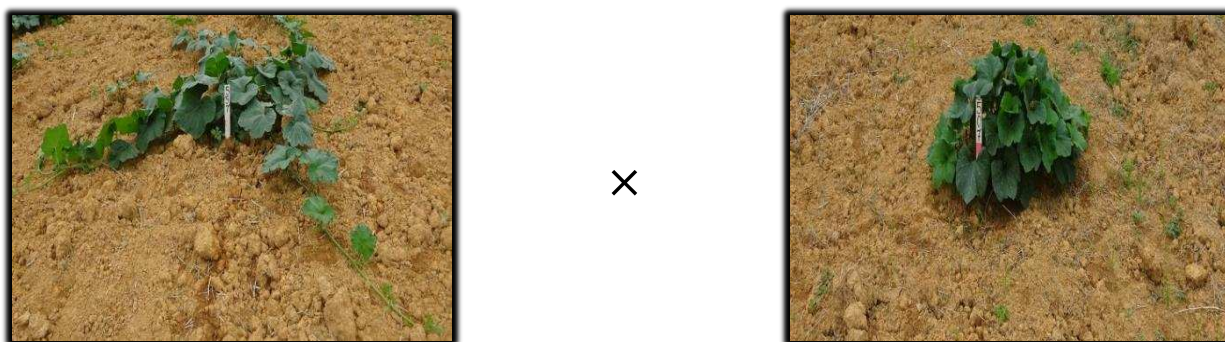


Figura 1- Genitores utilizados para realizar estudo de herança. Acesso BGH 7319: Acesso pertencente ao Banco de Germoplasma de Hortaliças (BGH) da Universidade Federal de Viçosa e considerado promissor para programa de melhoramento visando produção de óleo funcional; Cultivar tronco verde: Cultivar que possui o gene que confere redução do entrenó em homozigose. Viçosa- MG.

*Imagens obtidas aos 52 dias após o transplântio.

3.2. Instalação e condução dos experimentos

A semeadura foi realizada em bandejas de isopor com 72 células, contendo substrato comercial Topstrato. 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 de 4,0 m entre fileiras e 4,0 m entre plantas (4x4), os tratos culturais foram realizados sempre que necessários seguindo as recomendações de Filgueira (2007). A colheita foi realizada quando os frutos atingiram o ponto de maturação comercial, indicado pelo pedúnculo seco.

Foram caracterizadas no experimento 17 plantas do P₁, 19 do P₂, 23 plantas F₁, 75 e 89 plantas de cada retrocruzamento RC₁ e RC₂ respectivamente e 183 plantas da geração segregante F₂.

O experimento foi conduzido na unidade experimental da “Horta Velha” (20° 45’14” S, 42° 52’53” W e 648,74 m) do departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brasil, no período de agosto de 2016 a março de 2017.

3.3. Avaliações

As avaliações foram divididas em porte, florescimento, frutos sementes e produção, para avaliar o efeito do florescimento sobre as características, as avaliações de porte foram separadas em dois intervalos (antes e depois da primeira flor) (Tabela 1).

Tabela 1- Descritores avaliados em Abóbora (*C. moschata* Duch.) relativos ao porte, florescimento, frutos e produção para realizar o estudo de herança. Viçosa - MG

Porte	Antes da 1ª flor (A)	Comprimento da rama principal (CRA); número de entrenós (NEA) e seu comprimento médio (CMEA) e diâmetro (DEA); comprimento do limbo (CLA) e sua e largura (LLA).
	Após a 1ª flor (D)	Comprimento da rama principal (CRD); número de entrenós (NED) e seu comprimento médio (CMED) e diâmetro (DED); comprimento (CLD) e largura do Limbo (LLD).
	Rama total (T)	Comprimento da rama principal (CRT) e número de ramos laterais (NRL); número de entrenós (NET) e seu comprimento médio (CET) e diâmetro (DET).
Florescimento	Comprimento do pedicelo da flor masculina (CPM) e feminina (CPF); graus dias acumulados para o florescimento masculino (GDAM) e feminino (GDAMF).	
Frutos	Comprimento (CF); diâmetro maior (DM); diâmetro transversal (DTCI) e longitudinal da cavidade interna (DLCI); espessura média da casca (EMC) e da polpa (EMP); firmeza (FMS); porcentagem de massa seca (PMS); sólidos solúveis totais (SST); carotenoides totais (Cta) e luteína (Lut).	
Sementes	Massa de 100 sementes (M100S); massa total por fruto (MTSF); relação massa de sementes por massa de fruto (MS/MF); número total de sementes por fruto (NTSF); comprimento (CS), largura (LS) e espessura (ES).	
Produção	Massa média de frutos por planta (MMFP); número de frutos por planta (NFP); Produção de frutos por planta (PRFP).	

Para todas as medidas referentes às dimensões foram utilizados paquímetro, trena ou régua, para os dados de massa foi utilizada uma balança analítica, para os valores referentes à quantidade, como número de ramos laterais, número de sementes por fruto e número de frutos produzidos por planta foram feitas contagens.

O comprimento médio do entrenó foi obtido pela razão do comprimento da rama e o número de entrenós. O diâmetro do entrenó, assim como o comprimento e largura do limbo foram mensurados no terceiro entrenó de cada intervalo, ou seja, contados da base até a primeira flor feminina e da primeira flor feminina até o final da rama.

As estimativas dos graus dias foi realizada utilizando dados coletados da estação meteorológica instalada na unidade experimental. Foi utilizada como temperatura base inferior 12° C (SOUZA et al, 2015) e estimados com as seguintes fórmulas:

$$GD = \frac{(T_{max} - T_{min})}{2} - T_b$$

$$GDA = \sum_{i=1}^n GD_i$$

Onde:

GD: Graus dias

Tmax: Temperatura máxima do dia

Tmin: Temperatura mínima do dia

Tb: Temperatura basal inferior

GDA: Graus dias acumulados:

Os sólidos solúveis totais (SST) foram expressos em °Brix e obtido através de um refratômetro; as estimativas dos carotenoides totais e luteínas foram obtidas com o auxílio de um colorímetro manual (Color Reader CR-10, Konica Minolta), obtendo-se: L (luminosidade); a (contribuição do vermelho); b (contribuição do amarelo); C (saturação); H (tonalidade) para estimar de forma indireta, por meio de equações, os teores de carotenoides totais ($CTa = 6,1226 + 1,7106 \times a$) e luteína ($LUTc = -6,3743 + 0,2418 \times C$) ambos expressos em $\mu\text{g g}^{-1}$ de massa fresca da polpa baseando-se nos parâmetros a e c, respectivamente (ITLE; KABELKA, 2009). As medições das sementes foram realizadas em seis coletadas de forma aleatória. Todas as medições relacionadas aos frutos e sementes foram realizadas em um fruto de cada planta.

3.4. Análises genéticas

Foi realizado o estudo das médias e variâncias aditiva (σ_a^2), desvios da dominância (σ_d^2), fenotípica (σ_f^2), genética (σ_g^2) e ambiental (σ_m^2) (Cruz et al., 2004). Além disso, foram realizados testes de modelos genéticos utilizando a verossimilhança.

Para o estudo das variâncias foram utilizados os seguintes estimadores:

Variância fenotípica em F_2 :

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

Variâncias ambiental:

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

$$\hat{\sigma}^2_{m(RC1)} = \frac{\hat{\sigma}^2_{F1} + \hat{\sigma}^2_{P1}}{2}$$

$$\hat{\sigma}^2_{m(RC2)} = \frac{\hat{\sigma}^2_{F1} + \hat{\sigma}^2_{P2}}{2}$$

Variância genética em F₂:

$$\hat{\sigma}^2_{g(F2)} = \hat{\sigma}^2_{f(F2)} - \hat{\sigma}^2_{m(F2)}$$

Variância aditiva:

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

Variância devido aos desvios da dominância:

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

Foram calculadas as estimativas da herdabilidade no sentido amplo h_a^2 e restrito h_r^2 através dos seguintes estimadores:

Herdabilidade no sentido amplo (h_a^2):

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

Herdabilidade no sentido restrito (h_r^2):

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

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

Análise das médias das gerações, modelo completo:

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

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

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

$$a\hat{a} = -4\bar{F}_2 + 2\bar{RC}_1 + 2\bar{RC}_2$$

$$a\hat{d} = -\bar{P}_1 + \bar{P}_2 + 2\bar{RC}_1 - 2\bar{RC}_2$$

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

Todos os efeitos dos dois modelos foram submetidos ao teste t, a 5% de probabilidade, em que é testada a nulidade de cada parâmetro, ou seja, $H_0: \beta_i=0$. Todas as análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional Genes (CRUZ, 2006).

Para os testes de modelos genéticos utilizando a verossimilhança, foram utilizados os seguintes estimadores:

$$P_1: f_1(y_{i1}) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \exp \left\{ -\frac{(y_{i1} - \mu + [a] + A)^2}{2\sigma^2} \right\}$$

$$P_2: f_2(y_{i2}) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \exp \left\{ -\frac{(y_{i2} - \mu + [a] + A)^2}{2\sigma^2} \right\}$$

$$F_1: f_3(y_{i3}) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \exp \left\{ -\frac{(y_{i3} - \mu + [a] + A)^2}{2\sigma^2} \right\}$$

$$RC_1: f_4(y_{i4}) = \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}}} \exp \left\{ -\frac{\left(y_{14} - \mu - \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + A\right)^2}{2\left(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}\right)} \right\}$$

$$+ \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}}} \exp \left\{ -\frac{\left(y_{14} - \mu - \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + A\right)^2}{2\left(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}\right)} \right\}$$

$$RC_2: f_5(y_{i5}) = \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D + S_{AD}}} \exp \left\{ -\frac{\left(y_{15} - \mu - \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + A\right)^2}{2\left(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}\right)} \right\}$$

$$+ \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}}} \exp \left\{ -\frac{\left(y_{15} - \mu - \frac{[a]}{2} - \frac{[d]}{2} + D\right)^2}{2\left(\sigma^2 + \frac{V_A}{2} + V_D - S_{AD}\right)} \right\}$$

$$F_2: f_6(y_{i6}) = \frac{1}{4} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + V_A + V_D}} \exp \left\{ -\frac{\left(y_{16} - \mu - \frac{[d]}{2} + A\right)^2}{2(\sigma^2 + V_A + V_D)} \right\}$$

$$+ \frac{1}{2} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + V_A - V_D}} \exp \left\{ -\frac{\left(y_{16} - \mu - \frac{[d]}{2} + D\right)^2}{2(\sigma^2 + V_A + V_D)} \right\}$$

$$+ \frac{1}{4} \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{1}{\sqrt{\sigma^2 + V_A + V_D}} \exp \left\{ -\frac{\left(y_{16} - \mu - \frac{[d]}{2} - A\right)^2}{2(\sigma^2 + V_A + V_D)} \right\}$$

Em que:

μ : constante de referência

A: efeito aditivo do gene de efeito maior

D: efeito de dominância do gene de efeito maior

[a]: componente poligênico aditivo

[d]: componente poligênico de dominância

V_a : variância aditiva

V_d : variância atribuída aos desvios de dominância dos efeitos poligênicos

S_{ad} : componente da variação relativa aos produtos dos efeitos poligênicos aditivos pelos efeitos poligênicos de dominância

σ^2 : variância ambiental

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

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

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

Os testes de máxima verossimilhança aplicam-se a modelos hierarquizados, de forma que o contraste entre modelos pode levar ou não a rejeição de um deles. A significância dos testes mostra que o efeito diferente entre eles é significativo, portanto o modelo mais completo explica melhor a característica. Caso o contraste seja não significativo indica que o modelo mais reduzido é o que melhor explica (FERREIRA, 2017).

