

FRANCISCO DAVI DA SILVA

**IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA AO OÍDIO (*Podosphaera xanthii*)
EM ABÓBORA (*Cucurbita moschata* D.)**

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

Orientador: Carlos Nick Gomes

**VIÇOSA – MINAS GERAIS
2022**

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

T

S586i
2022
Silva, Francisco Davi da, 1994-
Identificação de fontes de resistência ao oídio (*Podosphaera xanthii*) em abóbora (*Cucurbita moschata* D.) /
Francisco Davi da Silva. – Viçosa, MG, 2022.
1 tese eletrônica (74 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Carlos Nick Gomes.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Agronomia, 2022.

Inclui bibliografia.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2022.592>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Abóbora - Melhoramento genético. 2. Abóbora -
Resistência à doenças e pragas - Aspectos genéticos. I. Gomes,
Carlos Nick, 1979-. II. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em
Fitotecnia. III. Título.

CDD 22. ed. 631.52

Bibliotecário(a) responsável: Euzébio Luiz Pinto CRB-6/3317

FRANCISCO DAVI DA SILVA

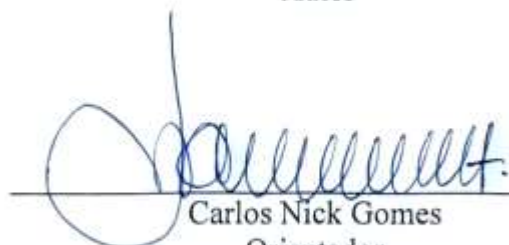
**IDENTIFICAÇÃO DE FONTES DE RESISTÊNCIA AO OÍDIO (*Podosphaera xanthii*)
EM ABÓBORA (*Cucurbita moschata* D.)**

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

APROVADA: 31 de agosto de 2022.

Assentimento:


Francisco Davi da Silva
Autor


Carlos Nick Gomes
Orientador

À minha família e ao sonho de uma vida melhor, dedico.

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia por possibilitar a realização do curso de doutorado.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro, através da concessão da bolsa de doutorado.

Ao meu orientador, Carlos Nick, por todo o apoio, ajuda, orientação e tempo dispensado para a realização desse trabalho. Além disso, agradeço pela oportunidade que me ofereceu ao me receber nessa Universidade.

Aos Professores do Programa pela inspiração e pela contribuição com a minha formação acadêmica.

Aos trabalhadores da Horta Velha: Wilson, Sérgio, Felicin, Miltin, Cocó e Ademir, pelo forte apoio na condução dos experimentos.

Ao Fernando Antonio Souza de Aragão, que desde minha graduação me acompanha e me ajuda nessa longa caminhada profissional e acadêmica.

Ao Valter Rodrigues Oliveira, que possibilitou a obtenção das cultivares diferenciadoras das raças fisiológicas de oídio.

À minha grande amiga, Elaine Facco Celin, pela torcida, motivação e parceria.

A todos amigos que criei, Filipe Manoel, Lenin Barros, Igor Pontelo e Felipe Marinheiro pelo apoio frequente e companheirismo nas várias horas de estudo, em especial Filipe e Lenin, pelo apoio na pesquisa.

À Patrícia Moreira Valente, minha amada e companheira em absolutamente tudo.

Enfim, agradeço a todos aqueles que contribuíram e estiveram presentes de alguma forma, que não foram citados.

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

RESUMO

DA SILVA, Francisco Davi, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2022. **Identificação de fontes de resistência ao oídio (*Podosphaera xanthii*) em abóbora (*Cucurbita moschata* D.)**. Orientador: Carlos Nick Gomes.

A aboboreira (*Cucurbita moschata* D.) é uma hortaliça-fruto produzida e consumida em todo o Brasil, e desempenha um importante papel social e econômico, já que é cultivada principalmente por pequenos e médios produtores rurais. O oídio é uma importante doença causada pelo patógeno *Podosphaera xanthii*, e atinge um grande número de cucurbitáceas, sendo a abóbora, uma das mais afetadas. O oídio pode comprometer a produção, além de reduzir a qualidade dos frutos. Entre as possíveis formas de controle, o uso de cultivares geneticamente resistentes, indubitavelmente, é a mais eficiente e agronomicamente sustentável. O agente causal dessa doença expressa ampla variabilidade, com várias raças fisiológicas. A partir da avaliação de 87 subacessos S₀ conservados no Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa, BGH-UFV, foi constatada variabilidade entre os genótipos em relação à reação ao oídio, resultando na seleção de 15 subacessos. Com uma série de diferenciadoras o patógeno foi caracterizado, sendo identificado como a raça 2US, primeiro relato da sua ocorrência em Minas Gerais e no Brasil. Além da resistência a doenças, para obtenção de genótipos agronomicamente superiores, também é necessário que reúnam atributos para aceitação no mercado. Por isso, nas progênies provenientes da autofecundação dos subacessos promissores, além da resistência ao oídio, foram avaliados caracteres relacionados ao porte, florescimento e frutificação. Desse modo, as progênies S₁: BGH-1004.5, BGH-4610.3, BGH-5616C.5 e BGH-5598B.3 foram selecionados por apresentar resistência ao oídio, ter menor crescimento vegetativo, maior precocidade e produção de frutos de qualidade.

Palavras-chave: Resistência genética. Cucúrbitas. Pré-melhoramento. Recursos genéticos.

ABSTRACT

DA SILVA, Francisco Davi, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, August, 2022. **Identification of sources of powdery mildew resistance (*Podosphaera xanthii*) in pumpkin (*Cucurbita moschata* D.)**. Adviser: Carlos Nick Gomes.

Pumpkin (*Cucurbita moschata* D.) is a fruit vegetable produced and consumed throughout Brazil, and plays an important social and economic role, as it is cultivated mainly by small and medium-sized rural producers. Powdery mildew is an important disease caused by the pathogen *Podosphaera xanthii*, and affects a large number of cucurbits, with pumpkin being one of the most affected. Powdery mildew can compromise production, in addition to reducing fruit quality. Among the possible forms of control, the use of genetically resistant cultivars is undoubtedly the most efficient and agronomically sustainable. The causal agent of this disease expresses wide variability, with various physiological races. From the evaluation of 87 S₀ subaccessions conserved in the Vegetable Germplasm Bank of the Federal University of Viçosa, BGH-UFV, variability was observed between the genotypes in relation to the reaction to powdery mildew, resulting in the selection of 15 subaccessions. With a series of differentiators, the pathogen was characterized, being identified as the race 2US, the first report of its occurrence in Minas Gerais and Brazil. In addition to disease resistance, in order to obtain agronomically superior genotypes, it is also necessary that they meet attributes for market acceptance. Therefore, in the progenies from the self-pollination of promising subaccessions, in addition to resistance to powdery mildew, characters related to size, flowering and fruiting were evaluated. Thus, the progenies S1: BGH-1004.5, BGH-4610.3, BGH-5616C.5 and BGH-5598B.3 were selected because they are resistant to powdery mildew, have less vegetative growth, greater precocity and production of quality fruits.

Keywords: Genetic resistance. Cucurbits. Pre-breeding. Genetic resources.

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO GERAL	9
REFERÊNCIAS	13
CAPÍTULO 1	
Resistência ao oídio em germoplasma de abóbora conservado no banco de germoplasma de hortaliças.	18
RESUMO.....	19
ABSTRACT	20
1. INTRODUÇÃO	21
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	21
2.1. Germoplasma	22
2.2. Local e condições experimentais.....	22
2.3. Delineamento	24
2.4. Obtenção, manutenção e identificação da raça de <i>P. xanthii</i>	24
2.5. Inoculação e avaliação do germoplasma.....	26
2.6. Análises estatísticas.....	28
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	29
3.1. Variabilidade do patógeno <i>P. xanthii</i>	29
3.2. Reação dos subacessos de abóbora ao <i>P. xanthii</i> raça 2US.....	30
4. CONCLUSÕES	37
5. REFERÊNCIAS	38
CAPÍTULO 2	
Seleção de progênies de abóbora promissoras quanto à resistência ao oídio e agronomicamente superiores.....	42
RESUMO.....	43
ABSTRACT	44
1. INTRODUÇÃO	45
2. METODOLOGIA	46
2.1. Germoplasma	46
2.2. Local e condições experimentais.....	46
2.3. Inoculação e avaliação da resistência.....	47
2.4. Avaliação morfoagronômica	49
2.5. Análises estatísticas.....	50
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	51

3.1.	Avaliação da resistência ao oídio (<i>P. xanthii</i> raça 2US)	51
3.2.	Avaliação morfoagronômica das progênies S₁	55
3.3.	Correlações entre caracteres.....	58
3.4.	Análise de componentes principais e importância de caracteres	61
3.5.	Variabilidade genética e agrupamento	64
3.6.	Identificação de progênies superiores via índice FAI.....	66
4.	CONCLUSÕES	70
5.	REFERÊNCIAS	71

INTRODUÇÃO GERAL

As cucúrbitas possuem significativa importância econômica, social e nutricional no Brasil, sendo cultivadas em todas as regiões do país em diferentes sistemas de cultivo, por grandes empresas, por médios e pequenos produtores, principalmente em regime de agricultura familiar (Alencar 2011; Ferreira *et al.* 2017; Lima *et al.* 2017). A atividade é responsável pela geração de empregos diretos e indiretos, devido à grande mão de obra exigida desde o cultivo até a sua comercialização (Alencar 2011).

Em 2020, o gênero *Cucurbita*, produziu 28 milhões de toneladas em todo o mundo, em cerca de 2 milhões de hectares cultivados (FAOSTAT 2022). São culturas particularmente importantes nos países asiáticos, americanos e mediterrâneos (Montero-Pau *et al.* 2016).

No Brasil, as espécies mais exploradas são *Cucurbita moschata*, *Cucurbita maxima* e *Cucurbita pepo* (Priori *et al.* 2018), sendo *C. moschata* aquela com maior variabilidade genética. As cucúrbitas já faziam parte da dieta dos povos nativos antes da colonização do continente (Verger 1987). Essas espécies fazem parte do patrimônio genético vegetal brasileiro, sendo domesticadas há milhares de anos e cultivadas em várias regiões até hoje (Fonseca *et al.* 2015), com variedades tradicionais adaptadas às condições edafoclimáticas de cada região, e sua diversidade conservada, por meio da agrobiodiversidade (Priori *et al.* 2018).

As cucúrbitas têm elevado potencial produtivo, mesmo em condições de baixo investimento tecnológico (Cardoso & Souza Neto 2016). No entanto, várias doenças e pragas podem afetar sua produção, seja em razão da redução da produtividade e/ou da qualidade dos frutos (Ramos *et al.* 2010).

O oídio é uma das doenças mais disseminadas e prejudiciais do mundo em cucúrbitas (Holdsworth *et al.* 2016; Guo *et al.* 2018), ocorrendo em todas as áreas cultivadas com essas espécies, incidindo, de forma geral, sobre todas as cucurbitáceas (Kousik *et al.* 2008). O oídio age como um coletor fotossintético da planta, pelo consumo dos fotoassimilados produzidos e pela cobertura da superfície foliar, causando redução da capacidade fotossintética, e com consequente diminuição no crescimento das plantas, perda prematura da folhagem e uma redução no rendimento. Essa perda de rendimento ocorre em função da gravidade da doença e do período em que as plantas foram inicialmente infectadas. Em estágios iniciais do desenvolvimento, resulta em reduzido vigor e/ou morte das plântulas (Kousik *et al.* 2008), o que pode inviabilizar o cultivo. No entanto, geralmente, a doença aparece no final do ciclo vegetativo da cultura, causando maior prejuízo à medida que se aproxima o final do ciclo,

comprometendo a colheita dos frutos tardios. O oídio pode reduzir em mais de 50% da produção das cucúrbitas (McGrath & Thomas 1996).

O oídio tem como agente causal várias espécies de *Erysiphaceae*, incluindo *Podosphaera xanthii* (Castag.) U. Braun & N. Shish. (syn. *Sphaerotheca fulginea*). A espécie *P. xanthii* é o agente causal predominante em climas tropicais e subtropicais (McGrath 2017), por conseguinte, é o mais importante no Brasil. Existe grande variabilidade genética nas populações das espécies *P. xanthii*, tendo 50 raças registradas no mundo. No Brasil, as raças 0, 1, 2, 3, 4 e 5 já foram identificadas, com prevalência das raças 1 e 2 (Rabelo *et al.* 2017). A grande variabilidade existente do patógeno é um fator que dificulta ainda mais o controle dessa doença.

A medida de controle mais comum do oídio é o químico, com a utilização de fungicidas protetores e sistêmicos (Pavan & Sakate 2017), contudo, também existem métodos de controle alternativos. O custo de controle químico combinado sistêmico-protetor é de cerca de US\$ 50/ha nos EUA. Controles alternativos podem ter custos abaixo de US\$ 25/ha (Ferrandino & Smith 2007). No entanto, em função de um manejo inadequado, seja pela aplicação de altas dosagens e/ou de um número excessivo de aplicações, têm ocorrido o desenvolvimento de resistência no patógeno a diferentes fungicidas, o que reduz a eficiência do controle químico (McGrath & Sexton 2018; Pirondi *et al.* 2014, 2015; Sedláková & Lebeda 2008).