Esses testes foram realizados utilizando o programa computacional Monogen v.0.1, desenvolvido por Silva (2003). Os Modelos utilizados pelo programa são mostrados na Tabela 2.

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

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

μ - Constante de referência, A- Efeito aditivo do gene de efeito maior, D- Efeito de dominância do gene de efeito maior, [a]- Componente poligênico aditivo, [d]- Componente poligênico de dominância, V_a - Variância aditiva, V_d - Variância atribuída aos desvios de dominância dos efeitos poligênicos, S_{ad} - Componente da variação relativa aos produtos dos efeitos poligênicos aditivos pelos efeitos poligênicos de dominância, σ^2 - Variância ambiental

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Média das gerações

4.1.1. Descritores de porte

Todas as estimativas dos descritores foram submetidas à análise de variância. Os maiores valores de coeficiente de variação encontrados foram para comprimento da rama antes do florescimento (CRA) com CV% de (20,84%) seguido de comprimento da rama toda (CRT) (12,14%). (Tabela 3)

Considerando os desvios padrão para cada geração (Tabela 3) foi possível determinar que todos os descritores avaliados possuíam interação alélica do tipo aditiva, uma vez que a média da geração F_1 está no intervalo da média dos pais. A ocorrência de interação alélica aditiva indica que a seleção de indivíduos com as características desejáveis possibilita ganhos consideráveis, pois a descendência de indivíduos selecionados irá produzir uma descendência também superior (RAMALHO, 2012).

No entanto ao comparar os intervalos da F_1 para os descritores CRA, CRT, NED, NET, CMEA, CMED, CMT e o intervalo da média dos genitores para estes mesmos descritores, constatou-se que houve indivíduos com valores inferiores à média dos genitores, isto pode ser interpretado como dominância parcial do genitor de menor valor para estas características.

Este mesmo comportamento foi verificado ao observar os valores de grau médio de dominância (gmd) para os respectivos descritores estimados a partir das médias (Tabela 3), cujas estimativas, em geral, encontram-se entre 0 e 1. Segundo Ramalho (2012), grau médio de dominância nessa faixa confere à característica interação do tipo dominância parcial. Esse tipo de interação dificulta a seleção de indivíduos superiores, pois sua descendência terá comportamento inferior a ele próprio. Para essas características a seleção pode ser realizada em combinações híbridas visando produção de cultivares híbridas.

Outro aspecto importante é quando se compara os valores de gmd do comprimento do entrenó antes do florescimento (CMEA) e o comprimento do entrenó depois (CMED). O valor de gmd para CMEA é aparentemente maior que o gmd do CMED, evidenciando maiores efeitos de dominância para o primeiro, além disso, para o CMEA a F_2 apresentou média inferior que também indica essa interação (Tabela 3).

Houve segregantes transgressivos para valores mínimos na geração F_2 para todos os descritores, demonstrando que o cruzamento realizado é promissor para redução desses descritores e que existe boa complementação entre os genitores com boa possibilidade de selecionar indivíduos com número de alelos efetivos superiores aos dos pais (RAMALHO, 2012).

Tabela 3- Média, desvio padrão e grau médio de dominância dos descritores relativos ao porte nas gerações P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.

Gerações	CRA		NEA		CMEA		DEA		CLA		LLA	
	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP
P ₁	330,59	108,38	18,06	4,63	18,24	4,01	8,49	1,43	17,91	3,65	25,21	5,61
P ₂	41,42	13,15	10,00	2,60	4,13	0,71	10,55	1,65	17,32	3,47	24,08	5,49
F ₁	124,07	46,92	13,91	2,73	8,78	2,31	9,57	1,38	17,13	3,96	24,13	5,24
F ₂	100,79	85,05	12,78	5,16	7,20	3,94	10,10	2,89	17,31	4,61	24,13	6,21
RC ₁	166,88	62,74	17,00	3,21	9,75	2,96	11,23	1,88	19,71	4,34	26,70	5,20
RC ₂	61,38	28,41	11,93	3,14	5,01	1,45	10,97	2,39	18,73	3,41	25,82	4,10
CV (%)	20,84		6,48		12,11		9,59		9,68		9,89	
Média	137,97		13,93		8,86		10,13		17,99		24,99	
Gmd	-0,43		-0,02		-0,34		-0,04		-1,63		-0,9	
Gerações	CRD		NED		CMED		DED		CLD		LLD	
	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP
P ₁	289,24	118,25	23,82	10,50	13,01	3,53	7,13	0,84	17,18	2,57	24,56	3,77
P ₂	122,63	27,08	21,05	5,20	6,10	1,89	8,21	1,05	16,97	3,80	22,53	5,79
F ₁	151,85	60,73	17,30	6,64	8,92	2,63	7,86	0,74	15,57	2,57	20,59	3,43
F ₂	210,42	111,73	19,34	7,26	11,07	4,18	8,40	1,91	17,95	3,81	23,81	5,11
RC ₁	388,59	137,01	26,49	6,95	14,58	3,18	9,53	1,37	21,50	4,17	26,56	5,00
RC ₂	163,51	72,46	18,83	7,58	9,17	3,34	8,21	0,99	18,25	3,39	23,17	4,36
CV (%)	17,54		13,47		11,71		4,11		6,61		6,32	
Média	219,66		21,11		10,42		8,22		17,89		23,51	
Gmd	-0,65		-3,74		-0,18		-0,35		-14,8		-2,9	
Gerações	CRT		NET		CMT		DMT		NRL			
	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP
P ₁	619,82	140,35	41,88	11,61	15,24	2,92	7,81	0,97	6,12	1,54		
P ₂	164,06	31,04	31,05	5,80	5,37	1,08	9,38	1,02	6,95	1,75		
F ₁	275,91	77,71	31,22	6,06	8,87	2,13	8,71	0,90	7	1,88		
F ₂	311,21	170,46	32,12	9,68	9,36	2,98	9,25	2,05	6,66	2,26		
RC ₁	555,47	155,87	43,49	6,99	12,69	2,46	10,38	1,32	7,64	2,17		
RC ₂	224,89	79,78	30,77	7,77	7,30	1,73	9,59	1,30	7,61	1,92		
CV (%)	12,14		8,72		7,06		5,43		10,5			
Média	357,64		35,05		9,78		9,18		6,98			
Gmd	-0,51		-0,97		-0,3		-0,15		-1,12			

CRA (cm), NEA (cont), CMEA (cm), DEA (mm), CLA (cm), LLA (cm) Comprimento da rama, Número de entrenó, Comprimento médio do entrenó, diâmetro do entrenó, comprimento e largura do limbo antes da primeira flor feminina respectivamente. CRD (cm), NED (cont), CMED (cm), DED (mm), CLD (cm), LLD (cm) Comprimento da rama, Números de entrenó, Comprimento médio do entrenó, diâmetro do entrenó, comprimento e largura do limbo depois da primeira flor feminina respectivamente. CRT (cm), NET (cont), CMET (cm), DMT (mm) Comprimento da rama, Número de entrenó, Comprimento médio do entrenó, diâmetro do entrenó da rama toda respectivamente; NRL (cont) - Número de ramas laterais; DP - Desvio padrão; gmd - Grau médio de dominância baseado em médias.

4.1.2. Descritores de florescimento

Para os descritores de florescimento observou-se baixos CV, sendo CPF o descritor que apresentou maior CV (19,14%). As variáveis apresentaram interação alélica aditiva, onde a média da geração F₁ é intermediária comparada a seus genitores com exceção do GDAM que apresentou média inferior à média dos pais (Tabela 4).

Tanto o genitor P₂ quanto a geração RC₂ foram mais precoces (menores GDA), assim como encontrado por Maynard et al (2002), em que plantas tipo moita foram mais precoces que plantas tipo rama. Em trabalho de Ferreira et al, (2016) foi obtida alta associação entre dias para o florescimento e o hábito de crescimento ($r = 0,72$), e ($r = 0,80$) entre hábito de crescimento e dias para o florescimento masculino. Isso pode justificar a presença de segregantes transgressivos para valores mínimos tanto de GDAM quanto GDAF associados ao genitor de hábito de crescimento reduzido, resultado este interessante quando se busca a precocidade de variedades em programas de melhoramento.

Tabela 4- Médias e desvio padrão dos descritores relativos ao florescimento nas gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂ derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P₁) com a cultivar Tronco verde (P₂). Viçosa – MG.

Geração	GDAM		GDAF		CPM		CPF	
	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP
P ₁	570,98	34,52	603,89	72,37	15,06	5,24	11,44	6,41
P ₂	367,44	21,25	412,13	38,77	23,03	5,55	5,08	1,89
F ₁	383,55	58,60	471,03	63,46	21,35	7,34	7,26	2,43
F ₂	432,71	74,88	439,97	82,00	19,76	6,65	7,61	2,46
RC ₁	492,99	42,92	514,54	77,68	26,09	7,99	8,12	2,08
RC ₂	362,49	33,59	412,69	43,26	24,48	7,56	8,42	3,60
CV%	3,02		4,10		9,09		19,14	
Média	434,76		475,63		21,61		7,97	

GDAM- Graus dias acumulados para a abertura da flor masculina; GDAF - Graus dias acumulados para abertura da primeira flor feminina; CPM (cm) - Comprimento do pedicelo masculino; CPF (cm) - Comprimento do pedicelo feminino; DP- desvio padrão.

4.1.3. Descritores de frutos

Quanto aos descritores de frutos foram observados CVs inferiores a 12,2%. Todos os descritores caracterizaram-se como de interação alélica aditiva, visto que as médias da geração F₁ situaram-se no intervalo entre as médias dos genitores, porém com indivíduos na geração F₁ com valores inferiores ou superiores as médias apresentadas. Exceção é feita para espessura média da polpa (EMP) com média inferior à média dos pais caracterizando interação alélica do tipo subdominância (Tabela 5).

Na geração F₂ houve segregantes transgressivos para valores mínimos para todos os descritores, e em geral para valores máximos com exceção de EMC, DTCl, DMF e Lut que foram obtidos somente para valores mínimos.

Valores altos para descritores como (EMP) são interessantes devido sua importância sob o ponto de vista comercial, pois frutos que apresentem polpa mais espessa conferem

maior rendimento, fator importante para sua comercialização e industrialização. (BLANK et al 2013). Por outro lado, segundo Pereira et al. (2012), o aumento da espessura da polpa pode levar a redução da cavidade interna do fruto, portanto deve-se priorizar genótipos que produzam frutos com polpas menos espessas quando o objetivo é a produção de sementes, pois menor razão cavidade interna espessura da polpa, espera-se menor quantidade de sementes por fruto. Valores altos para carotenoides totais (Cta) também são de grande importância sob o ponto de vista nutricional (LIMA NETO, 2013).

Tabela 5- Médias e desvio padrão dos descritores de frutos nas gerações P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 derivadas do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.

Geração	EMC		EMP		DLCI		DTCI		CF		DMF	
	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP
P1	3,86	1,02	3,12	0,54	15,47	1,82	13,39	2,03	23,75	2,46	20,62	2,48
P2	2,76	0,39	7,17	1,36	11,28	2,05	7,60	1,38	38,39	6,65	11,35	1,84
F1	4,42	0,67	3,19	0,59	15,98	3,06	12,63	2,11	25,66	2,78	18,74	2,63
F2	2,94	0,83	4,17	2,3	16,3	5,43	9,02	2,06	29,53	9,84	14,1	3,11
RC1	3,82	0,9	3,34	0,69	11,72	4,76	11,77	2,71	19,13	5,91	19,24	3,37
RC2	3,39	0,74	5,77	2,56	15,3	4,63	9,89	1,6	34,52	9,63	15,22	2,23
CV%	11,79		8,02		8,79		6,87		5,81		5,24	
Média	3,52		4,45		14,34		10,71		28,47		16,54	
Geração	FMS		SST		Cta		Lut		PMS			
	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP		
P1	29,5	3,47	12,23	2,42	54,69	9,46	5,48	1,53	7,82	2,23		
P2	21,66	2,86	14,4	2,31	42,63	9,99	4,11	1,12	7,38	2,3		
F1	23,72	3,2	14,18	1,85	52,8	10,06	4,59	1,28	7,6	1,64		
F2	20,36	6,67	14,78	4,07	48,49	25,72	4,16	1,86	8,74	3,48		
RC1	27,92	5,27	14,67	2,24	49,19	7,49	4,69	1,2	8,55	2,88		
RC2	21,95	4,65	14,46	2,42	46,96	8,54	4,13	1,39	8,81	10,2		
CV%	6,53		5,56		8,65		11,25		12,2			
Média	24,17		14,12		49,09		4,52		8,15			

EMC (mm)- Espessura média da casca; EMP (cm) espessura média da polpa; DLCI (cm) e DTICI (cm)- Diâmetro longitudinal e transversal da cavidade interna respectivamente; CF (cm) Comprimento do fruto; DM-Diâmetro maior (cm); FMS (Lb)- Firmeza; PMS (%) Porcentagem de massa seca; SST (OBRIX)- Sólidos solúveis totais; Cta ($\mu\text{g/g}$) Carotenoides totais e Lut ($\mu\text{g/g}$)- luteína; DP- Desvio Padrão.

4.1.4. Descritores de sementes

Foram encontrados baixos valores de CVs para todos descritores de sementes. Considerando os desvios foi observada interação alélica do tipo aditiva para CS, LMS, M100S, MTSF, NSPF e dominância parcial para ES. Para MS/MF houve sobredominância, ou seja, houve heterobeltiose em que a média da F₁ foi superior ao melhor genitor. Este resultado é desejável quando o objetivo é aumentar o valor desse descritor para aumentar a produção de sementes por área. (Tabela 6).

Para os descritores M100S e NSPF os valores da F_1 tenderam a ser superiores à média dos genitores o que possivelmente seria traduzido em dominância parcial, e não interação aditiva. Com relação à MTSF existe tendência de sobredominância, ou seja, superior ao genitor de maior valor, essas interações poderiam ter ocorrido caso os desvios padrão fossem menores, isso pode ser confirmado pelos valores de graus médios de dominância encontrados na tabela 6, em que M100S e MTSF apresentaram valor de 0,93 e 0,48 respectivamente e MTSF 1,14. Portanto dominância parcial para os primeiros e sobredominância para o último.

Quando as estimativas são superiores a uma unidade é indicativo da sobredominância no controle genético da característica, existindo a possibilidade de ocorrência de heterose, conseqüentemente o desenvolvimento de híbridos seria interessante (SAID, 2014).

Quanto aos segregantes transgressivos, com exceção do comprimento das sementes (CS) houve segregantes para valor máximo para todos os descritores. Isso demonstra grande potencial para aumento da quantidade de sementes que é o objetivo quando se deseja aumentar a produção de óleo. Considerando que em trabalhos anteriores mostram altos valores de correlação entre o teor de óleo e número de sementes por fruto ($r = 0,75$) e entre teor de óleo e massa de sementes por fruto ($r = 0,74$) (SOBREIRA, 2013), os resultados sugerem boa possibilidade de aumento para o teor de óleo.

Tabela 6- Média, desvio padrão e grau médio de dominância dos descritores relativos às sementes nas gerações P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.

Geração	M100S		MTSF		NSPF		CS		LS		ES		MS/MF	
	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP	Média	DP
P ₁	12,90	3,01	51,17	22,72	465,21	132,60	16,77	1,35	9,35	0,79	2,36	0,35	1,28x10 ⁻²	0
P ₂	9,57	1,59	26,69	4,54	273,72	86,16	13,62	0,91	8,35	0,54	2,09	0,30	1,44x10 ⁻²	0
F ₁	12,79	2,16	52,92	11,36	416,17	129,88	14,88	0,95	8,87	0,71	2,56	0,25	1,55x10 ⁻²	0
F ₂	12,80	3,76	45,88	22,42	369,06	163,52	15,67	1,30	8,93	0,84	2,33	0,46	2,10x10 ⁻²	0,01
RC ₁	12,86	2,16	53,51	17,45	426,40	134,53	16,14	1,09	8,32	0,62	2,56	0,46	1,69x10 ⁻²	0
RC ₂	11,92	2,25	46,24	13,09	395,30	107,48	15,01	1,05	9,08	0,72	2,19	0,31	1,86x10 ⁻²	0,01
gmd	0,93		1,14		0,48		-0,19		0,03		2,42		-2,32	
CV%	8,81		14,44		9,65		2,51		2,94		4,15		14,7	
Média	12,13		46,21		392,02		15,34		8,8		2,34		1,97x10 ⁻²	

M100S (g) - Massa de 100 sementes; MTSF (g) - Massa de sementes por fruto; NSPF (cont) - Número de sementes por fruto; CS (mm) - Comprimento; LS (mm) Largura; ES (mm) - Espessura; MS/MF (g/g) - Relação massa de sementes por massa de fruto, gmd= Grau médio de dominância baseado em médias.

4.1.5. Descritores de produção

Para descritores de produção foram obtidos os maiores coeficientes de variação dentre todos testados nesse trabalho. Isto é reflexo de as características de produção serem sujeitas a influências ambientais, portanto são aceitáveis altos CV's para esses descritores. Com relação aos tipos de interação alélica predominou-se a interação do tipo aditiva, em que a média da F₁ foi intermediária a dos pais, com exceção de produção por plantas (PRFP) com tendência da existência de sobredominância. Entre os indivíduos da geração F₂ constataram-se valores máximos para todos descritores, conseqüentemente grande possibilidade de selecionar e obter ganhos em produção.

É importante observar o número de frutos por planta (NFP) obtidos na geração RC₁ que foi de 2,25 vezes a produção do genitor 1 (P₁). Considerando que esse genitor é o genitor com alto teor de óleo pode-se considerar alta possibilidade de incremento da quantidade de óleo com o aumento do número de frutos por planta, além do que essa geração também produziu alta quantidade de sementes (Tabela 6). Esse comportamento também ocorreu para a produção por planta que foi cerca de 2, 23 vezes a produção de P₁. Considerando que a massa de frutos, massa de sementes por fruto e teor de óleo apresentam baixa correlação existe grande possibilidade de combinar ambas as características. (BERENJI et al 2000). Além disso, os frutos da geração RC₁ foram de reduzido tamanho que é de grande interesse sob o ponto de vista comercial (BEZERRA NETO et al., 2006).

Tabela 7- Média e desvio padrão dos descritores relativos a produção nas gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC₁ e RC₂ derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P₁) com a cultivar Tronco verde (P₂). Viçosa - MG.

Geração	MMFP		NFPP		PRFP	
	Média	DP	Média	DP	Média	DP
P ₁	4,33	1,69	5,82	2,04	12,11	5,48
P ₂	1,80	0,53	5,11	1,94	8,63	6,01
F ₁	3,48	1,25	5,48	1,90	14,95	8,08
F ₂	2,59	1,96	6,72	5,54	13,30	14,32
RC ₁	3,50	1,58	13,13	5,62	27,06	15,44
RC ₂	3,08	1,49	5,45	3,17	13,20	7,51
CV (%)	12,35		28,40		42,08	
Média	3,12		6,92		14,74	

MMFP (kg) - Massa média de frutos por planta; NFPP (cont) - Número de frutos por planta; PRDP (Kg/planta)- Produção por planta; DP - Desvio padrão.

4.2. Estimativas de parâmetros genéticos

4.2.1. Descritores do porte

Dentre os descritores relacionados ao porte, para o diâmetro do entrenó foram detectados os maiores valores de herdabilidade no sentido amplo (Tabela 8). Quanto ao comprimento do entrenó observou-se maior herdabilidade no sentido amplo que o comprimento da rama, tanto antes quanto depois do florescimento, conseqüentemente é interessante que se utilize esse descritor para selecionar aquelas plantas de menor comprimento.

Quanto a herdabilidade no sentido restrito, foram obtidas para alguns descritores, estimativas viesadas, devido a sua forma de estimação. Na sua estimativa são consideradas as variâncias aditivas que são obtidas através dos retrocruzamentos, como esta geração apresentou considerável variância, os valores de variância aditiva foram superestimados ou subestimados.

Dentre os descritores de comprimento da rama, a maior estimativa de herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) foi para o comprimento da rama total (CRT) com h_a^2 igual a 71,83%, seguido de comprimento da rama após o florescimento (CRD) com h_a^2 de 55,76% e por último o comprimento da rama antes (CRA) h_a^2 de 43,58%. Ferreira et al (2016) encontraram alta correlação genética entre comprimento da rama principal e hábito de crescimento, portanto é interessante o uso do descritor de comprimento da rama principal como variável auxiliar em um índice de seleção visando a redução do porte.