Como o desenvolvimento de uma doença é resultante da interação entre um hospedeiro suscetível, um agente patogênico e fatores ambientais favoráveis (Bergamin Filho & Amorim 2018), com desenvolvimento de cultivares resistentes, ou seja, fazendo com que o hospedeiro não seja mais susceptível, essa interação é quebrada e a doença não se estabelece. O emprego de cultivares resistentes constitui um importante pilar dentre as possíveis estratégias empregadas no controle de doenças.

De forma geral, em cucurbitáceas, a resistência genética ao oídio é um atributo muito importante, já que o oídio é uma das principais doenças foliares dessa família botânica (Guo *et al.* 2018; Holdsworth *et al.* 2016). A possibilidade do uso de resistência genética traz muitas vantagens, como o aumento do rendimento e da qualidade, e redução nas aplicações de fungicidas, o que diminui os custos de produção e os riscos à saúde do homem, enquanto produtor e consumidor, e ao meio ambiente (Pérez-García *et al.* 2009).

No Brasil, há cultivares de cucúrbitas desenvolvidas pelo setor privado, que apresentam resistência ao oídio, principalmente cultivares da espécie *C. pepo*, no grupo

comercial de abobrinha, Caserta ou Italiana. Também há cultivares resistentes pertencentes ao grupo abobrinha Libanesa, que é bem parecido fenotipicamente com o grupo Caserta. Em menor número, também existem *C. moschata* resistentes, com cultivares lançadas no grupo Menina Brasileira e de abóbora Tetsukabuto, híbrido interespecífico entre *C. moschata* e *C. maxima*. Portanto, percebe-se que a resistência ao oídio está disponível somente em alguns poucos grupos comerciais. Além disso, não conhecemos as fontes dos genes de resistência utilizadas para o desenvolvimento desses genótipos, por não se ter a divulgação dessas informações pelo setor privado.

Segundo Holdsworth *et al.* (2016), a resistência ao oídio já foi encontrada em genótipos de *C. moschata*. No entanto, a resistência dessas fontes, não são comumente empregadas no desenvolvimento das principais cultivares comerciais. O gene *Pm-0* é o principal gene de resistência ao oídio, incorporado em quase todas as cultivares comerciais de *C. moschata* e *C. pepo* resistentes ao oídio nos EUA. Esse gene foi identificado na espécie *C. okechobeensis* subsp. *martinezii*, e foi introgridido em *C. moschata*, e a partir desta, introgridido em *C. pepo* (Formisano *et al.* 2010; Jahn *et al.* 2002; Paris & Cohen 2002). O gene apresenta dominância incompleta, no entanto, seja na condição homozigota quanto na heterozigota, ele tem sido adequado para o controle prático da doença em campo (Cohen *et al.* 2003; Paris & Cohen 2002). Também foi encontrada resistência ao oídio em *C. lundelliana*, sendo conferida por um único gene dominante (Rhodes 1964). Na espécie *C. moschata*, a resistência é conferida por um dos dois genes, designados *pm-1^L* ou *pm-2^S* (Adeniji & Coyne 1983).

De acordo com Vanderplank (1968), em termos epidemiológicos, a resistência que pode ser classificada como vertical (qualitativa) ou horizontal (quantitativa). A resistência vertical (RV) é aquela efetiva somente contra uma ou algumas poucas raças do patógeno. Também é denominada por monogênica, raça-específica, resistência mediada por gene R ou conferida por genes de efeito maior. Essa resistência atua afetando o início da epidemia, provocando um atraso em função da redução da quantidade de inóculo efetivo. A RV é mais comum em patógenos biotróficos, ou seja, aqueles que se alimentam de células vivas, como é o caso de *P. xanthii* (Camargo 2018).

Em contraste, a resistência horizontal (RH) é efetiva contra um grande número ou todas as raças de um patógeno. Pode ser também denominada como poligênica, raça não específica, parcial, poligênica, resistência de campo, resistência conferida por genes de efeito (fenotípico) menor. Frequentemente é caracterizada por uma proteção incompleta, que permite

que a infecção ocorra, porém, com lenta progressão. Assim, a resistência horizontal afeta a taxa de velocidade da doença (Camargo 2018).

Ambos os tipos de resistência são desejáveis, sendo sua combinação bastante efetiva. Apesar disso, o melhoramento para RH representa um maior desafio, devido a sua natureza genética, por envolver um maior número de genes. Por isso, a RV é geralmente mais utilizada pelo melhoramento de plantas, pois requer métodos de seleção mais simples (Camargo 2018).

C. moschata é provavelmente a espécie com maior variabilidade genética dentre as cucúrbitas (Paris 2017), existindo vários relatos de fontes de resistência ao oídio e a outras doenças (Adeniji & Coyne 1983; Brown *et al.* 2003; Gilbert-Albertini *et al.* 1993; Pachner *et al.* 2011; Paris & Cohen 2000; Paris & Cohen 2002; Provvidenti 1997; Sowell & Corley 1973; Zhou *et al.* 2010). Apesar disso, no Brasil, ainda temos uma carência de informações quanto à reação do germoplasma às principais doenças da cultura, incluindo o oídio. Portanto, é preciso reforçar a caracterização e avaliação, visando explorar a variabilidade genética existente no germoplasma nacional de *C. moschata*.

O Banco de Germoplasma de Hortaliças (BGH) da UFV possui mais de 500 acessos de *Cucurbita*, tendo cerca de 273 acessos de *C. moschata*. Esse banco de germoplasma é um dos maiores do país para as espécies do gênero, e constitui uma fonte promissora de genes para o melhoramento de características de importância econômica da abóbora como para resistência a doenças (Moura *et al.* 2005), produção (Ferreira *et al.* 2016; Gomes *et al.* 2020), porte (Oliveira *et al.* 2021) e qualidade de frutos e sementes (Gomes *et al.* 2020, 2022; Lima Neto 2013; Sobreira 2013).

Assim, este trabalho teve como objetivo avaliar acessos de *C. moschata* conservados no BGH - UFV quanto à resistência ao oídio, visando identificar fontes de resistência ao oídio agronomicamente superiores. E, como objetivos específicos: 1. avaliar a resistência ao oídio em um grande conjunto de subacessos conservados no BGH-UFV; 2. obter a geração S₁ dos genótipos mais promissores; 3. avaliar a resistência ao oídio e caracteres morfoagronômicos nas progênies da geração S₁; e, 4. selecionar os genótipos superiores dessa geração.

REFERÊNCIAS

ADENIJI, AA; COYNE, DP. 1983. Genetics and nature of resistance to powdery mildew in crosses of butternut with calabaza squash and ‘Seminole Pumpkin’. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 108: 360–368.

ALENCAR, NE. 2011. *Identificação sorológica e molecular de vírus em espécies de Cucurbitáceas em áreas produtoras do Tocantins e seus efeitos em diferentes hospedeiros*. Lavras, BR: UFLA. 76 p (Dissertação).

ALVES, ES; CARDOSO, JE; SILVA, LGC; LIMA, JSL. 2013. Interação das condições edafoclimáticas com a resinose do cajueiro. *Enciclopédia Biosfera* 9(16): 1320–1345.

BERGAMIN FILHO, A; AMORIM, L. 2018. Princípios gerais de controle. In: AMORIM, L; REZENDE, JAM; BERGAMIM FILHO, A (eds). *Manual fitopatologia*. v.5. Ouro Fino, BR: Agronômica Ceres. p. 215-228.

BROWN, RN; BOLANOS-HERRERA, A; MYERS, JR; JAHN, MM. 2003. Inheritance of resistance to four cucurbit viruses in *Cucurbita moschata*. *Euphytica* 129(3): 253–258.

CAMARGO, LEA. 2018. Controle genético. AMORIM, L; REZENDE, JAM; BERGAMIN FILHO, A (eds). *Manual de Fitopatologia*, 5 ed. Ouro Fino, BR: Agronômica Ceres, p. 229-238.

CARDOSO, AII; SOUZA NETO, IL. 2016. Melhoramento de Abóbora, Abobrinha e Moranga. In: NICK, C; BORÉM, A (eds). *Melhoramento de Hortaliças*. Viçosa, BR: UFV. p. 61-94.

COHEN, R; HANAN, A; PARIS, HS. 2003. Single-gene resistance to powdery mildew in zucchini squash (*Cucurbita pepo*). *Euphytica* 130(3): 433–441.

DARRUDI, R; NAZERI, V; SOLTANI, F; SHOKRPOUR, M; ERCOLANO, MR. 2018. Genetic diversity of *Cucurbita pepo* L. and *Cucurbita moschata* Duchesne accessions using fruit and seed quantitative traits. *Journal of Applied Research on Medicinal and Aromatic Plants* 8: 60–66.

FAOSTAT. 2020. *Production, Crops*. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#home>. Acessado em 24 Junho, 2022.

FERRANDINO, FJ; SMITH, VL. 2007. The effect of milk-based foliar sprays on yield components of field pumpkins with powdery mildew. *Crop Protection* 26: 657–663.

FERREIRA, MG; ALVES, FM; SILVA, DJH; NICK, C. 2017. A cultura. In: NICK, C;

BOREÉM, A (eds). *Abóboras e morangas: do plantio à colheita*. Viçosa, BR: UFV. p. 9-20.

FERREIRA, MG; SALVADOR, FV; LIMA, MN; AZEVEDO, AM; LIMA NETO, IS; SOBREIRA, FM; SILVA, DJ. 2016. Parâmetros genéticos, dissimilaridade e desempenho *per se* em acessos de abóbora. *Horticultura Brasileira* 34: 537–546.

FONSECA, MAJ; QUEIROZ, MA; LOPES, JF; ASSIS, JGA; ROMAO, RL; RAMOS, SRR; CARMO, CAS; MOURA, MCL; DIAS, RCS; SILVEIRA, LM; BARBIERI, RL; SILVA, DJH; NORONHA, SE. 2015. Geographical distribution and conservation of *Cucurbita* in Brazil. *Magistra* 27(3): 432–442.

FORMISANO, G; PARIS, HS; FRUSCIANTE, L; ERCOLANO, MR. 2010. Commercial *Cucurbita pepo* squash hybrids carrying disease resistance introgressed from *Cucurbita moschata* have high genetic similarity. *Plant Genetic Resources: Characterisation and Utilisation* 8(3): 198–203.

GILBERT-ALBERTINI, F; LECOQ, H; PITRAT, M; NICOLET, JL. 1993. Resistance of *Cucurbita moschata* to watermelon mosaic virus type 2 and its genetic relation to resistance to zucchini yellow mosaic virus. *Euphytica* 69(3): 231–237.

GOMES, RS; MACHADO JÚNIOR, R; ALMEIDA, CF; OLIVEIRA, RL; CHAGAS, RR; PEREIRA, ED; DELAZARI, FT; SILVA, DJH. 2022). Identification of high seed oil yield and high oleic acid content in Brazilian germplasm of winter squash (*Cucurbita moschata* D.). *Saudi Journal of Biological Sciences* 29(4): 2280–2290.

GOMES, RS; MACHADO JÚNIOR, R; DE ALMEIDA, CF; CHAGAS, RR; DE OLIVEIRA, RL; DELAZARI, FT; DA SILVA, DJH. 2020. Brazilian germplasm of winter squash (*Cucurbita moschata* D.) displays vast genetic variability, allowing identification of promising genotypes for agro-morphological traits. *Plos One* 15(6): e0230546.

GUO, WL; CHEN, BH; CHEN, XJ; GUO, YY; YANG, HL; LI, XZ; WANG, GY. 2018. Transcriptome profiling of pumpkin (*Cucurbita moschata* Duch.) leaves infected with powdery mildew. *Plos One* 13(1): 1–18.

HOLDSWORTH, WL; LAPLANT, KE; BELL, DC; JAHN, MM; MAZOUREK, M. 2016. Cultivar-based introgression mapping reveals wild species-derived Pm-0, the major powdery mildew resistance locus in squash. *Plos One* 11(12): e0167715.

JAHN, M; MUNGER, HM; McCREIGHT, JD. 2002. Breeding cucurbit crops for powdery mildew resistance. In: BÉLANGER, RR; BUSHNELL, WR; DIK, AJ; CARVER, TLW (eds). *The Powdery Mildews: A Comprehensive Treatise*. St. Paul, USA: APS Press. p. 239-248.

KOUSIK, CS; LEVI, A; LING, KS; WECHTER, WP. 2008. Potential sources of resistance to cucurbit powdery mildew in U.S. plant introductions of bottle gourd. *HortScience* 43(5): 1359–1364.

LIMA NETO, IS. 2013. *Pré-melhoramento de abóbora (Cucurbita moschata) visando a biofortificação em carotenoides*. Viçosa, BR: UFV. 83 p (Tese).

LIMA, MF; OLIVEIRA, VR; AMARO, GB. 2017. Cucurbit-infecting viruses in Brazil. *Acta Horticulturae* 1151: 251–258.

LOPES, JF; AMARO, GB; BARBIERI, RL. 2017. Cultivares. In: NICK, C; BORÉM, A (eds). *Abóboras e morangas: do plantio à colheita*. Viçosa, BR: UFV. p. 70-96.

McGRATH, MT. 2017. Powdery mildew. In: KEINATH, AP; WINTERMANTEL, WM; ZITTER, TA (eds). *Compendium of cucurbit diseases and insect pests*. 2 ed. St. Paul, USA: APS Press. p. 62-64.

McGRATH, MT; SEXTON, ZF. 2018. Poor control of cucurbit powdery mildew associated with first detection of resistance to cyflufenamid in the causal agent, *Podosphaera xanthii*, in the United States. *Plant Health Progress* 19(3): 222–223.

McGRATH, MT; THOMAS, CE. 1996. Powdery mildew. In: ZITTER, TA; HOPINS, DL; THOMAS, CE (eds). *Compendium of Cucurbit Diseases*. St. Paul, USA: APS Press. p. 28-30.

MONTERO-PAU, J; ESTERAS, C; BLANCA, J; ZIARSOLO, P; CAÑIZARES, J; PICÓ, B. 2016. Genetics and Genomics of Cucurbita spp. In: GRUMET, R; KATZIR, N; GARCIA-MAS, J (eds). *Plant Genetics and Genomics: Crops and Models*, Gewerbestrasse, CH: Springer. p. 211–227.

MOURA, MCCL; ZERBINI, FM; SILVA, DJH; QUEIROZ, MA. 2005. Reação de acessos de *Cucurbita* sp. ao zucchini yellow mosaic virus (ZYMV). *Horticultura Brasileira* 23: 206–210.

OLIVEIRA, RL; GOMES, RS; ALMEIDA, CF; MACHADO JÚNIOR, R; ROCHA, JRASC; SILVA, DJH; CARNEIRO, PCS. 2021. Multitrait selection of pumpkin genotypes aimed at reducing the growth habit and improving seed production. *Crop Science* 61(3): 1620–1629.

PACHNER, M; PARIS, HS; LELLEY, T. 2011. Genes for resistance to zucchini yellow mosaic in tropical pumpkin. *Journal of Heredity* 102: 330–335.

PARIS, HS. 2017. Genetic resources of pumpkins and squash, *Cucurbita* spp. In: GRUMET, R; KATZIR, N; GARCIA-MAS, J (eds). *Plant Genetics and Genomics of*

Cucurbitaceae: Crops and Models. Cham, CH: Springer. p. 111–154.

PARIS, HS; COHEN, R. 2002. Powdery mildew-resistant summer squash hybrids having higher yields than their susceptible, commercial counterparts. *Euphytica* 124(1): 121–128.

PARIS, HS; COHEN, S. 2000. Oligogenic inheritance for resistance to Zucchini yellow mosaic virus in *Cucurbita pepo*. *Annals of Applied Biology* 136(3): 209–214.

PAVAN, MA; SAKATE, RK. 2017. Manejo de Doenças. In: NICK, C; BORÉM, A (eds). *Melhoramento de Hortaliças*, Viçosa, BR: UFV. p. 133-151.

PÉREZ-GARCÍA, A; ROMERO, D; FERNÁNDEZ-ORTUÑO, D; LÓPEZ-RUIZ, F; DE VICENTE, A; TORÉS, JA. 2009. The powdery mildew fungus *Podosphaera fusca* (synonym *Podosphaera xanthii*), a constant threat to cucurbits: Pathogen profile. *Molecular Plant Pathology* 10(2): 153–160.

PIRONDI, A; NANNI, IM; BRUNELLI, A; COLLINA, M. 2014. First Report of Resistance to Cyflufenamid in *Podosphaera xanthii*, Causal Agent of Powdery Mildew, from Melon and Zucchini Fields in Italy. *Plant Disease* 98(11): 1581–1581.

PIRONDI, A; PÉREZ-GARCÍA, A; BATTISTINI, G; MUZZI, E; BRUNELLI, A; COLLINA, M. 2015. Seasonal variations in the occurrence of *Golovinomyces orontii* and *Podosphaera xanthii*, causal agents of cucurbit powdery mildew in Northern Italy. *Annals of Applied Biology* 167(3): 298–313.

PRIORI, D; BARBIERI, RL; MISTURA, CC; VILLELA, JCB. 2018. Caracterização morfológica de variedades crioulas de abóboras (*Cucurbita maxima*) do sul do Brasil. *Revista Ceres* 65: 337–345.

PROVVIDENTI, R. 1997. New American summer squash cultivars possessing a high level of resistance to a strain of zucchini yellow mosaic virus from China. *Cucurbit Genetics Cooperative Reports* 20:57–58.

RABELO, HO; SANTOS, LS; DINIZ, GMM; MARIN, MV; BRAZ, LT; MCCREIGHT, JD. 2017. Cucurbits powdery mildew race identity and reaction of melon genotypes. *Pesquisa Agropecuária Tropical* 47(4): 440–447.

RAMOS, SRR; LIMA, NRS; ANOS, JL; CARVALHO, HWL; OLIVEIRA, IR; SOBRAL, LF; CURADO, FF. 2010. *Aspectos técnicos do cultivo da abóbora na região Nordeste do Brasil*. Aracaju, BR: Embrapa Tabuleiros Costeiros. 36 p.

RHODES, AM. 1964. Inheritance of powdery mildew resistance in the genus *Cucurbita*. *Plant Disease Reports* 48: 54–55.

SEDLÁKOVÁ, B; LEBEDA, A. 2008. Fungicide resistance in Czech populations of cucurbit powdery mildews. *Phytoparasitica* 36(3): 272–289.

SOBREIRA, FM. 2013. *Divergência genética entre acessos de abóbora para estabelecimento de coleção nuclear e pré-melhoramento para óleo funcional*. Viçosa, BR: UFV. 87 p (Tese).

SOWELL, GJ; CORLEY, WL. 1973. Resistance of *Cucurbita* plant introductions to powdery mildew. *HortScience* 8: 492–493.

VANDERPLANK, JE. 1968. *Disease resistance in plants*. New York, USA: Academic Press. 206 p.

VERGER, P. 1987. *Fluxo e refluxo de tráfico entre o golfo de Benin e a Bahia de todos os Santos: dos séculos XVII a XIX*. São Paulo, BR: Corrupio. 718 p.

ZHOU, J; HU, H; LI, X; ZHOU, R; ZHANG, H. 2010. Identification of a resource of powdery mildew resistance in *Cucurbita moschata*. *Acta Horticulturae* 871: 141–146.

CAPÍTULO 1
Resistência ao oídio em germoplasma de abóbora conservado no banco de germoplasma de hortaliças.

RESUMO

DA SILVA, Francisco Davi, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2022. **Resistência ao oídio em subacessos de abóbora conservados no banco de germoplasma de hortaliças.** Orientador: Carlos Nick Gomes.

O oídio é uma das doenças que mais causam dificuldades para a produção de abóboras, podendo ocasionar quedas drásticas na produtividade e qualidade dos frutos. O objetivo deste trabalho foi avaliar subacessos de *Cucurbita moschata* conservados no Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV (BGH-UFV) quanto à resistência ao oídio, em plantas jovens e adultas. A identificação da raça fisiológica do oídio utilizada nos ensaios foi feita por nove diferenciadoras. Foram avaliados 87 subacessos S₀ e dois cultivares comerciais como testemunhas. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado para avaliação de plantas jovens, com três repetições, e o delineamento de blocos aumentados de Federer em plantas adultas, com sete repetições para testemunhas. A inoculação foi feita a partir da deposição de esporos e do contato entre plantas doentes e plantas saudáveis. A avaliação foi feita com base em escala subjetiva de notas, e foi estimada a área abaixo da curva de progresso da doença relativa. A raça fisiológica de *Podosphaera xanthii* utilizada nos ensaios foi identificada como a raça 2US, primeiro relato dessa variante em Minas Gerais e no Brasil. Foi constatada diferença significativa entre os subacessos quanto à reação ao oídio, indicando a existência de variabilidade genética, permitindo a seleção de genótipos. No germoplasma avaliado, foram identificados 15 subacessos como fontes promissoras para o desenvolvimento de linhagens de abóbora resistentes ao oídio.

Palavras-chave: *Cucurbita moschata*. Pré-melhoramento. Recursos genéticos. Resistência de plantas.

ABSTRACT

DA SILVA, Francisco Davi, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, August 2022. **Powdery mildew resistance in pumpkin germplasm from the vegetable germplasm bank.** Adviser: Carlos Nick Gomes.

Powdery mildew is one of the diseases that most cause difficulties for the production of pumpkins, which can cause drastic drops in productivity and fruit quality. The objective of this work was to evaluate subaccessions of *Cucurbita moschata* conserved in the Germplasm Bank of Vegetables at UFV (BGH-UFV) for resistance to powdery mildew in young and adult plants. The identification of the physiological race of powdery mildew used in the tests was carried out by nine differentiators. Eighty-seven S₀ subaccessions and two commercial cultivars were evaluated as controls. The experimental design was completely randomized to evaluate young plants, with three replications, and the Federer's augmented block design in adult plants, with seven replications for controls. The inoculation was made from the deposition of spores and the contact between diseased plants and healthy plants. The assessment was based on a subjective rating scale, and the area under the relative disease progress curve was estimated. The physiological race of *Podosphaera xanthii* used in the trials was identified as the race 2US, the first report of this variant in Minas Gerais and Brazil. A significant difference was found between the subaccessions regarding the reaction to powdery mildew, indicating the existence of genetic variability, allowing the selection of genotypes. In the evaluated germplasm, 15 subaccessions were identified as promising sources for the development of squash lines resistant to powdery mildew.

Key-words: *Cucurbita moschata*. Pre-breeding. Genetic resources. Plant resistance.

1. INTRODUÇÃO

O oídio é uma das doenças mais problemáticas para a produção de cucúrbitas (Holdsworth *et al.* 2016), podendo ocasionar perdas drásticas na produtividade e qualidade dos frutos, em função da redução da capacidade fotossintética, do crescimento das plantas e da perda prematura da folhagem. Tem como agente causal várias espécies de *Erysiphaceae*, sendo a espécie *Podosphaera xanthii* a mais importante no Brasil (McGrath 2017). Existem cerca de 50 raças fisiológicas identificadas desse patógeno, tendo as raças 1 e 2 as mais importantes no Brasil (Rabelo *et al.* 2017). Em razão da variabilidade genética nas populações das espécies de *P. xanthii*, a identificação da raça fisiológica é uma importante informação para os trabalhos de melhoramento que buscam o desenvolvimento de cultivares resistentes ao oídio.

Trata-se de um parasita obrigatório e sua sobrevivência, entre as estações de cultivo, ocorre pela infecção de um grande número de espécies de várias famílias, portanto, tem uma ampla gama de hospedeiros (Pérez-García *et al.* 2009). O controle mais comum do oídio é o químico, pela aplicação de fungicidas de contato ou sistêmicos. No entanto, desenvolver cultivares resistentes de abóbora ao oídio é de interesse, pois o controle por resistência genética é uma das ferramentas mais eficazes e sustentáveis de controle de doenças (Holdsworth *et al.* 2016).

No desenvolvimento de cultivares resistentes, uma das primeiras ações deve ser a identificação de fontes de resistência. A caracterização e/ou avaliação do germoplasma conservado em bancos é essencial para identificação de genótipos contendo características de interesse para o melhoramento.

O Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV (BGH-UFV) constitui um dos maiores bancos de germoplasma de *Cucurbita* do Brasil, com promissoras fontes de genes para melhoramento de características de importância econômica da abóbora, contendo mais de 500 dos quais cerca 273 acessos são de *C. moschata*. Essa espécie é provavelmente a mais polimórfica dentre as cucúrbitas, na qual várias fontes de resistência a doenças de importância para as cucúrbitas foram identificadas (Paris 2017). Este trabalho tem como objetivo identificar a raça fisiológica de oídio de ocorrência natural no estado de Minas Gerais, Brasil, e avaliar subacessos de *C. moschata* do BGH - UFV quanto à resistência ao oídio em plantas jovens e adultas.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Germoplasma

Foram avaliados 87 subacessos S_0 conservados no BGH-UFV, procedentes de diferentes regiões: três provenientes da Bahia (BA), sete do Distrito Federal (DF), três do Espírito Santo (ES), quatro de Goiás (GO), 22 de Minas Gerais, dois do Paraná (PR), um do Rio de Janeiro e 45 de São Paulo (SP) (Tabela 1). Todos os genótipos avaliados foram obtidos de autofecundações. Dentro dessa coleção, temos genótipos que apresentam características de importância agrônômicas e nutricionais como para hábito de crescimento, produtividade de frutos e sementes, teor de carotenoides totais da polpa, dentre outras. Como testemunhas foram utilizadas duas cultivares comerciais de abóbora (Maranhão da Feltrin Sementes e Tetsukabuto Takayama da Agristar do Brasil).