Tabela 8- Estimativa dos parâmetros genéticos para os descritores relativos ao porte na população F2 derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.

Descritores	σ_f^2	σ_m^2	σ_g^2	σ_a^2	σ_d^2	h_a^2 (%)	h_r^2 (%)
CRA	7233,3008	4080,5008	3152,7999	9723,1758	-6570,3759	43,58	134,42
NEA	26,5786	10,7762	15,8024	32,9987	-17,1962	59,45	124,15
CMEA	15,5565	6,8123	8,7442	20,2445	-11,5003	56,20	130,13
DEA	8,3618	2,1442	6,2175	7,4773	-1,2598	74,35	89,42
CLA	21,2779	14,1969	7,0809	12,1224	-5,0414	33,27	56,97
LLA	38,5961	29,1269	9,4691	33,3461	-23,8769	24,53	86,39
CRD	12484,6864	5523,0289	6961,6576	948,0192	6013,6383	55,76	7,59
NED	52,6564	56,3670	-3,7106	-0,5042	-3,2063	-	-
CMED	17,4503	7,4643	9,9860	13,6340	-3,6480	57,22	78,13
DED	3,6408	0,7238	2,9170	4,4329	-1,5159	80,11	121,75
CLD	14,4904	8,5597	5,9307	0,0766	5,8541	40,92	0,52
LLD	26,1501	17,8222	8,3279	8,3057	0,0221	31,84	31,76
CRT	29056,0174	8184,7970	20871,2204	27450,3012	-6579,0808	71,83	94,47
NET	93,6163	60,4788	33,1375	78,0135	-44,8760	35,39	83,33
CMT	8,9072	4,7062	4,2010	8,7953	-4,5943	47,16	98,74
DMT	4,2098	0,8973	3,3124	4,9670	-1,6546	78,68	117,98
NRL	5,1170	3,1259	1,9911	1,8410	0,1500	38,91	35,97

σ_f^2 - Variância fenotípica; σ_m^2 - Variância ambiental; σ_g^2 - Variância genotípica; σ_a^2 - Variância aditiva; σ_d^2 - Variância de dominância; h_a^2 - Herdabilidade no sentido amplo; h_r^2 - herdabilidade no sentido restrito; CRA (cm), NEA (cont), CMEA (cm), DEA (mm), CLA (cm), LLA (cm) Comprimento da rama, Número de entrenó, Comprimento médio do entrenó, diâmetro do entrenó, comprimento e largura do limbo antes da primeira flor feminina respectivamente. CRD (cm), NED (cont), CMED (cm), DED (mm), CLD (cm), LLD (cm) Comprimento da rama, Números de entrenó, Comprimento médio do entrenó, diâmetro do entrenó, comprimento e largura do limbo depois da primeira flor feminina respectivamente. CRT (cm), NET (cont), CMET (cm), DMT (mm) Comprimento da rama, Número de entrenó, Comprimento médio do entrenó, diâmetro do entrenó da rama toda respectivamente; NRL (cont) - Número de ramas laterais.

4.2.2. Descritores de florescimento

Dentre os descritores de florescimento o comprimento tanto do pedicelo masculino (CPM) quanto do feminino (CPF), as estimativas da herdabilidade no sentido amplo e restrito foram baixas, em decorrência de altas estimativas das variâncias ambientais observadas para ambos (Tabela 9). Para os graus dias tanto para o florescimento feminino e masculino foram observados maiores valores de herdabilidade, demonstrando maior possibilidade de ganho e menor influência ambiental para esses descritores (Tabela 9).

Tabela 9- Estimativa dos parâmetros genéticos para os descritores relativos ao florescimento na população F2 derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.

Caracteres	σ_f^2	σ_m^2	σ_g^2	σ_a^2	σ_d^2	$h_a^2(\%)$	$h_r^2(\%)$
CPM (cm)	44,1993	41,5146	2,6846	-32,6027	35,2874	6,07	-
CPF (cm)	6,0489	14,1084	-8,0594	-5,1515	-2,9079	-	-
GADM (graus)	5606,5374	2127,8078	3478,7295	8242,2562	-4763,5267	62,04	147,01
GADF (graus)	6723,7279	36.988.087	3024,9192	5542,5185	-2517,5993	44,98	82,43

σ_f^2 - Variância fenotípica; σ_m^2 - Variância ambiental; σ_g^2 - Variância genotípica; σ_a^2 - Variância aditiva; σ_d^2 - variância de dominância; h_a^2 - Herdabilidade no sentido amplo; h_r^2 - herdabilidade no sentido restrito; GDAM - Graus dias acumulados para a abertura da flor masculina; GDAF - Graus dias acumulados para abertura da primeira flor feminina; CPM (cm) - Comprimento do pedicelo masculino; CPF (cm) - Comprimento do pedicelo feminino.

4.2.3. Descritores de frutos

Dentre os descritores de frutos avaliados, foram observados os maiores valores de herdabilidade no sentido amplo para espessura média da polpa (EMP), comprimento do fruto (CF) e carotenoides totais (Cta) (Tabela 10).

Em programas que visam aumentar a quantidade de sementes por frutos busca-se uma boa relação entre o diâmetro da cavidade interna e a espessura de polpa uma vez que alta espessura de polpa tende a reduzir a cavidade interna, conseqüentemente frutos de polpa menos espessa possuem maior cavidade interna que é de grande interesse (PEREIRA et al. (2012). A estimativa da herdabilidade no sentido amplo e restrito para o diâmetro longitudinal da cavidade interna (DLCI) foi maior quando comparada com diâmetro transversal (DTCI), logo maior facilidade de ganho para este (Tabela 10).

Tabela 10- Estimativa dos parâmetros genéticos para os descritores relativos aos frutos na população F₂ derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.

Descritores	σ_f^2	σ_m^2	σ_g^2	σ_a^2	σ_d^2	$h_a^2(\%)$	$h_r^2(\%)$
EMC	0,6930	0,5261	0,1668	0,0203	0,1465	24,07	2,93
EMP	5,2879	0,7137	4,5742	3,5331	1,0410	86,50	66,81
DLCI	29,5578	6,5731	22,9847	14,9398	8,0449	77,76	50,54
DTCI	4,2591	3,7510	0,5080	-1,3716	1,8796	11,92	-
CF	96,9500	16,4472	80,5028	66,2589	14,2439	83,03	68,34
DMF	9,6845	5,8697	3,8148	2,9969	0,8178	39,39	30,94
FMS	44,5892	10,202	34,3871	39,7204	-5,3332	77,12	89,08
SST	16,5742	4,5235	12,0507	22,2316	-10,1809	72,70	134,13
Cta	661,58	97,9871	563,5929	1193,9858	-630,3928	85,18	180,47
Lut	3,4798	1,7316	1,7481	3,5631	-1,815	50,23	102,39
PMS	12,1322	3,9203	8,2119	-87,1578	95,3697	67,68	-

σ_f^2 - Variância fenotípica; σ_m^2 - Variância ambiental; σ_g^2 - Variância genotípica; σ_a^2 - Variância aditiva; σ_d^2 - variância de dominância; h_a^2 - Herdabilidade no sentido amplo; h_r^2 - herdabilidade no sentido restrito; EMC (mm) - Espessura média da casca; EMP (cm) espessura média da polpa; DLCI (cm) e DTCI (cm) - Diâmetro longitudinal e transversal da cavidade interna respectivamente; CF (cm) Comprimento do fruto; DM - Diâmetro maior (cm); FMS (Lb) - Firmeza; PMS (%) Porcentagem de massa seca; SST (⁰BRIX) - Sólidos solúveis totais; Cta (µg/g) - Carotenoides totais e Lut (µg/g) - luteína.

4.2.4. Descritores de sementes

Com relação aos descritores relacionados à produção de sementes (Tabela 11), a relação massa de sementes por massa dos frutos (MS/MF) foi o descritor com maior valor de herdabilidade no sentido amplo (82,51%) seguido de massa de sementes por fruto (MSF) (63,11%), demonstrando baixa influência ambiental para ambos e, conseqüentemente alta possibilidade de ganho com a seleção já em gerações iniciais. (Maris, 1988).

Tabela 11 - Estimativa dos parâmetros genéticos para os descritores de sementes na população F₂ derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.

Descritores	σ_f^2	σ_m^2	σ_g^2	σ_a^2	σ_d^2	H _a ²	h _r ²
MTSF	502,5183	198,7481	303,7701	529,1708	-225,4006	60,44	105,30
NTSF	26738,6648	14685,5666	12053,0981	23826,1486	-11773,0504	45,07	89,10
M100S	14,1647	5,2249	8,9397	18,6028	-9,6600	63,11	131,33
MTSF/MF	0,0001	0,0000	0,0001	-0,0000	0,0001	82,51	-
CS	1,6881	1,1129	0,5752	1,0922	-0,5169	34,07	64,70
LS	0,7091	0,4790	0,2301	0,5170	-0,2868	32,45	72,90
ES	0,2133	0,0835	0,1297	0,1190	0,0107	60,82	55,79

σ_f^2 - Variância fenotípica; σ_m^2 - Variância ambiental; σ_g^2 - Variância genotípica; σ_a^2 - Variância aditiva; σ_d^2 - Variância de dominância; h_a² - Herdabilidade no sentido amplo; h_r² - herdabilidade no sentido restrito; M100S (g) - Massa de 100 sementes; MTSF (g) - Massa total de sementes por fruto; NSPF (cont) - Número total de sementes por fruto; CS (mm) - Comprimento, LS (mm) Largura e ES (mm) - Espessura das sementes; MS/MF (g/g) - Relação massa de sementes por massa de fruto.

4.2.5. Descritores de produção

Com relação aos descritores relacionados à produção (Tabela 12), o maior valor de herdabilidade no sentido amplo foi obtido para o número de frutos por planta (NFPP) (87,65%) seguido da produção de frutos por planta (PRFP) (76,05%), comportamento similar para herdabilidade no sentido restrito, 64,45% para NFP e 56,35% para PRFP.

No sentido restrito a maior estimativa de herdabilidade encontrada foi para massa média de frutos por planta (MMFP) (77,14%). A importância desses altos valores de herdabilidade é a possibilidade do aumento de produção de frutos por planta e, conseqüentemente, aumento de produção de sementes por área e de óleo, considerando que a quantidade de semente não reduziu com o aumento de produção, como já apresentado na Tabela 6.

Tabela 12 - Estimativa dos parâmetros genéticos para os descritores de produção na população F₂ derivada do cruzamento do acesso BGH 7319 (P1) com a cultivar Tronco verde (P2). Viçosa – MG.