Tabela 1 Genótipos avaliados para resistência ao oídio e respectiva origem, subacessos do Banco de Germoplasma de Hortaliças-UFV, geração S_0 . Viçosa, UFV, 2020.

Subcessos S_0	Origem
95, 117, 5649	BA
315, 5638, 5639, 5616, 5624A, 5624B, 5630B	DF
1945A, 1945B, 1945C	ES
6593, 6594, 6595, 6587	GO
1004, 5051, 5248, 5694, 6155, 305A, 7907, 7908, 4454, 4590A, 4590B, 4610A, 4681A, 4681B, 4681C, 5224A, 5224B, 5224C, 5659A, 5659B, 6117A, 6117B	MG
7219A, 7219B	PR
291	RJ
5442, 5451, 5466, 5497, 5528, 5541, 5551, 5552, 5597, 5603, 5453A, 5453B, 5455A, 5456A, 5456B, 5456C, 5472A, 5472C, 5473A, 5473B, 5485A, 5485B, 5493A, 5493B, 5494A, 5494B, 5530A, 5544A, 5544B, 5548A, 5548B, 5554A, 5554B, 5556A, 5560A, 5591A, 5591B, 5591C, 5596A, 5596C, 5598A, 5598B, 5598C, 5606A, 5606B	SP

2.2. Local e condições experimentais

O experimento foi conduzido na unidade de ensino, pesquisa e extensão “Horta Velha” do Departamento de Agronomia (200°45’14’’S, 420°52’53’’O, 648,74 m de altitude), da Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brasil.

Os ensaios foram divididos em plantas jovens e em plantas adultas. O ensaio em plantas jovens foi conduzido no laboratório de sementes de hortaliças, no período de 21 de agosto de 2020 a 09 de outubro de 2020, com temperatura média de 20 ± 3 °C e umidade relativa variando de 57 a 94%. As plântulas destinadas à avaliação em estágio juvenil foram produzidas em casa de vegetação em copos de poliestireno, com volume de 500 mL, usando substrato comercial

MecPlant – Horta 2 (MH2). Trinta dias após semeio (DAS) foram transferidas para o laboratório de sementes de hortaliças.

O ensaio em plantas adultas foi conduzido em campo, em uma área de 0.46 hectare, no período de 21 de agosto de 2020 a 28 de dezembro de 2020, com temperatura média de 21 ± 3 °C e umidade relativa variando de 57 a 95%, e precipitação acumulada de 617.8 mm (Figura 1).

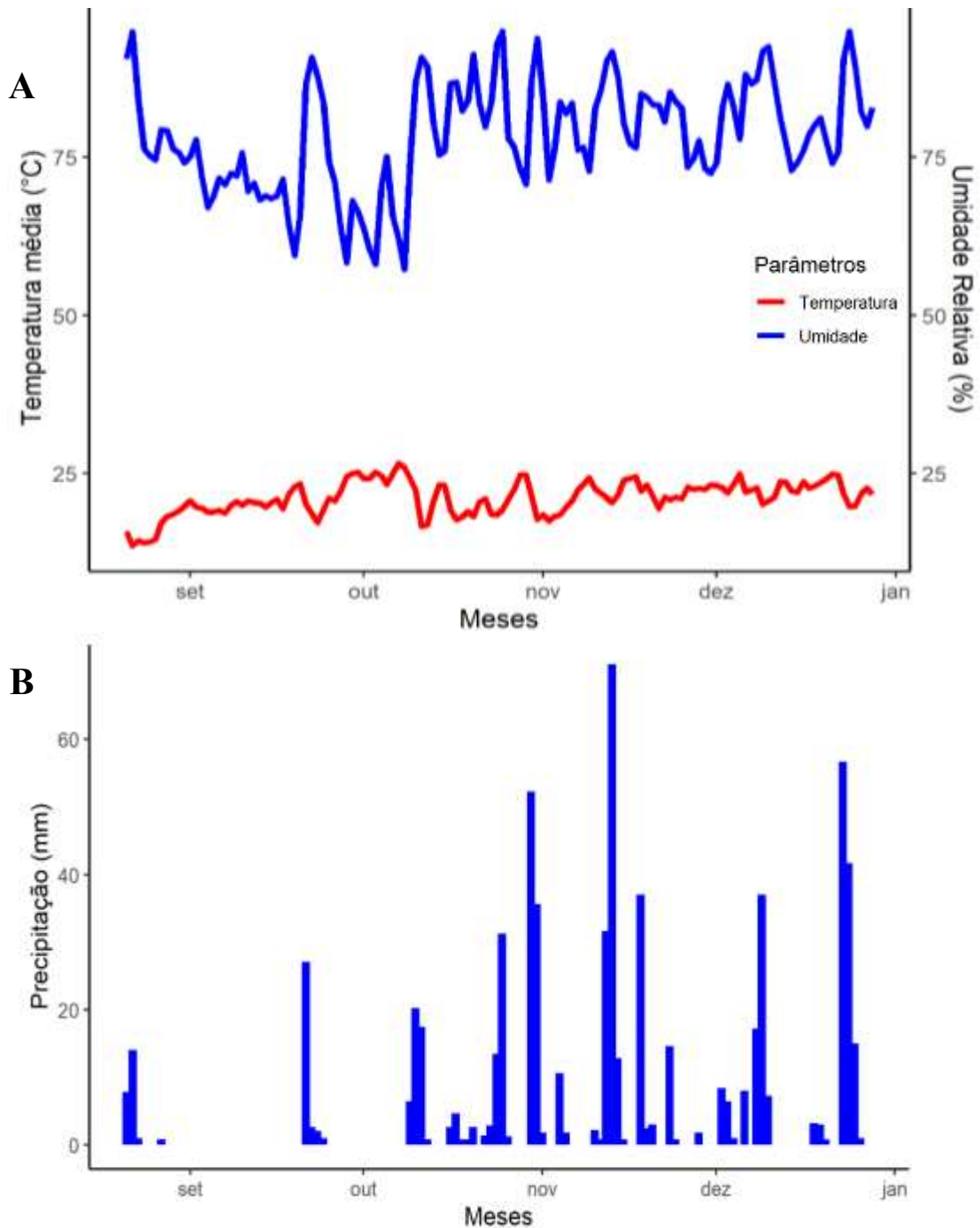


Figura 1 Dados climáticos da estação meteorológica de Viçosa do período de 21 de agosto a 28 de dezembro de 2020. (A) Temperatura média (°C) e Umidade relativa (%), (B) Precipitação (mm). Viçosa, UFV, 2020.

As plântulas destinadas à avaliação em campo foram produzidas em tubetes 280 mL usando substrato MH2, sendo feito o transplante 34 DAS. O solo classificado como argilo-arenoso (Lemos & Santos 1996) foi preparado por meio de uma gradagem leve e coveamento. A calagem e adubação (de plantio e duas coberturas) foram feitas por cova de acordo com as recomendações para a cultura no estado de Minas Gerais, a partir da análise química do solo. O espaçamento utilizado em campo foi de 3 m entre plantas e 3 m entre fileiras. Esse espaçamento foi mais adensado para favorecer a disseminação da doença em campo. O penteamento foi feito sempre que observado o entrelaçamento entre as plantas, afim de evitar problemas na avaliação individual de cada planta. As plantas em campo foram irrigadas individualmente com uso de mangueira, sempre próximo à sua base, evitando-se o molhamento da parte aérea para não afetar o desenvolvimento da doença. Nenhum trato fitossanitário foi utilizado.

2.3. Delineamento

Para o experimento em plantas jovens foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado (DIC), com três repetições. Neste ensaio, cada planta constituiu uma parcela, sendo avaliada três folhas completamente expandidas em cada planta. Onze subacessos dos 87 semeados não tiveram germinação suficiente, e foram usadas apenas na avaliação em campo.

Em campo, o delineamento utilizado foi o de blocos aumentados de Federer, com sete repetições para as testemunhas. As testemunhas foram distribuídas ao acaso em cada um dos sete blocos, e os genótipos regulares divididos em todos os blocos, com 13 tratamentos regulares por bloco. Cada parcela foi constituída por cinco plantas, sendo apenas as três internas úteis, desconsiderando as duas extremas na avaliação.

2.4. Obtenção, manutenção e identificação da raça de *P. xanthii*

O patógeno foi coletado em plantas de abóboras, com sintomas característicos de oídio, na “Horta Velha”. A confirmação do patógeno foi feita por meio de caracterização morfológica, pela observação de corpos de fibrosina nos conídios, típicos de *P. xanthii*, observados em microscópio óptico.

O patógeno foi mantido em gaiola estabelecida no galpão da “Horta Velha” em plântulas da cultivar de abóbora Maranhão, em condições de temperatura e umidade ambientes (Figura 2). As plantas foram obtidas pela semeadura em copos descartáveis de poliestireno, com volume de 500 mL, preenchidos com substrato MH2. Com 21 DAS, ocorreu a transferência de plântulas



Figura 2 Criação de oídio para inoculação de experimentos. (A) folha de abóbora coletada em campo com sintomas típicos de oídio, (B) plântulas em desenvolvimento para posterior infecção, (C) gaiola onde são mantidas as plantas hospedeiras, (D) início de colonização em cotilédones, (E) plantas hospedeiras dentro da gaiola, (F) detalhe do sinal característico da doença em folha.

novas com pelo menos a primeira folha verdadeira expandida, para dentro da gaiola de criação, contendo as plantas já colonizadas por oídio. Esse processo foi feito a cada quatro/cinco semanas, conforme ocorria a morte das plantas hospedeiras. A inoculação dentro da gaiola foi feita manualmente por meio da deposição de esporos das folhas colonizadas sobre as novas plântulas, e pelo contato entre as folhas e ramos. Desse modo, teve-se uma fonte de inóculo constante para garantia da inoculação do patógeno nos experimentos de avaliação quanto à reação ao oídio.

Para identificação da raça fisiológica de *P. xanthii* cultivada, foram utilizadas as cultivares de meloeiro (*Cucumis melo*) diferenciadoras de raças de oídio: Edisto47, Hale's Best Jumbo, PMR45, Nantais Oblong, PI124111, PI414723, PMR5, Védraçais e WMR29. O conjunto de diferenciadoras utilizado neste estudo permite discriminar as raças de 1, 2 (com as variantes 2F e 2US), 3, 4, 5 e 3.5 de *P. xanthii*.

Tabela 2 Resumo das reações das nove diferenciadoras às raças fisiológicas de *P. xanthii* [adaptado de Rabelo *et al.* (2017)].

Diferenciadora	Raças de <i>Podosphaera xanthii</i>							
	0	1	2F	2US	3	4	5	3.5
Hale's Best Jumbo	S	S	S	S	S	S	S	S
Védraçais	R	S	S	S	S	S	S	S
Nantais Oblong	R	S	S	S	S	S	S	S
PMR45	R	R	S	S	S	S	S	S
PMR5	R	R	R	R	S	R	R	S
WMR29	R	R	R	H	R	S	S	S
Edisto47	R	R	R	S	R	R	S	S
PI414723	R	R	R	S	R	R	R	R
PI124111	R	R	R	R	R	R	R	S

R resistente; H heterogêneo; S susceptível.

A inoculação das cultivares diferenciadoras foi feita aos 25 DAS em três plantas de cada diferenciadora. A avaliação ocorreu 15 dias após a inoculação (DAI) por meio de uma escala subjetiva de notas (1-4) conforme metodologia descrita para meloeiro por Yuste-Lisbona *et al.* (2010). De acordo com as notas recebidas (1 - Sem esporulação; 2 - Baixo nível de esporulação; 3 - Moderado nível de esporulação e 4 - Elevado nível de esporulação) as diferenciadoras foram classificadas como resistentes (notas 1 e 2) ou susceptíveis (3 e 4).

2.5. Inoculação e avaliação do germoplasma

A inoculação foi feita aos 30 DAS no ensaio em plantas jovens, pela deposição de esporos feita manualmente por leve varrição usando pincel de cerdas 1/2" e pelo contato entre as plantas hospedeiras e as plantas sadias a serem avaliadas. Como fonte de inóculo, utilizou-

se uma planta sintomática totalmente colonizada (com folhas e ramos cobertos por conídios e micélio) para cada 15 plantas saudáveis.

A avaliação em plantas jovens foi feita visualmente nas três folhas verdadeiras expandidas aos quatro, sete, nove, 11, 13 e 19 dias após a inoculação (DAI). Com base nos sintomas de oídio desenvolvidos nos genótipos foi adotada para avaliação uma escala subjetiva de notas, de um a sete, em ordem crescente de severidade da doença (Figura 3), com base na metodologia descrita para *C. moschata* por Luitel *et al.* (2016).



Figura 3 Escala de oídio (1–7) utilizada para registrar a severidade da doença em subcessos de abóbora. 1 = 0%, 2 \geq 10%, 3 \geq 20%, 4 \geq 40%, 5 \geq 50%, 6 \geq 70%, 7 \geq 90%. Viçosa, UFV, 2020.

Em campo, a avaliação seguiu a mesma metodologia supracitada, com exceção da inoculação, que foi feita quando as plantas já estavam estabelecidas no campo, com 30 dias após transplante (DAT), sendo repetida na semana seguinte. As avaliações foram feitas na planta como um todo, aos 18, 25, 32, 39, 46, 53, 60 e 67 DAI. As plantas foram conduzidas até a obtenção de frutos/sementes via autofecundação.

A partir do conjunto de dados obtidos, a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) foi estimada pela fórmula:

$$\text{AACPD} = (T_{i+1} - T_i) \times \left[\frac{D_{i+1} + D_i}{2} \right]$$

Onde: T é o tempo em dias da observação e D é a porcentagem estimada de área de oídio infectado em sua observação.

A AACPD relativa (AACPD_r) é um resumo da avaliação acumulada da doença, variando de zero a um. Para calcular o AACPD_r, as AACPDs estimadas para cada intervalo

foram somadas e divididas pelo número total de dias multiplicado por 100, pela seguinte fórmula:

$$AACPD_r = \frac{\sum(T_{i+1}-T_i) \times \left[\frac{D_{i+1}+D_i}{2} \right]}{(T_{Total}) \times 100}$$

Onde: T é o tempo em dias da observação, D é a porcentagem estimada de área de oídio infectado em sua observação e T_{Total} é tempo total em dias da avaliação.

2.6. Análises estatísticas

Após verificar as pressuposições de normalidade e homoscedasticidade, os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) a 1% de significância, para análise do efeito de genótipos, e foram estimados os seguintes parâmetros:

- Coeficiente de variação genética;

$$CVg(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{X_0} \times 100$$

- Coeficiente de variação ambiental;

$$CVe(\%) = \frac{\sqrt{\sigma^2}}{X_0} \times 100$$

- Herdabilidade no sentido amplo;

$$h^2(\%) = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} \times 100$$

Em que, σ_g^2 = variância genética, σ^2 = variância residual, σ_f^2 = variância fenotípica e X_0 = média geral.

Os genótipos com médias de AADPCr $\leq 0,20$ foram classificados como resistentes, $\leq 0,40$ moderados, ou $> 0,50$ suscetíveis de acordo com a classificação sugerida por Luitel *et al.* (2016). Além disso, foi estimado a correlação entre a resposta obtida em plantas jovens e adultas, pelo método de ranqueamento de Spearman.

As curvas do progresso da doença foram feitas para todos os genótipos, para as testemunhas e para os subacessos selecionados em plantas jovens, no intervalo de 4 a 19 DAI, e em plantas adultas, no intervalo de 18 a 67 DAI (Figura 4). Isso nos fornece uma perspectiva comparativa da evolução da doença nos respectivos intervalos de tempo.

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o Programa Genes (Cruz 2016) e R (R Core Team 2022).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Variabilidade do patógeno *P. xanthii*

Com base na reação observada nas linhagens diferenciadores, foi identificada a raça fisiológica 2US. Primeiramente, a diferenciadora PI414723 foi classificada como susceptível, o que determina essa raça fisiológica. As demais apresentaram as reações que corroboram com isso: Hale's Best Jumbo, Véndrantais, Nantais Oblong, Edisto 47, e PMR45 foram classificadas como susceptíveis; e, PI124111, PMR5 e WMR29 como resistentes. WMR29 poderia apresentar reação heterogênea à raça 2US, no entanto não se observou susceptibilidade nessa diferenciadora. A reação de susceptibilidade de PI414723, que determina essa variante, bem como a reação observada nas demais, por exemplo a reação de resistência na PMR5 (Figura 4), indica a raça fisiológica 2 variante US.

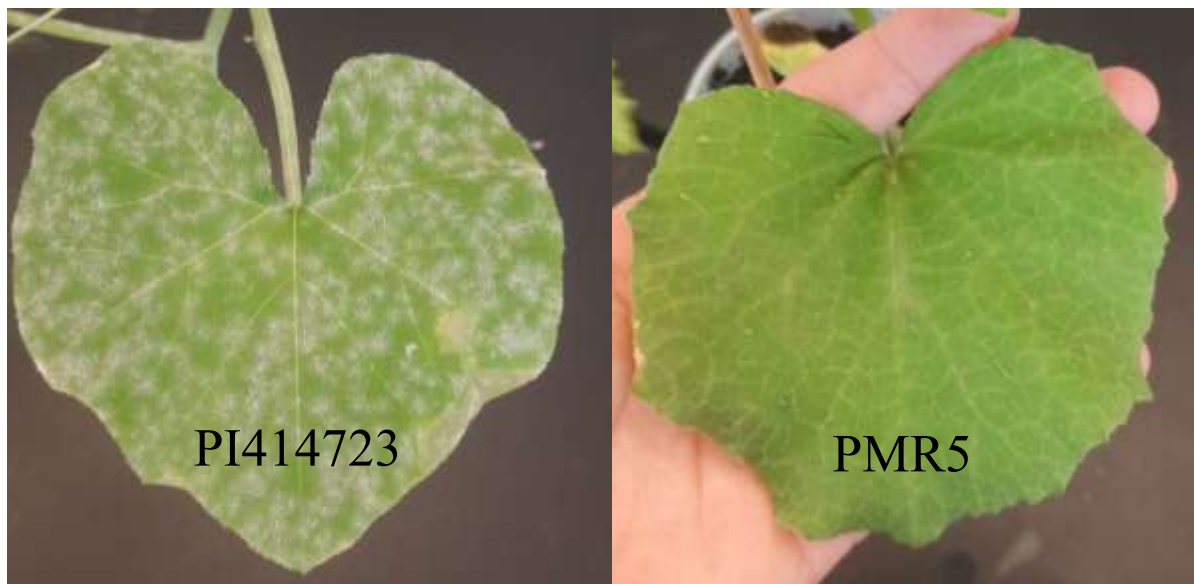


Figura 4 Padrão observado de reação ao oídio nas diferenciadoras PI414723 (susceptibilidade) e PMR5 (resistência) de *C. melo*. Viçosa, UFV, 2020.

A raça 2 é uma das raças fisiológicas de oídio mais relatadas no Brasil. Foi identificada pela primeira vez em São Paulo, nos anos 2000 (Rabelo *et al.* 2017). Posteriormente, foi identificada no Distrito Federal (Reis & Buso 2004), seguido pelos estados de Pernambuco e Rio Grande do Norte, em 2005 (Rabelo *et al.* 2017) e no Paraná, em 2006 (Fazza 2006). São escassos os trabalhos sobre levantamento de raças de *P. xanthii* em Minas Gerais. Reis & Buso (2004) relataram a ocorrência somente da raça fisiológica 1 nesse estado. O último levantamento encontrado de raças com isolados obtidos em Minas Gerais, relatou a ocorrência da raça 2F em abóbora (Fazza 2006), único relato que define a variante dessa raça. Para a maioria dos levantamentos anteriores que identificaram a raça 2 no território brasileiro, em

função do conjunto de diferenciadoras utilizadas, não se sabe qual das variantes envolvia. Portanto, esse é o primeiro relato da ocorrência da raça 2US em Minas Gerais e no Brasil.

Vale ressaltar, que é necessário fazer um amplo levantamento para identificar as raças fisiológicas que ocorrem em uma dada região, principalmente para guiar corretamente o melhoramento e maximizar a eficiência do controle da doença por meio da resistência, bem como para monitorar alterações nas populações desse patógeno.

3.2. Reação dos subacessos de abóbora ao *P. xanthii* raça 2US

A ANOVA detectou diferenças significativas ($P < 0,01$) para o efeito de genótipos quanto à reação a *P. xanthii* tanto em plantas jovens quanto em plantas adultas de abóboras (Tabela 3).

Tabela 3 Resultados da análise de variância da AACPD_r, subacessos do Banco de Germoplasma de Hortaliças-UFV, geração S₀. Viçosa, UFV, 2020.

AACPD relativa					
Plantas Jovens			Plantas Adultas		
FV	GL	QM	FV	GL	QM
			Blocos	6	0.002926**
Genótipos (G)	79	0.009632**	G ajustados	88	0.004303**
Residual	160	0.003395	Residual	6	0.000201
σ_g^2	0.002079		σ_g^2	0.002619	
σ^2	0.001132		σ^2	0.000224	
CVg (%)	20.86		CVg (%)	25.20	
CVe (%)	26.65		CVe (%)	6.20	
CVg/CVe	0.78		CVg/CVe	3.81	
h ² (%)	64.75		h ² (%)	93.57	
Média	0.22		Média	0.23	

** 1% de significância; σ_g^2 variância genética; σ^2 variância residual; CVg coeficiente de variação genético; CVe coeficiente de variação ambiental; h² herdabilidade.

Isso indica a existência de variância genotípica e, portanto, a possibilidade de se fazer seleção de genótipos agronomicamente superiores quanto à resistência ao oídio. A existência de variabilidade genética no germoplasma disponível é o requisito básico para o melhoramento de qualquer cultura. Quanto maior a variabilidade, maiores são as chances de seleção de genótipos superiores (Cruz *et al.* 2012). Embora ainda existam poucos estudos relacionados à reação a diferentes doenças nos acessos de abóbora do BGH-UFV, essa informação reforça o potencial de utilização desses genótipos em programas de melhoramento como possíveis fontes de resistência como encontrado por Moura *et al.* (2005) que identificaram acessos resistentes ao Zucchini Yellow Mosaic Virus (ZYMV) em uma caracterização de 37 acessos de abóbora conservados no BGH-UFV.

No ensaio com plantas jovens, o coeficiente de variação genética (CVg) foi de 20,86%, inferior ao CVg obtido em plantas adultas (25,20%) (Tabela 3). Vale ressaltar que maiores estimativas do coeficiente de variação genotípica refletem em maior possibilidade de progressos genéticos (Cruz *et al.* 2012). O coeficiente de variação ambiental (CVe) foi de 26,65% para plantas jovens e 6,20% para plantas adultas, ou seja, houve maior variação nas plantas jovens. Assim, recomenda-se o uso de um maior número de repetições em futuros ensaios com plantas jovens, visando reduzir o efeito ambiental.

A herdabilidade (h^2) é um importante parâmetro para o melhoramento de plantas, pois expressa a relação entre a variância genotípica e a variância fenotípica, representando o quanto da variação fenotípica tem causa genética (Cruz *et al.* 2012). A h^2 foi de 64,75% e de 93,57% para plantas jovens e adultas, respectivamente. Kavya e Shivapriya (2019), em *Cucumis melo*, reportou herdabilidade de 71% para resistência ao oídio em condições de campo. Ainda em *C. melo*, Shashikumar *et al.* (2016) encontraram herdabilidades variando de 72% a 97% em condições de casa de vegetação e de 74% a 93% em campo. Em *Cucumis sativus*, Sharma *et al.* (2017) observou herdabilidade de 75% para a reação ao oídio. Tetteh *et al.* (2013) relataram herdabilidades de 71% e de 79%, respectivamente, para resistência em folhas e ramos de *Citrullus lanatus*.

No presente estudo, os valores de herdabilidade são elevados, principalmente em plantas adultas, o que indica que o caractere pode ser passado às gerações seguintes por seleção, por meio de métodos de melhoramento menos complexos e com grande chance de sucesso. Além disso, no ensaio em plantas adultas a razão CVg/CVe foi superior a 1, com valor de 3,81. Valores da h^2 superiores a 80% e a razão CVg/CVe superior a unidade são indicativos de ganhos de seleção satisfatórios. Quando a razão CVg/CVe é superior a uma unidade sugere que os efeitos genéticos predominam sobre os ambientais, corroborando a obtenção genótipos superiores quanto à resistência ao oídio por meio de métodos de melhoramento mais simples (Azevedo *et al.* 2012).

Os genótipos avaliados foram classificados como resistentes e moderados, com os valores da AACPD_r variando de 0,11 a 0,41, nas plantas jovens, e de 0,10 a 0,38, nas plantas adultas. Sob as condições deste estudo, nenhum genótipo foi classificado como susceptível (Tabela 4). É possível que isso tenha sido efeito das condições ambientais menos favoráveis para o desenvolvimento do oídio, principalmente em campo, pois durante o período de execução do experimento, a temperatura média foi baixa (21 °C) e a umidade relativa média foi alta (78,36%), com frequente precipitação a partir de outubro de 2020 (Figura 1).

Tabela 4 Médias da área abaixo da curva de progresso da doença relativa e reação ao oídio em plantas jovens e adultas, subacessos de abóbora do Banco de Germoplasma de Hortaliças - UFV, geração S₀. Viçosa, UFV, 2020.