Descritores	σ_f^2	σ_m^2	σ_g^2	σ_a^2	σ_d^2	h_a^2 (%)	h_r^2 (%)
MMFP	3,8412	1,5691	2,2721	2,9633	0,6911	59,15	77,14
NFPP	30,7295	3,7923	26,9372	19,8055	7,1316	87,65	64,45
PRFP	205,2041	49,1383	156,0657	115,6437	40,4219	76,05	56,35

σ_f^2 - Variância fenotípica; σ_m^2 - Variância ambiental; σ_g^2 - Variância genotípica; σ_a^2 - Variância aditiva; σ_d^2 - Variância de dominância; h_a^2 - Herdabilidade no sentido amplo; h_r^2 - herdabilidade no sentido restrito; MMFP (kg) - Massa média de frutos por planta; NFPP (cont) - Número de frutos por planta; PRFP (Kg/planta) - Produção por planta.

4.3. Análise de gerações e efeitos gênicos

4.3.1. Descritores de porte

Dentre os descritores de porte avaliados, o modelo aditivo dominante foi adequado para explicar sete descritores, CRA (93%), NEA (95%), CMEA (90%), CMED (78%), CRT (94%), NET (76%) e CMT (99%), pois foram observados valores de coeficiente de determinação (R^2) superiores a 70%. Para todos estes sete descritores tanto o efeito da média dos possíveis homozigotos (m) quanto os efeitos aditivos (a) foram significativos. Comportamento similar foi observado para os efeitos de dominância (d) que em geral foram significativos com exceção de NEA e CMED (Tabela 13).

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). No entanto a presença de dominância prejudica a seleção em gerações segregantes devido à dificuldade em diferenciar indivíduos homozigotos dominantes dos heterozigotos, essa dificuldade normalmente é contornada através da avaliação de progênies (CRUZ et al, 2001).

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

Tabela 13- Modelo aditivo-dominante de 17 descritores relativos ao porte. Viçosa – MG.

Efeitos	CRA (cm)	NEA (cont)	CMEA (cm)	DEA (mm)	CLA (cm)	LLA (cm)
m	143,98** (60,62)	14,21** (87,60)	9,11** (71,71)	10,23** (99,71)	18,17** (99,95)	25,38** (99,65)
a	104,81** (35,76)	4,57** (12,37)	5,14** (25,98)	0,49* (0,26)	0,35ns (0,05)	0,40ns (0,04)
d	-54,99** (3,61)	-0,44ns (0,02)	-2,67** (2,29)	0,28ns (0,024)	0,03ns (0,00)	0,19ns (0,00)
R ²	0,93	0,95	0,9	0,32	0,09	0,16
Efeitos	CRD (cm)	NED (cont)	CMED (cm)	DED (mm)	CLD (cm)	LLD (cm)
m	265,18** (75,28)	24,73** (92,37)	11,29** (82,30)	8,16** (99,96)	18,68** (99,71)	25,24** (99,05)
a	140,90** (21,85)	5,14** (5,19)	4,80** (17,64)	0,04ns (0,00)	0,75* (0,18)	1,71** (0,55)
d	-83,70** (2,85)	-7,60** (2,43)	-0,47ns (0,04)	0,27ns (0,03)	1,08ns (0,10)	2,90** (0,39)
R ²	0,6	0,53	0,78	0,04	0,06	0,42
Efeitos	CRT (cm)	NET (cont)	CMT (cm)	DMT (mm)	NRL (cont)	
m	421,67** (69,33)	39,34** (90,91)	10,47** (76,52)	9,24** (99,91)	6,73** (99,41)	
a	259,47** (27,62)	10,14** (7,87)	5,11** (23,01)	0,20ns (0,05)	0,32ns (0,30)	
D	-141,49** (3,04)	-8,26** (1,21)	-1,48** (0,45)	0,29ns (0,03)	0,69ns (0,27)	
R ²	0,94	0,76	0,99	0,19	0,34	

m = média de homozigotos, a = aditivo, d= dominante, ** significativo a 1% de probabilidade, * significativo a 5% de probabilidade pelo teste t, ns não significativo; CRA (cm), NEA (cont), CMEA (cm), DEA (mm), CLA (cm), LLA (cm) Comprimento da rama, Número de entrenó, Comprimento médio do entrenó, diâmetro do entrenó, comprimento e largura do limbo antes da primeira flor feminina respectivamente. CRD (cm), NED (cont), CMED (cm), DED (mm), CLD (cm), LLD (cm) Comprimento da rama, Números de entrenó, Comprimento médio do entrenó, diâmetro do entrenó, comprimento e largura do limbo depois da primeira flor feminina respectivamente. CRT (cm), NET (cont), CET (cm), DMT (mm) Comprimento da rama, Número de entrenó, Comprimento médio do entrenó, diâmetro do entrenó da rama toda respectivamente; NRL (cont) - Número de ramas laterais.

Para os demais descritores relativos ao porte o modelo aditivo-dominante não foi adequado uma vez que os efeitos epistáticos podem manifestar de forma expressiva no controle dessas características. Segundo Viana (2000) interações epistáticas tendem a aumentar o viés das estimativas dos componentes aditivos e dominantes. Portanto, deve-se analisar estas características através do modelo completo em que se considera, além dos efeitos de dominância (d) e aditivos (a), os efeitos epistáticos do tipo aditivo-aditivo (aa) aditivo-dominante (ad) e dominante-dominante (dd).

Considerando o modelo completo, para as características que não foram bem explicadas pelo modelo simples, média dos homozigotos (m) em geral foi significativa com exceção do comprimento da rama depois do florescimento (CRD). Em relação aos efeitos aditivos houve significância apenas para DEA, CRD, DED e DMT. Para aqueles descritores que os efeitos aditivos foram não significativos houve significância dos efeitos de dominância e das epistasias do tipo aditiva-aditiva e dominante-dominante demonstrando que as epistasias influenciaram na expressão dos caracteres.

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

Comparando-se as estimativas dos efeitos no comprimento médio do entrenó, observa-se que antes do florescimento, tanto no modelo aditivo-dominante quanto no modelo completo, os valores dos efeitos de dominância são negativos, logo contribuem para redução da característica. (Tabela 13 e 14).

Para o caráter CMED observou-se pelo modelo simples ausência de significância do efeito de dominância, enquanto que no modelo completo houve significância. No modelo completo a epistasia dominante-dominante foi de alta magnitude e negativa contribuindo assim para redução da característica. Essas inconsistências a respeito dos efeitos de dominância podem ser explicadas por algum viés, pois tanto para o CMED quanto para a grande maioria dos descritores, com exceção de CRA e CMEA, houve epistasia duplicada, ou seja, significância da epistasia do tipo aditiva por aditiva e dominante por dominante, simultaneamente e que de acordo com Viana (2000) essas epistasias duplicadas podem ocasionar problemas nas estimativas dos efeitos aditivos e de dominância devido à presença do viés.

Tabela 14- Modelo completo de 17 descritores relativos ao porte. Viçosa – MG.

Efeitos	CRA (R ²)	NEA (R ²)	CMEA (R ²)	DEA (R ²)	CLA (R ²)	LLA (R ²)
m	132,66** (10,94)	7,26** (15,98)	10,47** (17,07)	5,50** (19,63)	9,95** (31,83)	16,13** (50,48)
a	144,58** (78,29)	4,02** (45,23)	7,05** (69,02)	-1,03** (12,94)	0,29ns (0,30)	0,56ns (0,46)
d	-118,88ns (1,44)	15,39** (12,02)	-11,39** (3,38)	14,30** (21,65)	22,24** (23,73)	24,01** (17,04)
aa	53,34ns (2,12)	6,76** (15,54)	0,71ns (0,08)	4,01** (11,04)	7,66** (20,83)	8,51** (16,23)
ad	-78,16ns (6,45)	2,07ns (1,85)	-4,62** (4,69)	2,57** (7,53)	1,36ns (0,76)	0,63ns (0,09)
dd	110,28* (2,95)	-8,74** (9,35)	9,69** (5,74)	-10,24** (27,18)	-15,07** (22,53)	-16,00** (15,69)
Efeitos	CRD (R ²)	NED (R ²)	CMED (R ²)	DED (R ²)	CLD (R ²)	LLD (R ²)
m	-56,58ns (0,63)	9,16** (10,94)	6,35** (12,30)	5,79** (33,33)	9,36** (18,78)	19,30** (68,48)
a	83,30** (16,15)	1,38ns (1,48)	3,45** (44,28)	-0,54** (5,69)	0,10ns (0,02)	1,01ns (1,50)
d	859,58** (21,03)	32,57** (19,18)	16,30** (12,71)	8,37** (12,05)	28,12** (24,26)	16,73** (7,49)
aa	262,51** (14,82)	13,27** (27,57)	3,20* (3,41)	1,87** (3,66)	7,71** (14,08)	4,24* (3,78)
ad	283,56** (19,20)	12,55** (18,44)	3,91** (6,67)	3,72** (27,53)	6,29** (9,80)	4,74* (4,41)
dd	-651,15** (28,16)	-24,43** (22,36)	-13,74** (20,61)	-6,31** (17,72)	-21,91** (33,03)	-15,44** (14,33)
Efeitos	CRT (R ²)	NET (R ²)	CMT (R ²)	DMT (R ²)	NRL (R ²)	
m	76,08ns (0,50)	16,43** (14,21)	7,77** (19,12)	5,64** (25,37)	2,66** (11,23)	
a	227,88** (66,39)	5,41** (10,13)	4,93** (74,98)	-0,78** (10,10)	-0,41ns (3,42)	
d	740,70** (7,74)	47,96** (18,53)	5,25ns (1,38)	11,34** (17,60)	11,63** (31,66)	
aa	315,85** (9,35)	20,03** (24,91)	2,52* (2,24)	2,94** (7,24)	3,87** (25,81)	
ad	205,39** (5,84)	14,62** (11,93)	0,93ns (0,36)	3,14** (15,93)	0,89ns (1,67)	
dd	-540,87** (10,16)	-33,18** (20,26)	-4,16 (1,90)	-8,28** (23,74)	-7,29** (26,18)	

m = efeitos das médias de todos os possíveis homozigotos, a = aditivos, d = dominantes, aa = efeitos epis táticos do tipo aditivo x aditivo, ad = aditivo x dominante dd = dominante x dominante; CRA (cm), NEA (cont), CMEA (cm), DEA (mm), CLA (cm), LLA (cm) Comprimento da rama, Número de entrenó, Comprimento médio do entrenó, diâmetro do entrenó, comprimento e largura do limbo antes da primeira flor feminina respectivamente. CRD (cm), NED (cont), CMED (cm), DED (mm), CLD (cm), LLD (cm) Comprimento da rama, Números de entrenó, Comprimento médio do entrenó, diâmetro do entrenó, comprimento e largura do limbo depois da primeira flor feminina respectivamente. CRT (cm), NET (cont), CMET (cm), DMT (mm) Comprimento da rama, Número de entrenó, Comprimento médio do entrenó, diâmetro do entrenó da rama toda respectivamente; NRL (cont) - Número de ramos laterais.