Genótipos	Jovem		Adulta		Genótipos	Jovem		Adulta	
Maranhão	0.40	M	0.25	M	5455A	0.25	M	0.31	M
Tetsukabuto	0.41	M	0.38	M	5456A	0.22	M	0.29	M
95	0.25	M	0.15	R	5456B	0.14	R	0.23	M
117	0.14	R	0.15	R	5456C	0.14	R	0.22	M
291	-	-	0.29	M	5472A	0.23	M	0.13	R
315	0.18	R	0.19	R	5472C	0.17	R	0.20	R
1004	0.14	R	0.16	R	5473A	-	-	0.16	R
5051	0.17	R	0.28	M	5473B	0.16	R	0.13	R
5248	0.16	R	0.22	M	5485A	0.17	R	0.20	R
5442	0.23	M	0.22	M	5485B	0.25	M	0.22	M
5451	0.30	M	0.33	M	5493A	0.20	R	0.20	R
5466	-	-	0.19	R	5493B	-	-	0.15	R
5497	0.23	M	0.19	R	5494A	0.19	R	0.28	M
5528	0.23	M	0.28	M	5494B	0.26	M	0.21	M
5541	0.18	R	0.24	M	5530A	0.28	M	0.25	M
5551	0.32	M	0.24	M	5544A	0.27	M	0.31	M
5552	0.25	M	0.15	R	5544B	0.25	M	0.19	R
5597	0.20	R	0.17	R	5548A	0.22	M	0.24	M
5603	0.25	M	0.23	M	5548B	0.20	R	0.32	M
5638	0.26	M	0.18	R	5554A	0.26	M	0.19	R
5639	0.20	R	0.20	R	5554B	0.19	R	0.20	R
5649	0.26	M	0.12	R	5556A	0.16	R	0.17	R
5694	0.19	R	0.20	R	5560A	0.22	M	-	-
6155	0.18	R	0.21	M	5591A	0.18	R	0.20	R
6593	0.24	M	0.15	R	5591B	-	-	0.23	M
6594	0.32	M	0.15	R	5591C	0.11	R	0.23	M
6595	0.15	R	0.29	M	5596A	0.22	M	0.22	M
1945A	0.18	R	0.14	R	5596C	0.16	R	0.13	R
1945B	0.14	R	-	-	5598A	0.22	M	0.10	R
1945C	0.27	M	0.20	R	5598B	0.19	R	0.14	R
305A	0.21	M	0.30	M	5598C	0.23	M	0.21	M
4287A	0.26	M	0.15	R	5606A	0.22	M	0.22	M
4287B	0.26	M	0.28	M	5606B	0.20	R	0.22	M
4454A	0.22	M	0.25	M	5616C	0.12	R	0.13	R
4590A	0.16	R	0.21	M	5624A	0.22	M	0.16	R
4590B	-	-	0.19	R	5624B	0.23	M	0.33	M
4610A	0.19	R	0.20	R	5630B	0.23	M	0.35	M
4681A	-	-	0.21	M	5659A	0.21	M	0.19	R
4681B	0.28	M	0.19	R	5659B	0.32	M	0.28	M
4681C	0.33	M	0.23	M	6117A	-	-	0.21	M
5224B	-	-	0.24	M	6117B	-	-	0.18	R
5224C	0.20	R	0.28	M	6587A	0.23	M	0.27	M
5453A	0.21	M	0.32	M	7219A	0.27	M	0.16	R
5453B	0.16	R	0.27	M	7219B	0.16	R	0.22	M

Correlação de Spearman entre as fases = 0.12

R resistente; M moderado.

Essas condições acabam afetando o desenvolvimento e dispersão da doença, pois com as chuvas ocorre a lavagem das estruturas do patógeno da superfície foliar do hospedeiro (Bedendo 2018). Apesar disso, a testemunha Tetsukabuto e subacessos como BGH-305A, BGH-5453A, BGH-5624B, BGH-5630B apresentaram elevada susceptibilidade a doença em campo, com rápida progressão da doença, parte aérea quase completamente colonizada, grande produção de esporos, clorose, necrose e elevada perda de folhagem aos 67 DAI. Assim, também é possível que a classificação sugerida por Luitel *et al.* (2016), apesar de representar bem a reação de genótipos de abóbora ao oídio em plantas jovens, não seja apropriada para ensaios em campo em períodos prolongados de tempo, como feito neste estudo, já que não foi desenvolvida pra tal.

Dos 80 genótipos avaliados no estágio de plantas jovens, o acesso BGH-5591C apresentou a menor AACPD_r e a testemunha Tetsukabuto, a maior. Na avaliação das plantas adultas, a testemunha Tetsukabuto também apresentou a maior AACPD_r e o acesso BGH-5598A, a menor (Tabela 4). Ferreira *et al.* (2016) avaliando 58 genótipos de abóbora, também observou elevada susceptibilidade a doenças pela avaliação do aspecto fitossanitário (alternariose, antracnose, míldio e oídio) exibido nessa cultivar.

Apesar da testemunha apresentar os maiores valores para a AACPD_r nas duas fases avaliadas, isso não ocorreu nos demais genótipos, apresentando um coeficiente de correlação de Spearman de 0,12 (Tabela 4). Esta baixa correlação sugere que a reação ao oídio em plantas jovens não está necessariamente associada à reação ao oídio em plantas adultas.

Quarenta e três subacessos (56%) receberam a mesma classificação nas avaliações de plantas jovens e adultas, com 17 subacessos classificados como resistentes e 27 subacessos como moderados. Prasanth *et al.* (2019) trabalhando com outra cucurbitácea, *Momordica charantia*, observou que a resistência ao oídio é genótipo-dependente entre os estágios de desenvolvimento, o que também foi observado no presente estudo. Em *C. melo*, também foi observado diferentes níveis de resistência ao oídio expressos em estágios específicos de desenvolvimento das plantas (Boitex *et al.* 1995). A associação entre a resistência a outros patógenos em diferentes estágios de desenvolvimento são relatadas em *Helianthus tuberosus* (Junsopa *et al.* 2017), *Triticum aestivum* (Tadesse *et al.* 2011) e *Oryza sativa* (Zhou *et al.* 2012), e a existência dessa associação varia de acordo com a cultura, patógeno e condições ambientais da avaliação. O conhecimento da associação da resistência entre plantas jovens e adultas pode ajudar melhoristas a acelerar os programas de melhoramento, pois a seleção precoce é mais eficiente (Junsopa *et al.* 2017).

Dentre os subacessos classificados como resistentes em ambos os ensaios: BGH-117, BGH-315, BGH-1004, BGH-1945A, BGH-4610A, BGH-5556A, BGH-5596A, BGH-5598B e BGH-5616C foram os mais promissores, com média de 0.16 para AACPRr. Além desses, os subacessos BGH-95, BGH-5552, BGH-5649, BGH-5472A, BGH-5472C e BGH-5596C, apesar de serem classificados como moderados em plantas jovens (AACPD_r = 0.23), foram resistentes no ensaio em plantas adultas (AACPD_r = 0.14), sendo, portanto, também considerados promissores.

Gomes *et al.* (2020) também estudou o potencial de utilização desse germoplasma ao avaliar 91 acessos do BGH-UFV, no qual os acessos BGH-4610A e BGH-5472A apresentaram elevado potencial para produtividade de sementes e óleo de sementes, e um dos acessos derivados do BGH-5598 apresentou alto teor de carotenoides, corroborando a variabilidade e diversas perspectivas de uso desse germoplasma, agora também promissores para resistência ao oídio.

Com base na percentagem de área foliar doente observada em cada avaliação, as curvas de progresso da doença foram elaboradas para o grupo de subacessos avaliados (geral), para as testemunhas e para o grupo de subacessos selecionados (Figura 4). Pode-se observar que, para esses grupos, as curvas de progressão da doença são distintas em ambas as avaliações fenológicas. Entre o ensaio de plantas jovens e adultas, observou-se que o progresso da doença foi semelhante durante os períodos iniciais de avaliação, todavia foi diferindo nos estágios posteriores, conforme a doença progredia no tempo.

Em geral, as curvas cresceram gradualmente, sendo o avanço mais acentuado nas testemunhas. Nos subacessos resistentes selecionados, esse crescimento foi mais lento, mantendo-se estático em determinados intervalos, o que indica que a resistência limita o desenvolvimento do patógeno. Em campo, também se observou lesões menores e menor produção de esporos nos genótipos mais resistentes ao oídio (menor AACPD_r). Esse conjunto de características, apontam características de resistência quantitativa, ou horizontal, no grupo de subacessos selecionados, por afetar a taxa de desenvolvimento da doença (Camargo 2018). A resistência quantitativa ao oídio tem sido relacionada a mecanismos de resistência pré-haustoriais, os quais atuam impedindo ou reduzindo a formação de haustórios, estrutura que é responsável pela atividade parasitária, não estando esta associada à necrose das células vegetais, com a reação de hipersensibilidade (Pérez-García *et al.* 2009). A resistência quantitativa também tem a característica de ser mais uniforme contra diferentes genótipos do agente causal

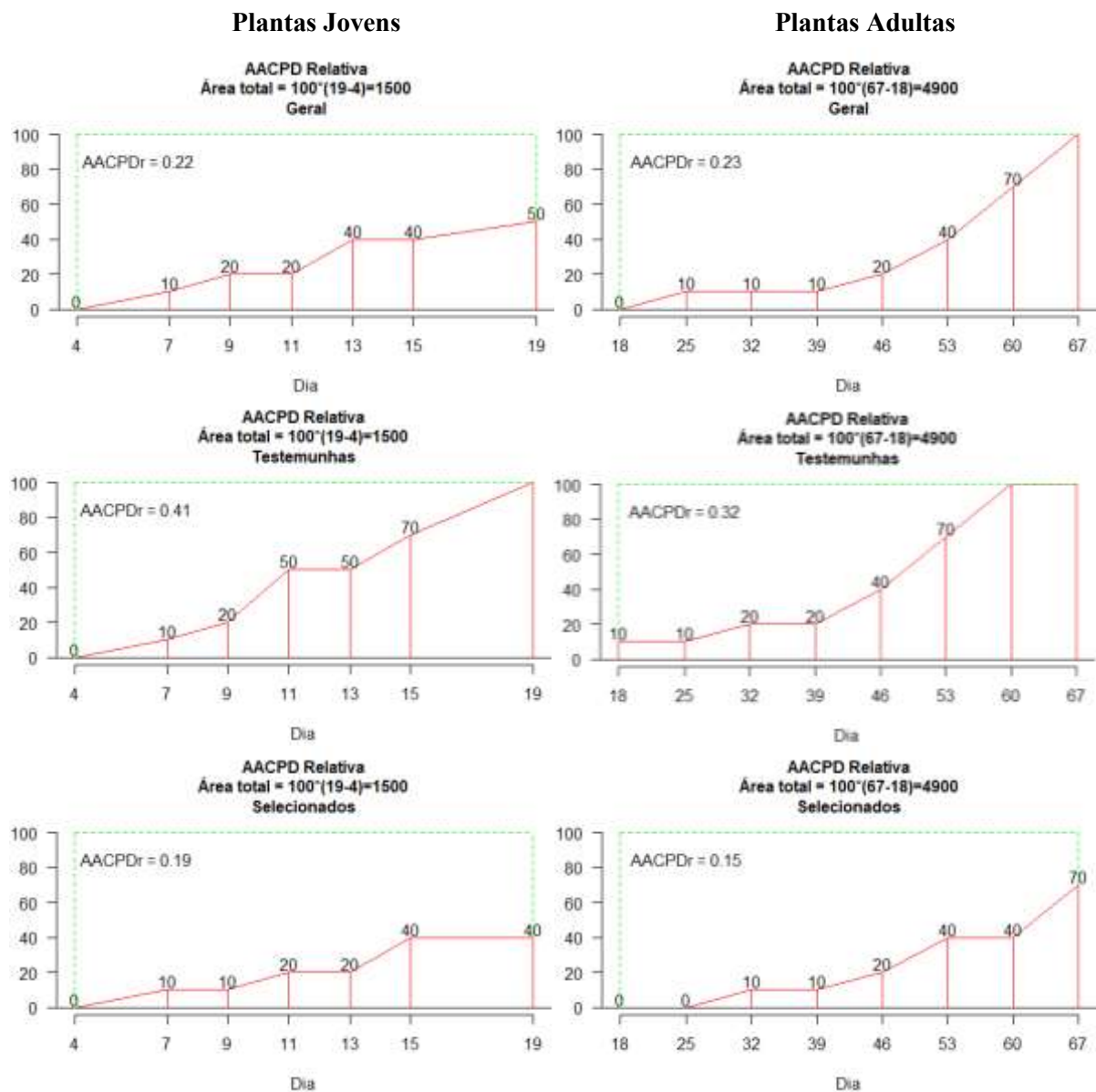


Figura 4 Curvas de progresso do oídio expresso em porcentagem de área foliar doente em função do tempo em plantas jovens e adultas, subacessos de abóbora do Banco de Germoplasma de Hortaliças - UFV, geração S_0 . Viçosa, UFV, 2020.

da doença (Camargo 2018). Assim, a resistência presente nesse conjunto de genótipos também pode ser efetiva contra outras raças fisiológicas de *P. xanthii*. Zhou *et al.* (2010) observaram que a linhagem de *C. moschata* 'Inbred 112-2', altamente resistente ao oídio, apresentou maior densidade estomática e de tricomas, e estômatos menores, em comparação a genótipos susceptíveis ao oídio. Essas características, por se tratarem de estruturas pré-formadas, são justamente ligadas à resistência pré-haustorial, e parecem desempenhar um papel crucial na resistência quantitativa ao oídio em abóboras.