4.3.2. Descritores de florescimento

Quanto aos descritores de florescimento constatou-se que nos descritores GADM e GADF houve significância da média dos efeitos aditivos e dominância foram significativos (Tabela 15). Desvios de dominância significativos indica a possibilidade de heterose para esses descritores; Gwuanama, (2001) que obteve heterose significativa para dias para a abertura da flor feminina que está diretamente relacionado aos graus dias para a antese.

Tabela 15- Modelos aditivo- dominante e completo para quatro descritores relativos ao florescimento. Viçosa - MG.

Modelo aditivo dominante				
Efeitos	CPM (R ²)	CPF (R ²)	GADM	GADF
m	19,75** (97,46)	7,15** (95,93)	474,40** (92,04)	490,03** (95,05)
a	2,36** (1,69)	1,21** (3,61)	113,23** (7,12)	91** (4,51)
d	3,66* (0,84)	0,95ns (0,45)	94,82** (0,85)	60,97** (0,43)
R ²	0,37	0,52	0,99	0,92
Modelo completo				
Efeitos	CPM (R ²)	CPF (R ²)	GADM (R ²)	GADF (R ²)
m	-3,06ns (0,47)	5,59** (27,90)	489,10** (43,98)	413,43** (59,99)
a	-3,98** (10,58)	3,18** (27,58)	101,77** (53,78)	95,88** (36,35)
d	66,90** (30,64)	6,37ns (4,63)	-120,01* (0,47)	48,54ns (0,13)
aa	22,11** (26,83)	2,66* (9,39)	-19,89ns (0,07)	94,57** (3,44)
ad	11,18** (7,32)	-6,96** (25,17)	57,46** (1,65)	11,94ns (0,07)
dd	-42,48** (24,13)	-4,70ns (5,31)	14,46ns (0,01)	0,06ns (0,00)

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; GDAM- Graus dias acumulados para a abertura da flor masculina; GDAF - Graus dias acumulados para abertura da primeira flor feminina; CPM (cm) - Comprimento do pedicelo masculino; CPF (cm) - Comprimento do pedicelo feminino.

4.3.3. Descritores de frutos

Dos 11 descritores de frutos avaliados, sete (EMP, DTCl, CF, DMF, FMS, Cta e Lut) foram explicados pelo modelo aditivo dominante. Em geral os efeitos aditivos e de dominância foram significativos com exceção de Cta e Lut que os efeitos de dominância não foram significativos, demonstrando mais uma vez importância da dominância nos descritores de frutos de abóbora (Tabela 16).

Para aqueles descritores que não puderam ser explicados pelo modelo aditivo dominante (EMC, DLCl, SST, PMS) o m foi significativo para todos com exceção de EMC. Os efeitos aditivos também foram em geral significativos com exceção de PMS, os efeitos de dominância foram significativos para todos eles com exceção de SST e PMS.

Tabela 16- Modelos aditivo-dominante e completo para 11 descritores relativos aos frutos. Viçosa - MG.

Modelo aditivo dominante						
Efeitos	EMC	EMP	DLCI	DTCI	CF	DMF
m	2,86** (95,85)	5,28** (81,37)	13,48** (98,25)	9,42** (94,51)	31,85** (90,02)	15,03** (92,24)
a	0,23** (0,73)	-2,07** (12,88)	1,21** (0,83)	1,86** (4,87)	-9,56** (7,86)	3,73** (7,27)
d	0,99** (3,40)	-1,98** (5,73)	2,71** (0,90)	1,44** (0,60)	-7,14** (2,11)	2,08** (0,47)
R ²	0,57	0,98	0,2712	0,79	0,87	0,86
Efeitos	FMS	SST	Cta	Lut	PMS	
m	24,87** (96,60)	14,03** (99,82)	47,01** (98,80)	4,53** (97,60)	8,29** (99,87)	
a	4,27** (3,11)	-0,35ns (0,08)	3,62** (1,08)	0,57** (2,27)	0,29ns (0,11)	
d	-2,46** (0,28)	0,76ns (0,09)	3,03ns (0,11)	-0,29ns (0,11)	-0,12ns (0,00)	
R ²	0,73	0,57	0,83	0,83	0	
Modelo completo						
Efeitos	EMC (R ²)	EMP (R ²)	DLCI (R ²)	DTCI (R ²)	CF (R ²)	DMF (R ²)
m	0,64ns (2,60)	3,61** (9,48)	24,54** (44,28)	3,25** (5,37)	41,91** (45,71)	3,44* (1,90)
a	-0,54** (15,83)	-2,02** (84,12)	2,09** (15,05)	2,89** (47,51)	-7,32** (31,52)	4,63** (46,03)
d	5,38** (25,7)	2,65ns (0,82)	-24,4** (6,81)	13,68** (13,04)	-33,25** (4,61)	27,29** (17,46)
aa	2,66** (50,48)	1,53ns (1,76)	-11,17** (9,37)	7,23** (29,12)	-10,83** (3,19)	12,53** (27,2)
ad	-0,24ns (0,4)	-0,8ns (0,88)	-11,33** (17,73)	-2,02* (2,35)	-16,15** (11,82)	-1,22ns (0,32)
dd	-1,61* (4,95)	-3,08* (2,91)	-15,84** (6,73)	-4,31* (2,58)	17,00** (3,11)	-12** (7,06)
Efeitos	FMS (R ²)	SST (R ²)	Cta (R ²)	Lut (R ²)	PMS (R ²)	
m	7,25** (4,55)	14,19** (86,05)	50,33** (66,69)	3,79** (70,26)	7,83** (86,34)	
a	3,91** (30,93)	-1,08** (7,50)	6,02** (24,26)	0,68** (23,46)	0,21ns (2,98)	
d	35,94** (18,26)	2,36 ns (0,4182)	-9,83ns (0,54)	0,65ns (0,34)	3,84ns (2,54)	
aa	18,33** (30,43)	-0,88ns (0,35)	-1,67ns (0,07)	1,00ns (5,42)	-0,24ns (0,08)	
ad	4,1* (2,69)	2,58 * (5,24)	-7,59ns (6,02)	-0,26ns (0,47)	-0,96ns (1,44)	
dd	-19,47** (13,11)	-2,37ns (1,07)	12,3ns (2,39)	0,14ns (0,03)	-4,09ns (6,59)	

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; EMC (mm)- Espessura média da casca; EMP (cm) espessura média da polpa; DLCI (cm) e DTCI (cm)- Diâmetro longitudinal e transversal da cavidade interna respectivamente; CF (cm) Comprimento do fruto; DM-Diâmetro maior (cm); FMS (Lb)- Firmeza; PMS (%) Porcentagem de massa seca; SST (⁰BRIX)- Sólidos solúveis totais; Cta (µg/g) Carotenoides totais e Lut (µg/g)- luteína.

4.3.4. Descritores de sementes

Para os descritores de sementes, o modelo aditivo- dominante foi adequado, com exceção de MTSF/MF e CS cujos coeficientes de determinação foram baixos, devido a influência de efeitos epistáticos de alta magnitude.

Para todos os descritores, em que modelo simples foi adequado, os efeitos aditivos e dominantes foram significativos, com exceção de CS em que os efeitos de dominância não foram significativos. Devido à alta importância dos efeitos de dominância para estes descritores, o desenvolvimento de híbrido seria interessante para explorar os efeitos de heterose (Tabela 17).

Para MS/MF o modelo simples foi inadequado, portanto deve ser estudada pelo modelo completo que apresentou significância apenas para os efeitos epistáticos do tipo aditiva-aditiva e para o efeito da média dos homozigotos.

Tabela 17- Modelo aditivo-dominante e completo de sete descritores relativos às sementes. Viçosa - MG.

Modelo aditivo dominante				
Efeitos	MTSF	NTSF	M100S	MTSF/MF
m	38,11** (85,76)	359,44** (95,29)	11,37** (97,19)	1,62** (99,74)
a	10,5** (6,95)	59,67** (3,64)	1,36** (1,93)	0,00ns (0,00)
d	19,05** (7,27)	72,93* (1,06)	2,01** (0,86)	0,13ns (0,25)
R ²	0,91	0,8	0,9	0,17
Efeitos	CMS	LMS	EMS	
m	15,57** (98,90)	8,61** (99,90)	2,29** (98,06)	
a	1,40** (1,08)	0,17* (0,06)	0,23** (1,27)	
d	0,12ns (0,00)	0,32ns (0,03)	0,31** (0,66)	
R ²	0,91	0,1	0,84	
Modelo completo				
Efeitos	MTSF (R2)	NTSF (R2)	M100S (R2)	MTSF/MF (R2)
m	22,97** (15,53)	202,31** (16,10)	12,88** (81,45)	2,66** (76,54)
a	12,23** (42,42)	95,74** (42,31)	1,66** (15,37)	-0,08ns (2,15)
d	61,68** (18,13)	453,13** (12,66)	-0,23ns (0,00)	-1,12ns (2,02)
aa	15,95ns (8,35)	167,14** (12,01)	-1,64ns (1,46)	-1,3** (18,86)
ad	-9,93ns (3,96)	-129,28* (9,44)	-1,44ns (1,69)	-0,15ns (0,41)
dd	-31,73* (11,59)	-239,28* (7,45)	-0,14ns (0,00)	0,01ns (0,00)
Efeitos	CMS (R2)	LMS (R2)	EMS (R2)	
m	15,57** (91,75)	9,75** (88,22)	2,05** (87,28)	
a	1,57** (7,39)	0,50** (2,14)	0,13* (4,90)	
d	1,04ns (0,06)	-2,43** (0,83)	0,58ns (1,07)	
aa	-0,38ns (0,06)	-0,90** (0,85)	0,17ns (0,65)	
ad	-0,89ns (0,34)	-2,51** (7,24)	0,46** (6,04)	
dd	-1,73ns (0,37)	1,54* (0,69)	-0,07ns (0,04)	

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; M100S (g) - Massa de 100 sementes; MTSF (g) - Massa total de sementes por fruto; NSPF (cont) - Número total de sementes por fruto; CS (mm) – Comprimento, LS (mm) Largura, ES (mm) – Espessura da semente; MS/MF (g/g) - Relação massa de sementes por massa de fruto.

4.3.5. Descritores de produção

Dentre os descritores de produção apenas a massa média de frutos por planta (MMFP) pode ser explicado pelo modelo simples, sendo que todos os efeitos foram significativos para esse descritor. Para aqueles descritores que não podem ser explicados pelo modelo simples todos os efeitos epistáticos e de dominância foram significativos, e os efeitos aditivos foram não significativos, demonstrando mais uma vez que os descritores de produção possuem efeitos pronunciados de dominância (Tabela 18).

Tabela 18- Modelos aditivo-dominante e completo para os três descritores relativos à produção. Viçosa - MG.

Modelo aditivo dominante			
Efeitos	MMFP	NFPP	PRFP
m	2,68** (87,87)	6,3** (95,45)	11,33** (85,05)
a	0,83** (9,32)	1,36** (4,5)	3,19** (7,49)
d	0,72* (1,79)	0,23ns (0,04)	6,77** (7,45)
R ²	0,76	0,18	0,35
Modelo completo			
Efeitos	MMFP (R ²)	NFPP (R ²)	PRFP (R ²)
m	0,27ns (0,17)	-2,9* (2,28)	-16,92** (6,17)
a	1,26** (50,14)	0,35ns (0,56)	1,74ns (2,43)
d	6,06** (13,44)	35,85** (20,10)	89,03** (26,48)
aa	2,78** (19,58)	10,28** (10,66)	27,29** (16,5)
ad	-1,69** (9,86)	14,64** (40,51)	24,23** (22,83)
dd	-2,85* (6,78)	-25,56** (25,85)	-57,16** (25,57)

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; MMFP (kg) - Massa média de frutos por planta; NFPP (cont) - Número de frutos por planta; PRDP (Kg/planta)- Produção por planta.

4.4. Controle genético do comprimento do entrenó via máxima verossimilhança

Os resultados dos testes de herança pelo uso da máxima verossimilhança são apresentados na Tabela 19. Este teste foi realizado para comprimento do entrenó antes (CMEA) e após (CMED) o do florescimento quanto para o comprimento do entrenó após para verificar o efeito do florescimento na característica.

Para ambas as variáveis deve-se confrontar primeiramente tanto o modelo 1 com 5 (1x5) quanto o modelo 1 com 7 (1x7), pois o primeiro contraste testa a existência de gene de efeito maior e o segundo testa a existência de poligenes, após essas comparações são testados os outros modelos dependendo do resultado destes, esses modelos são mostrados na tabela 2.

4.4.1. Comprimento médio do entrenó antes do florescimento (CMEA)

Para CMEA (tabela 19a) o modelo 1 com 5 (1x5) quando confrontados determina a existência ou não do gene de efeito maior, pois compara-se o modelo com gene de efeito maior mais poligenes (1) contra a existência de apenas poligenes (5), ao rejeitar a hipótese evidencia a existência de um gene de efeito maior, uma vez que o modelo completo explica de forma mais adequada a característica.

Ainda para CMEA, ao confrontar o modelo 1 com 7 (1x7) que confronta a existência de um gene de efeito maior mais poligenes (1), contra apenas um gene de efeito maior (7), também rejeita-se a H_0 logo também existe evidências de poligenes no controle da característica.

Para verificar a existência de efeitos de dominância do gene de efeito maior testa-se o modelo 1 com 3 (1x3) e ao rejeitá-la demonstra-se a existência efeitos de dominância do gene de efeito maior.

Para testar os efeitos de dominância dos poligenes testa-se o modelo 1 com o 2 (1x2), uma vez que este também foi rejeitado, os efeitos de dominância dos poligenes também exercem influência na característica, o último passo é testar os efeitos ambientais, para isso contrasta-se o modelo 1 com 9, como houve significância constata-se efeitos ambientais na característica.

Logo o modelo mais adequado para explicar o comprimento do entrenó antes do florescimento é o modelo 1 (gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância e poligenes de efeito aditivo e de dominância) com efeitos ambientais.

4.4.2. Comprimento médio do entrenó depois do florescimento (CMED)

O mesmo estudo foi realizado para comprimento do entrenó depois do florescimento (CMED) (tabela 19b), no entanto ao confrontar o modelo 1 com 5 (1x5) não houve significância a 5% de probabilidade mostrando ausência do gene de efeito maior.

Ao confrontar 1 com 7 (1x7) houve significância, conseqüentemente existe efeito de poligenes. A próxima etapa é testar a existência de efeitos de dominância dos poligenes, como já foi excluído a existência de gene de efeito maior deve-se confrontar o modelo 5 com 6 (5x6) e não o modelo 1 com 2 (1x2) como anteriormente, pois a existência do gene de efeito maior foi descartada.

Confrontando 5 com 6 (5x6), ou seja, poligenes com efeitos aditivos e dominância com poligenes de efeitos aditivos, não houve significância, conseqüentemente não existe efeito de dominância dos poligenes. Assim o modelo simples é o mais adequado e novamente testa-se o efeito ambiental, ou seja, 6 com 9 (6x9), como foi significativo o efeito ambiental também atua nessa característica, concluindo assim que o comprimento médio do entrenó depois do florescimento é controlado por poligenes de efeitos aditivos influenciados por efeitos ambientais.

Tabela 19- Testes de hipóteses de modelos genéticos para herança do comprimento médio do entrenó antes (CMEA) e após o florescimento (CMED) avaliados nas gerações P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2 derivadas do cruzamento de BGH-7319 (P1) e Tronco Verde (P2) por meio da função de máxima verossimilhança. Viçosa - MG.

CMEA (a)				CMED (b)			
Modelos	Gl	χ^2	P	Modelos	gl	χ^2	P
1x2	3	29,7301*	0,00000179	1x2	3	4,0426	0,256897983
1x3	1	17,4045*	0,000030131	1x3	1	0,8884	0,345886140
1x4	4	97,6792	0,000000538	1x4	4	4,3176	0,364721211
1x5	2	17,4045*	0,000166334	1x5	2	1,014ns	0,602274651
1x6	5	97,6792	0,000000400	1x6	5	1,0597	0,957603564
1x7	5	80,124*	0,000000387	1x7	5	12,9788*	0,023577726
1x8	6	139,1305	0,000000646	1x8	6	17,4705	0,007701124
1x9	7	279,507*	0,000000806	1x9	7	106,2393	0,000000624
2x4	1	67,9491	0,000000092	2x4	1	0,275	0,599986480
2x6	2	67,9491	0,000000333	2x6	2	< 0	-
2x7	2	50,3939	0,000000390	2x7	2	8,9362	0,011468981
2x8	3	109,4004	0,000000654	2x8	3	13,4279	0,003797024
2x9	4	249,7769	0,000000989	2x9	4	102,1967	0,000000552
3x5	1	< 0	-	3x5	1	0,1255	0,72347703
3x6	4	80,2746	0,000000297	3x6	4	0,1712	0,996536359
3x8	5	121,726	0,000000412	3x8	5	16,552	0,005364719
3x9	6	262,1024	0,000000806	3x9	6	105,3508	0,000000591
4x6	1	< 0	-	4x6	1	< 0	-
4x8	2	41,5413	0,000000181	4x8	2	13,1528	0,001392880
4x9	3	181,8277	0,000000859	4x9	3	101,9217	0,000000361
5x6	3	80,2747	0,000000407	5x6	3	0,0456ns	0,997439366
5x9	5	262,1025	0,000000976	5x9	5	105,2252	0,000000421
6x9	2	181,8277	0,000000658	6x9	2	105,1796*	0,000000519
7x8	1	59,0065	0,000000214	7x8	1	4,4916	0,034060057
7x9	2	199,3829	0,000000644	7x9	2	93,2604	0,000000509
8x9	1	29,7301	0,000000113	8x9	1	4,0426	0,044364603

gl-Graus de liberdade, χ^2 - Qui-quadrado, p-Probabilidade, * significativo a 5% de probabilidade, ns-não significativo, CMEA e CMED- Comprimento do entrenó antes e depois do florescimento respectivamente; < 0 - valores negativos, talvez devido a problemas de convergência.

Estes resultados corroboram com os obtidos com a abordagem clássica, em que foi verificado efeito de dominância antes e ausência após o florescimento. Essas constatações são de extrema importância para definir as estratégias de seleção a serem adotadas com finalidade de redução do comprimento do entrenó, sendo governada de forma diferente deve-se proceder a estratégias diferenciadas de seleção.

Além disso, concorda em partes com outros trabalhos que mostraram que o controle genético redução do entrenó é considerado monogênico e que possui dominância completa (WU et al., 2007). A diferença com o presente trabalho é que essa dominância ocorreu apenas antes do florescimento, no entanto realmente existe um gene de efeito maior com dominância.

Os resultados obtidos diferem de outros relatados, em que o gene atua como recessivo após o florescimento, ou seja, que ocorre reversão, (Paris e Edelstein, 2001). No presente trabalho não houve reversão e sim apenas poligenes com efeitos aditivos.

Diante do exposto a estratégia a ser adotada é a avaliação do comprimento do entrenó tanto antes quanto depois do florescimento, selecionando as plantas de menor valor antes do florescimento. Nesta seleção deve-se considerar a possibilidade de as plantas serem tanto heterozigotas quanto homozigotas para o gene de efeito maior, devendo-se autofecundar essas plantas selecionadas para selecionar na próxima geração aquelas que não segregarem, e, portanto, homozigotas para o gene de efeito maior.

Dentre aquelas que apresentam menor comprimento antes do florescimento selecionam-se as de menor comprimento após o florescimento, uma vez que estas irão apresentar maior dosagem alélica para redução da característica e conseqüentemente maior ganho será obtido.

5. CONCLUSÃO

O comprimento do entrenó antes da primeira flor feminina é controlado por gene de efeito maior com efeitos aditivos e de dominância mais poligenes com efeitos aditivos e de dominância e efeito ambiental. O comprimento do entrenó após a primeira flor feminina é controlado por poligenes de efeito aditivo mais efeitos ambientais.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGRIANUAL. **Anuário da agricultura brasileira**. São Paulo, FNP - Consultoria e Agroinformativo, 2015.
- AOAC. Methods of analysis of the association of official analytical chemistis method 920.39 C. In: **Association of official analytical chemistis**; AOAC: Arlington-VA, 1995.
- Berenji, J. ; PAPP, D. Interrelations among fruit and seed characteristics of oil pumpkin. In: **VII Eucarpia Meeting on Cucurbit genetic and Breeding 510, Anais**, p.101-104, 2000.
- BESPALHOK C.F. Uso e conservação do germoplasma. In: BESPALHOK, J.C.F; GUERRA, E.P; OLIVEIRA, R. **Melhoramento de plantas**, 2007. Disponível em: www.bespa.agrarias.ufpr.br/conteúdo. Acesso em 11/02/2016.
- BEZERRA NETO, F.V.; LEAL, N.R.; COSTA, F.R.; GONÇALVES, G.M.; AMARAL JUNIOR, A.T.; VASCONSELLOS, H.O., MELLO, M. Análise biométrica de linhagens de abóbora. **Horticultura Brasileira**. v.24, p.378-380, 2006.
- BEZERRA JUNIOR, J.E.; MALUF, W.R.; FIGUEIRA, A.R.; BARGUIL, B.M. Herança da resistência ao Watermelon mosaic vírus em Melancia (*Citrullus latanatus* L.). **Fitopatologia Brasileira**. v.31, p.302-304, 2006.
- BLANK, A.F; SILVA, T.B; MATOS, M.L; CARVALHO FILHO, J.L.S; SILVA-MANN, R. Parâmetros genotípicos, fenotípicos e ambientais para caracteres morfológicos e agrônômicos em abóbora. **Horticultura Brasileira** v.31, p.106-111, 2013.
- BOREM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. 6a ed. Viçosa: UFV, 523 p. 2013.
- BUBECK, D.; FEHR, W.; HAMMOND, E. Inheritance of palmitic and stearic acid mutants of soybean. **Crop Science**, v.29, p.652-656, 1989.
- BUENO, L.C.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA, 282 p, 2001.
- CAILI, F.; HUAN, S.; QUANHONG, L. A review on pharmacological activities and utilization technologies of pumpkin. **Plant Foods for Human Nutrition**, v.61, p.73–80, 2006.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed.rev. Viçosa: UFV, 390 p, 2001.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013
- CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa, UFV, 394p, 2005.