Entre os subacessos resistentes selecionados, a diferença na progressão da doença em relação aos outros grupos se caracteriza a partir dos nove DAI, em plantas jovens, e dos 25

DAI, em plantas adultas (Figura 4). O uso desses subacessos associado ao mínimo de pulverizações com fungicidas, principalmente no final do ciclo vegetativo, quando ocorre a maior progressão da doença, pode ser efetivo no controle do oídio em abóboras. Essa maior progressão observada no final do ciclo da cultura, provavelmente está em função do oídio ser uma doença policíclica e do período prolongado de presença do patógeno em campo, o que permite a produção de inóculos secundários e repetidas infecções e disseminações secundárias, potencializando o avanço da epidemia em campo (Bergamin Filho 2018).

Luitel *et al.* (2016) identificaram 20 acessos promissores (*C. moschata*, *C. maxima* e *Cucurbita* sp.) para resistência ao oídio, em uma caracterização de 218 acessos de abóbora. Kim *et al.* (2014) relataram quatro acessos resistentes (*C. maxima* e *C. moschata*), a partir da caracterização de 248 acessos. Na única avaliação para resistência ao oídio em um germoplasma nacional de *C. moschata* e *C. maxima* do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste Brasileiro, Almeida *et al.* (2018) observaram que os acessos de *C. maxima* eram mais sensíveis à doença, em comparação aos acessos de *C. moschata*. Nesse trabalho, nenhum acesso foi considerado altamente resistente, apenas o acesso de *C. moschata* ‘BGC830’ apresentou resistência moderada, enquanto todos os demais foram susceptíveis ou altamente susceptíveis. Nos ensaios realizados no presente estudo, não se encontrou genótipos imunes ao oídio, mas encontrou-se genótipos que afetam o desenvolvimento da doença, evidenciada pela menor progressão da doença ao longo do tempo no grupo de subacessos selecionados (Figura 4).

Os 15 subacessos S₀ promissores: BGH-95, BGH-117, BGH-315, BGH-1004, BGH-5552, BGH-5649, BGH-1945A, BGH-4610A, BGH-5472A, BGH-5472C, BGH-5556A, BGH-5596A, BGH-5596C, BGH-5598B; e BGH-5616C, propiciam um ganho de seleção para a AACPD_r estimado em 8,83% quando avaliados em plantas jovens e de 29,77% em plantas adultas. A seleção desse grupo de subacessos possibilitam ganhos significativos para a resistência ao oídio.

Esse é um dos primeiros estudos a caracterizar a reação do germoplasma nacional de abóbora ao oídio. Os resultados obtidos revelam que existem significativas fontes de resistência ao oídio raça 2US na coleção de *C. moschata* do BGH - UFV, que subsidiarão o melhoramento genético da cultura para resistência ao oídio.

4. CONCLUSÕES

P. xanthii raça 2US foi identificada pela primeira vez no estado de Minas Gerais, Brasil. Há variabilidade genética entre os subcessos de abóbora quanto à resistência ao oídio. Para seleção de abóboras quanto à resistência ao oídio recomenda-se a avaliação de plantas adultas, no campo.

Os subcessos BGH-95, BGH-117, BGH-315, BGH-1004, BGH-5552, BGH-5649, BGH-1945A, BGH-4610A, BGH-5472A, BGH-5472C, BGH-5556A, BGH-5596A, BGH-5596C, BGH-5598B e BGH-5616C são promissores fontes de resistência à raça 2US de *P. xanthii*.

5. REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, KB; DIAS, RCS; SANTOS, JS; DAMASCENO, AG; SOUZA, FF. 2018. Reação de acessos de *Cucurbita* spp, em condições de infecção natural de oídio. *Anais da XIII Jornada de Iniciação Científica da Embrapa Semiárido*. Petrolina, BR: Embrapa Semiárido. p. 147-152.
- AZEVEDO, AM; ANDRADE JÚNIOR, VC; PEDROSA, CE; FERNANDES, JSC; VALADARES, NR; FERREIRA, MAM; MARTINS, RADV. 2012. Desempenho agrônômico e variabilidade genética em genótipos de couve. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 47: 1751–1758.
- BEDENDO, IP. 2018. Oídios. In: AMORIM, L; REZENDE, JAM; BERGAMIM FILHO, A (eds). *Manual fitopatologia*. v.5. Ouro Fino, BR: Agronômica Ceres. p. 351-354.
- BERGAMIN FILHO, A; AMORIM, L; WILLOCQUET, L; SAVARY, S. 2018. Epidemiologia de doenças de plantas. In: AMORIM, L; REZENDE, JAM; BERGAMIM FILHO, A (eds). *Manual fitopatologia*. v.5. Ouro Fino, BR: Agronômica Ceres. p. 71-84.
- BOITEUX, LS; REIFSCHNEIDER, FJB; PESSOA, HBSV. 1995. Phenotypic expression of quantitative and qualitative components of partial resistance to powdery mildew (*Sphaerotheca fuliginea* race 1) in melon (*Cucumis melo*) germplasm. *Plant Breeding* 114(2): 185–187.
- Confederação da Agricultura e Pecuária do Brasil (CNA). 2017. *Mapeamento e quantificação da cadeia produtiva das hortaliças*. Brasília, BR: CNA. 79p.
- CRUZ, CD. 2016. Programa Genes – Ampliado e integrado aos aplicativos R, Matlab e Selegen. *Acta Scientiarum - Agronomy* 38: 547–552.
- CRUZ, CD; REGAZZI, AJ; CARNEIRO, PCS. 2012. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa, BR: UFV. 514p.
- FAOSTAT. 2020. *Production, Crops*. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#home>. Acessado em 24 Junho, 2022.
- FAZZA, AC. 2006. *Caracterização e ocorrência de agentes causais de oídio em cucurbitáceas no Brasil e reação de germoplasma de meloeiro*. Piracicaba, BR: ESALQ. 60 p (Dissertação).
- FERREIRA, MG; SALVADOR, FV; LIMA, MN; AZEVEDO, AM; LIMA NETO, IS; SOBREIRA, FM; SILVA, DJ. 2016. Parâmetros genéticos, dissimilaridade e desempenho *per se* em acessos de abóbora. *Horticultura Brasileira* 34: 537–546.

FILGUEIRA, FAR. 2008. *Novo manual de olericultura*. Viçosa, BR: UFV. 421p.

GOMES, RS; MACHADO JÚNIOR, R; DE ALMEIDA, CF; CHAGAS, RR; DE OLIVEIRA, RL; DELAZARI, FT; DA SILVA, DJH. 2020. Brazilian germplasm of winter squash (*Cucurbita moschata* D.) displays vast genetic variability, allowing identification of promising genotypes for agro-morphological traits. *Plos One* 15(6): e0230546.

HOLDSWORTH, WL; LAPLANT, KE; BELL, DC; JAHN, MM; MAZOUREK, M. 2016. Cultivar-based introgression mapping reveals wild species-derived Pm-0, the major powdery mildew resistance locus in squash. *Plos One* 11(12): e0167715.

JUNSOPA, C; JOGLOY, S; SAKSIRIRAT, W; SONGSRI, P; KESMALA, T; SHEW, BB. 2017. Association of seedling and adult plant resistance to *Sclerotium rolfsii* in Jerusalem artichoke (*Helianthus tuberosus* L.) under field conditions. *European Journal of Plant Pathology* 151: 251–255.

KAVYA, KR; SHIVAPRIYA, M. 2019. Variability studies in melon (*Cucumis melo* L.) F₂ population of Kashi Madhu x COHB38 for powdery mildew resistance. *International Journal of Applied Sciences and Biotechnology* 7: 407–413.

KIM, SG; RO, NY; HUR, OS; GWAG, JG; HUH, YC; RHEE, JH; SUNG, JS; JUNG, H G; KWON, TR; BAEK, HJ. 2014. Evaluation of powdery mildew resistance in *Cucurbita* spp. *Journal of the Korean Society of International Agriculture* 26: 544-549.

LEMOS, R; SANTOS, R. 1996. *Manual de descrição e coleta de solo no campo Sociedade Brasileira de Ciência do Solo*, 3^a ed. Campinas, BR: Sociedade Brasileira de Ciência do Solo - Centro Nacional de Pesquisa de Solos. 84p.

LUITEL, BP; KIM, SG; SUNG, JS; HUR, OS; YOON, MS; RHEE, JH; BAEK, HJ; RYU, KY; KO, HC. 2016. Screening of pumpkin (*Cucurbita* spp.) germplasm for resistance to powdery mildew at various stages of seedlings growth. *Research in Plant Disease* 22: 133–144.

McGRATH, MT. 2017. Powdery mildew. In: KEINATH, AP.; WINTERMANTEL, WM; ZITTER, TA (eds). *Compendium of cucurbit diseases and insect pests*. St. Paul, US: APS Press. p. 62-64.

MOURA, MCCL; ZERBINI, FM; SILVA, DJH; QUEIROZ, MA. 2005. Reação de acessos de *Cucurbita* sp. ao Zucchini Yellow Mosaic Virus (ZYMV). *Horticultura Brasileira* 23: 206–210.

PARIS, HS. 2017. Genetic resources of pumpkins and squash, *Cucurbita* spp. In: GRUMET, R; KATZIR, N; GARCIA-MAS, J (eds). *Plant Genetics and Genomics of Cucurbitaceae: Crops and Models*. Cham, CH: Springer. p. 111–154.

PÉREZ-GARCÍA, A; ROMERO, D; FERNÁNDEZ-ORTUÑO, D; LÓPEZ-RUIZ, F; VICENTE, A; TORÉS, JA. 2009. The powdery mildew fungus *Podosphaera fusca* (synonym *Podosphaera xanthii*), a constant threat to cucurbits: Pathogen profile. *Molecular Plant Pathology* 10: 153–160.

PRASANTH, K; VARALAKSHMI, B; VENUGOPALAN, R; SRIRAM, S. 2019. Screening of bitter gourd germplasm and advanced breeding lines against powdery mildew. *Indian Phytopathology* 72: 15–22.

PRIORI, D; BARBIERI, RL; MISTURA, CC; VILLELA, JCB. 2018. Caracterização morfológica de variedades crioulas de abóboras (*Cucurbita maxima*) do sul do Brasil. *Revista Ceres* 65: 337–345.

R CORE TEAM. 2022. *R: A language and environment for statistical computing and graphics*. R Foundation for Statistical Computing. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acessado em 12 Maio, 2022.

RABELO, HO; SANTOS, LS; DINIZ, GMM; MARIN, MV; BRAZ, LT; MCCREIGHT, JD. 2017. Cucurbits powdery mildew race identity and reaction of melon genotypes. *Pesquisa Agropecuária Tropical* 47(4): 440–447.

REIS, A; BUSO, JA. 2004. Levantamento preliminar de raças de *Sphaerotheca fuliginea* no Brasil. *Horticultura Brasileira* 22(3): 628–631.

SHARMA, S; KUMAR, R; SHARMA, HR. 2017. Studies on variability, heritability and genetic gain in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Indian Journal of Ecology* 44: 829–833.

SHASHIKUMAR, KT; PITCHAIMUTHU, M; RAWAL, RD. 2016. Quantitative analysis of resistance to powdery mildew in adult melon plants. *International Journal of Agricultural Science and Research* 6: 415–422.

TADESSE, W; REENTS, HJ; HSAM, SLK; ZELLER, FJ. 2011. Relationship of seedling and adult plant resistance and evaluation of wheat germplasm against tan spot (*Pyrenophora tritici-repentis*). *Genetic Resources and Crop Evolution* 58: 339–346.

TETTEH, AY; WEHNER, TC; DAVIS, AR. 2013. Inheritance of resistance to powdery mildew race 2 in *Citrullus lanatus* var. *lanatus*. *HortScience* 48: 1227–1230.

YUSTE-LISBONA, FJ; LÓPEZ-SESÉ, AI; GÓMEZ-GUILLAMÓN, ML. 2010. Inheritance of resistance to races 1, 2 and 5 of powdery mildew in the melon TGR-1551. *Plant Breeding* 129(1): 2–75.

ZHOU, YL; XIE, XW; XU, MR.; ZANG, JP; ZHU, LH; XU, JL; LI, ZK. 2012. Genetic overlap in the quantitative resistance of rice at the seedling and adult stages to *Xanthomonas*

oryzae pv. *oryzae*. *Journal of Plant Biology* 55: 102–113.