COSTA NETO, P.R.; ROSSI, L.F.S.; ZAGONEL, G.F.; RAMOS, L.P. Produção de biocombustível alternativo ao óleo diesel através da transesterificação de óleo de soja usado em frituras. **Química**, v.23, p.531-537, 2000.

DEL-VECHIO, G. **Efeito do processamento em sementes de abóbora (Cucurbita sp.) sobre os níveis de nutrientes e antinutrientes**. 80p. Dissertação (Mestrado em Agroquímica e Agrobioquímica). Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.

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

EDELSTEIN, M; PARIS, H.S.; NERSON, H. Dominance of bush growth habit in spaghetti squash (*Cucurbita pepo*). **Euphytica**, v.43, p.253–257, 1989.

EL-ADAWY, T.; TAHA, K.M. Characteristics and composition of watermelon, pumpkin and paprika seed oils and flours. **Journal of Agricultural Food Chemistry**. v.49, p.1253-59, 2001.

FERREIRA, M. A. J. F. Abóboras e Morangas da Américas para o Mundo. In BARBIERI, R. L. e STUMPF, E. R. T. (Eds). *Origem e evolução de plantas cultivadas* ed. Brasília. Embrapa Informação Tecnológica, p.50-88, 2008.

FERREIRA, M.G; SALVADOR, F.V; LIMA, M.N.R.; AZEVEDO, A.M.; LIMA NETO, I.S.; SOBREIRA, F.M.; SILVA, D.J.H. Parâmetros genéticos, dissimilaridade e desempenho per se em acessos de abóbora. **Horticultura Brasileira** v.34, p.537-546, 2016.

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

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

FU, C; SHI, H; LI, Q. A review on pharmacological activities and utilization technologies of pumpkin. *Plant Foods for human nutrition (formerly qualitas plantarum)*. **Springer Netherlands**, v.61, p.73-80, 2006.

GONZÁLEZ, E., MONTENEGRO, M.A., e NAZARENO, M.A. Carotenoid composition and vitamin A value of an Argentinian squash (*Cucurbita moschata*). **Archivos Latinoamericanos de Nutrición**, v.51, p.395–399, 2001.

GOSEL-WILLIAMS, M.; DAVIS, A.; O CONNOR, N. Inhibition of testosterone-induced hyperplasia of the prostate of sprague-dawley rats by pumpkin seed oil. **Journal of Medicinal Food**, v.9, p.284-286, 2006.

GWANAMA, C.; BOTHA, A.M.; LABUSCHAGNE, M.T. Genetic effects and heterosis of flowering and fruit characteristics of tropical pumpkin. **Plant Breeding**, v.120, p.271-272, 2001.

HUANG, X.E.; HIROSE, K.; WAKAI, K.; MATSUO, K.; ITO, H.; XIANG, J.; TAKEZAKI, T.; TAJIMA, K. Comparison of lifestyle risk factors by family history for gastric, breast, lung and colorectal cancer. **Asian Pac. J. Cancer Pre.** v.5, p.419-427, 2004.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). 2012. Produção Agrícola Municipal. Disponível em <<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/protabl.asp?c=824ez=teo=1ei=P.>> Acesso em 24 fev. 2016.

ITILE, R.A.; KABELKA, E.A. Correlation between L* a* b* color space values and carotenoid content in pumpkins and squash (*Cucurbita* spp.). **HortScience**, v.44, p.633-637, 2009.

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

LAZOS, E.S. Certain functional properties of defatted pumpkin seed flour. **Plant Food for Human Nutrition (Formerly Qualitas Plantarum)**, v.42, p.257-273, 1992.

LAZOS, E.S. Changes in pumpkin seed oil during heating. **Grasas y Aceites.** v.46, p. 233-39, 1995.

LIRA-SAADE, R. L. Estudios taxonómicos y ecogeográficos de las cucurbitaceae latinoamericanas de importancia económica. Rome: IPGRI, 281p. (**IPGRI. Systematic and Ecogeographic Studies on Crop Genepools, 9**), 1995.

LOPEZ-JUEZ, E.; KOBAYASHI, M., SAKURAI, A., KAMIYA, Y., KENDRICK, R.E. Phytochrome, Gibberellins, and Hypocotyl Growth: A Study Using the Cucumber (*Cucumis sativus* L.) long hypocotyl Mutant. **Plant Physiol**, v.107, p. 131-140, 1995.

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

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.

MARTINS, L. H. P., NODA, H., LOPES, M. T. G., MENDONÇA, M. S. P., e MARTINS, A. L. U. Genetic Variability of Pumpkin Landraces in Brazilian Amazon. **Agricultural Sciences**, v.7, p.822, 2016.

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

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

MELO, D.R.M., **Métodos de inoculação, reação de acessos e herança da resistência do meloeiro a *Rhizoctonia solani***. 101p. Tese de Doutorado. Universidade Federal Rural do Semi- Árido. Mossoró-RN. 2014.

MOURA, M.C.C.L. **Identificação de fontes de resistência ao potyvirus ZYMV e diversidade genética e ecogeográfica em acessos de abóbora**. 86p. Tese de doutorado. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG. 2003.

MURKOVIC, M et al. Variability of fatty acids content in pumpkin seeds (*Cucurbita pepo* L.). **Zeitschrift fur Lebensmittel-Untersuchung und -Forschung**. v.203, p.216-219, 1996.

NETO, I.S.L. **Pré-melhoramento de abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) visando biofortificação em carotenoides**. 96p. Tese de doutorado. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa-MG. 2013.

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.

PARIS, H.S.; BROWN, R.N. The genes of pumpkin and squash. **HortScience**, v.40, p.1620-1630, 2005.

PEREIRA, A.M.; SILVA, G.D.; ALMEIDA, R.R.P.; SILVA, A.B.; QUEIROGA, R.C.F. Frutificação de abóbora Tetsukabuto sobe aplicação de doses de 2,4-D na época seca em Pombal-PB. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v.7, p.3843, 2012.

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

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: Simpósio Latino Americano de Ciência de Alimentos, 6, 2005, Campinas. **Anais**. 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, 2000.

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

RIBEIRO, K. O. **Caracterização de Germoplasma de soja quanto aos teores de proteína, óleo e ácidos graxos**. 151p. Tese de doutorado. Universidade Federal de Goiás. Goiânia, GO, 2011.

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

RODRIGUEZ-AMAYA, D.B. Enhancing the carotenoid levels of foods through agriculture and food technology. **Internet Paper for Food, Nutrition and Health. Food Africa**, Internet Forum 31, 2003.

RODRIGUEZ-AMAYA, D.B.; KIMURA, M.; e AMAYA-FARFAN. J. Fontes Brasileiras de Carotenóides. Tabela Brasileira de Composição de Carotenoides em Alimentos. **Ministerio de Meio Ambiente**, p.58-59, 2008.

ROMANO, C.M.; STUMPF, E.R.T.; BARBIERI, R.L.; BEVILAQUA, G.A.P.; RODRIGUES, W.F. Polinização manual em abóboras. Embrapa Clima Temperado. **Documentos**, 225. Pelotas, RS, p.26, 2008.

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.

SALES, V.H.G.; PELUZIO, J.M.; AFFÉRI, F.S.; OLIVEIRA JÚNIOR, W.P.; SALES, P.V.G. Teor de óleo e proteína em grãos de soja em diferentes posições da planta. **Revista Agro@mbiente On-line**, v.10, p.22-29, 2016.

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

SILVA, D.J.H.; MOURA, M.C.C.L.; CASALI, V.W.D. Recursos genéticos do banco de germoplasma de hortaliças da UFV: histórico e expedições de coleta. **Horticultura Brasileira**, v.19, p.108-114, 2001.

SILVA, W.P. **Estimadores de máxima verossimilhança em misturas de densidades normais: uma aplicação em genética**. Dissertação (Mestrado em Estatística e experimentação Agropecuária) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 60p, 2003.

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

SOUZA, A.P.; SILVA, A.C.; MALLMANN, F.F.; DEMARTINI, W.F.B.; TANAKA, A.A.; SOUZA, M.E. Estimates of Leaf Area of *Curcubita moschata* Duch. Based on Linear Measures and Degree-days in Planting of Winter in the Central-Western Region of Brazil, **American Journal of Experimental Agriculture**, v.5, p.562-572, 2015.

Soy Stats; **American Soybean Association**: St. Louis, MO, 2005.

STEVENSON, D.G.; ELLER, F.J.; WANG, L.; JANE, J.L.; WANG, T.; INGLETT, G. Oil and tocopherol content and composition of pumpkin seed oil in 12 cultivars. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v.55, p.4005–4013, 2007.

VELLO, N.A.; SILVA, L.A.S. Genética busca atender ao consumo humano crescente. **Visão Agrícola**, v.3, p.60- 62, 2006.

VIANA, J.M.S. Generation mean analysis in relation to polygenic systems with epistasis and fixed genes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, p.1159-1167, 2000.

VIANA, J.M.S.; CRUZ, C.D.; BARROS, E.G. **Genética**. v.1 – Fundamentos. Editora UFV, 2 ed., Viçosa, 330p, 2003.

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

ZHANG, G., REN, Y., SUN, H., GUO, S., ZHANG, F., ZHANG, J., e LI, H. A high-density genetic map for anchoring genome sequences and identifying QTLs associated with dwarf vine in pumpkin (*Cucurbita maxima* Duch.). **BMC genomics**, 16, 1101, 2015.