ZHOU, J; HU, H; LI, X; ZHOU, R; ZHANG, H. 2010. Identification of a resource of powdery mildew resistance in *Cucurbita moschata*. *Acta Horticulturae* 871: 141–146.

CAPÍTULO 2
Seleção de progênies de abóbora promissoras quanto à resistência ao oídio e agronomicamente superiores.

RESUMO

DA SILVA, Francisco Davi, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2022. **Seleção de progênies de abóbora promissoras quanto à resistência ao oídio e agronomicamente superiores.** Orientador: Carlos Nick Gomes.

O oídio é uma doença mundialmente disseminada e que afeta a produção de cucúrbitas, ocorrendo em todas as áreas cultivadas com essas espécies, podendo causar prejuízos à produtividade e à qualidade dos frutos. A partir da avaliação de subacessos de abóbora (*Cucurbita moschata*) conservados no Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV (BGH-UFV) foram identificados genótipos promissoras quanto à resistência ao oídio, os quais foram autofecundados para obtenção da geração S₁. Tendo em vista, o potencial de uso desses genótipos no melhoramento para resistência ao oídio da cultura, teve-se como objetivo avaliar a resistência ao oídio e caracteres morfoagronômicos, visando à seleção de genótipos agronomicamente superiores. Foram avaliadas 23 progênies S₁, tendo duas cultivares comerciais como testemunhas. O delineamento experimental inteiramente casualizado, com oito repetições, foi utilizado para avaliação da resistência em plantas jovens, e o delineamento de blocos casualizados, com cinco repetições, tanto para avaliação da resistência em plantas adultas quanto para avaliação morfoagronômica por meio de caracteres relacionados ao porte, florescimento e frutificação. Foi constatada diferença significativa entre os genótipos para a reação ao oídio e para todos os caracteres morfoagronômicos. Essa variabilidade foi confirmada no estudo de diversidade, pelo método UPGMA, que agrupou o conjunto de genótipos em seis grupos distintos. Em geral, por meio do estudo de correlações, os genótipos mais resistentes ao oídio são mais tardios, menos compactos e possuem menor teor de sólidos solúveis nos frutos. Pela seleção simultânea de caracteres, usando o índice FAI, foram identificadas as progênies S₁ BGH-1004.5, BGH-4610.3, BGH-5616C.5 e BGH-5598B.3 como os mais promissoras, com ganhos expressivos para a maioria dos caracteres considerados na seleção, de acordo com os objetivos de melhoramento da cultura. Esses genótipos têm grande potencial para desenvolvimento de cultivares com elevada resistência ao oídio.

Palavras-chave: *Cucurbita moschata*, *Podosphaera xanthii*, resistência genética de plantas, genótipos superiores, índice de seleção.

ABSTRACT

DA SILVA, Francisco Davi, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, August, 2022. **Selection of pumpkin progenies promising for resistance to powdery mildew and agronomically superior.** Adviser: Carlos Nick Gomes.

Powdery mildew is a worldwide disseminated disease that affects the production of cucurbits, occurring in all areas cultivated with these species, which can cause damage to productivity and fruit quality. From the evaluation of pumpkin (*Cucurbita moschata*) subaccessions conserved in the Vegetable Germplasm Bank of the UFV (BGH-UFV), promising genotypes regarding powdery mildew resistance were identified, which were self-fertilized to obtain the S₁ generation. Considering the potential use of these genotypes in breeding for resistance to powdery mildew of the crop, the objective was to evaluate the resistance to powdery mildew and morphoagronomic characters, aiming at the selection of agronomically superior genotypes. Twenty-three S₁ progenies were evaluated, with two commercial cultivars as controls. The completely randomized design, with eight replications, was used to evaluate the resistance in young plants, and the randomized block design, with five replications, both for the evaluation of the resistance in adult plants and for the morphoagronomic evaluation through characters related to size, flowering and fruiting. A significant difference was found between the genotypes for the reaction to powdery mildew and for all morphoagronomic characters. This variability was confirmed in the diversity study, using the UPGMA method, which grouped the set of genotypes into six distinct groups. In general, through the study of correlations, the genotypes more resistant to powdery mildew are later, less compact and have a lower content of soluble solids in the fruits. By the simultaneous selection of characters, using the FAI index, the progenies S₁ BGH-1004.5, BGH-4610.3, BGH-5616C.5 and BGH-5598B.3 were identified as the most promising, with significant gains for most of the characters considered in the selection, according to the objectives of crop improvement. These genotypes have great potential for developing cultivars with high resistance to powdery mildew.

Keywords: *Cucurbita moschata*, *Podosphaera xanthii*, genetic resistance of plants, superior genotypes, selection index.

1. INTRODUÇÃO

As espécies hortícolas do gênero das cucúrbitas são culturas importantes em todo mundo, particularmente nos países asiáticos, mediterrâneos e americanos. Em 2020, o gênero *Cucurbita* produziu 28 milhões de toneladas de frutos, em cerca de 2 milhões de hectares cultivados (FAOSTAT 2022).

No Brasil, dentre as 24 espécies do gênero, uma das mais exploradas é a *C. moschata* (Priori *et al.* 2018). Essa espécie tem grande importância socioeconômica, em função do alto volume produzido, do valor de sua comercialização, da geração de emprego e renda na cadeia produtiva da cultura, e do valor nutricional de seus frutos e sementes. É comumente cultivada em condições de baixo nível tecnológico, principalmente em regiões menos desenvolvidas, em sistemas de agricultura familiar, o que a torna essencial para a dieta e a segurança alimentar da população dessas regiões (Gomes *et al.* 2020; Cardoso & Souza Neto 2016).

Dentre as doenças que acometem as cucúrbitas, o oídio é uma das mais disseminadas e prejudiciais do mundo (Guo *et al.* 2018; Holdsworth *et al.* 2016), e atinge um grande número de cucurbitáceas. Uma das formas de controle mais eficientes e sustentáveis de doenças é pelo uso da resistência genética, na medida em que contribui para maiores rendimentos das culturas, melhor qualidade e baixas aplicações de fungicidas (Pérez-García *et al.* 2009).

C. moschata é provavelmente a espécie mais polimórfica dentre as cucúrbitas (Paris 2017), comumente expressando alta variabilidade genética em todas as regiões onde é cultivada (Barboza *et al.* 2012; De Lima *et al.* 2016; Ferreira *et al.* 2016; Hernández-Rosales *et al.* 2020). A alta variabilidade de *C. moschata* e a capacidade de estabelecer cruzamentos com outras espécies do gênero permitiram que uma série de caracteres dessa espécie fosse introgridos em *C. maxima* (Ara *et al.* 2013; Karaağaç & Balkaya 2013; Uretsky & Loy 2017) e em *C. pepo* (Holdsworth *et al.* 2016). Portanto, de forma geral, o melhoramento dessa espécie também contribui para o melhoramento das cucúrbitas.

O BGH-UFV possui mais de 500 acessos de *Cucurbita*, tendo 273 acessos de *C. moschata*. Esse banco de germoplasma é um dos maiores do país para as espécies do gênero, e constitui uma fonte promissora de genes para melhoramento de características de importância econômica das abóboras como para resistência a doenças (Moura *et al.* 2005), produção (Ferreira *et al.* 2016; Gomes *et al.* 2020), porte (Oliveira *et al.* 2021) e qualidade de frutos e sementes (Gomes *et al.* 2020, 2022; Sobreira 2013; Lima Neto 2013).

Na coleção de genótipos conservados no BGH-UFV, identificaram-se os subacessos S₀: BGH-95, BGH-117, BGH-315, BGH-1004, BGH-5552, BGH-5649, BGH-1945A, BGH-

4610A, BGH-5472A, BGH-5472C, BGH-5556A, BGH-5596A, BGH-5596C, BGH-5598B, BGH-5616C como promissoras fontes de resistência ao oídio (Capítulo 1). Como existe a possibilidade da resistência não estar em homozigose nos genótipos selecionados, genótipos promissores foram autofecundados, produzindo a geração S₁. Tendo em vista o potencial de uso desses genótipos no melhoramento para resistência ao oídio, o objetivo do presente estudo foi avaliar a resistência ao oídio e caracteres morfoagronômicos, estimar as correlações e a contribuição relativa dos caracteres estudados, analisar a variabilidade e selecionar genótipos agronomicamente superiores dentre as progênes S₁ de abóboras.

2. METODOLOGIA

2.1. Germoplasma

Foram avaliadas 23 progênes S₁ promissoras para resistência ao oídio do BGH-UFV, provenientes da autofecundação dos subacessos S₀: BGH-95, BGH-117, BGH-315, BGH-1004, BGH-5552, BGH-5649, BGH-1945A, BGH-4610A, BGH-5472A, BGH-5472C, BGH-5556A, BGH-5596A, BGH-5596C, BGH-5598B, BGH-5616C. Duas cultivares comerciais de abóbora: Maranhão da Feltrin Sementes e Tetsukabuto Takayama da Agristar do Brasil, foram utilizadas como testemunhas.

2.2. Local e condições experimentais

O experimento foi conduzido na unidade de ensino, pesquisa e extensão “Horta Velha” do Departamento de Agronomia (200°45’14’’S, 420°52’53’’O, 648,74 m de altitude), da Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brasil.

O experimento em plantas jovens, para análise da resistência em estágio inicial de desenvolvimento, foi conduzido no laboratório de sementes de hortaliças. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado, com oito repetições. As plantas foram produzidas em casa de vegetação em copos de poliestireno, com volume de 500 mL, usando substrato comercial MecPlant – Horta 2 (MH2). Com 28 dias após semeio (DAS) as plantas foram transferidas para o laboratório de sementes de hortaliças. O experimento ocorreu no período de 02 de março de 2021 a 17 de abril de 2021, com temperatura média de 22±1 °C e umidade relativa média variando de 74 a 89%.

O experimento em plantas adultas, para análise da resistência em condições de campo e para avaliação morfoagronômica, utilizou o delineamento em blocos ao acaso com cinco

repetições. Cada parcela foi constituída por três plantas, sendo avaliada apenas a planta interna. A área utilizada foi de 0.30 hectare. As mudas foram produzidas em tubetes 280 mL preenchidos com substrato MH2, as quais foram transplantadas 37 dia após a semeadura (DAS). O solo argilo-arenoso (Lemos & Santos 1996) foi previamente preparado por meio de gradagem e coveamento. A calagem e adubação (de plantio e duas coberturas) foram feitas por cova, seguindo as recomendações para a cultura no estado de Minas Gerais, a partir da análise química do solo. Foi utilizado um espaçamento mais adensado, de 3 m entre plantas e 3 m entre fileiras, para favorecer a disseminação da doença em campo. O trato cultural de penteamento foi utilizado sempre que observado o entrelaçamento entre as plantas, para não criar dificuldades na avaliação individual de cada planta. A irrigação foi feita individualmente, sempre próximo à base de cada planta, com uso de mangueira, para evitar o molhamento foliar e não afetar o desenvolvimento da doença na parte aérea. Nenhum tratamento fitossanitário foi utilizado na área experimental durante a realização do experimento. O experimento ocorreu no período de 06 de abril de 2021 a 19 de agosto de 2020, com temperatura média de 17 ± 2 °C, umidade relativa variando de 58 a 91%, e precipitação acumulada de 83.4 mm.

2.3. Inoculação e avaliação da resistência

A fonte de inóculo do patógeno utilizados para inoculação foi obtida a partir do cultivo de plântulas da cultivar Maranhão, em gaiola de criação, infectadas com oídio a partir da coleta em campo de folhas de abóbora com sintomas típicos da doença. O patógeno foi confirmado a partir da observação, em microscópio óptico, de corpos de fibrosina nos conídios, marcador morfológico típico de *P. xanthii*. A raça fisiológica conforme identificação por um conjunto de nove diferenciadoras de *Cucumis melo* foi definida como sendo a raça 2US (Capítulo 1).

A inoculação foi feita a partir da deposição de esporos e do contato entre plantas sadias e as plantas colonizadas por oídio (com folhas e ramos cobertos por conídios e micélio), obtidas na gaiola de criação, em uma proporção de 15 plantas sadias inoculadas para uma hospedeira susceptível infestada.

No experimento com plantas jovens, a inoculação foi feita aos 28 DAS, com pelo menos três folhas verdadeiras expandidas. A avaliação em plantas jovens foi feita por escala visual (Figura 1) em três folhas verdadeiras expandidas aos 4, 7, 9, 11, 13 e 19 dias após a inoculação (DAI), de acordo com a metodologia descrita por Luitel *et al.* (2016).

No experimento em campo, a avaliação seguiu a metodologia descrita acima, porém com alterações para adaptar-se a avaliação de plantas adultas. A inoculação foi realizada

somente quando as plantas já estavam bem estabelecidas em campo, 30 dias após transplante (DAT). Esse processo foi repetido após uma semana para assegurar a infecção, tendo em vista condições ambientais não controláveis. As avaliações iniciaram-se a partir dos 18 DAI e foram repetidas semanalmente até os 67 DAI, considerando a planta toda na avaliação da severidade da doença.

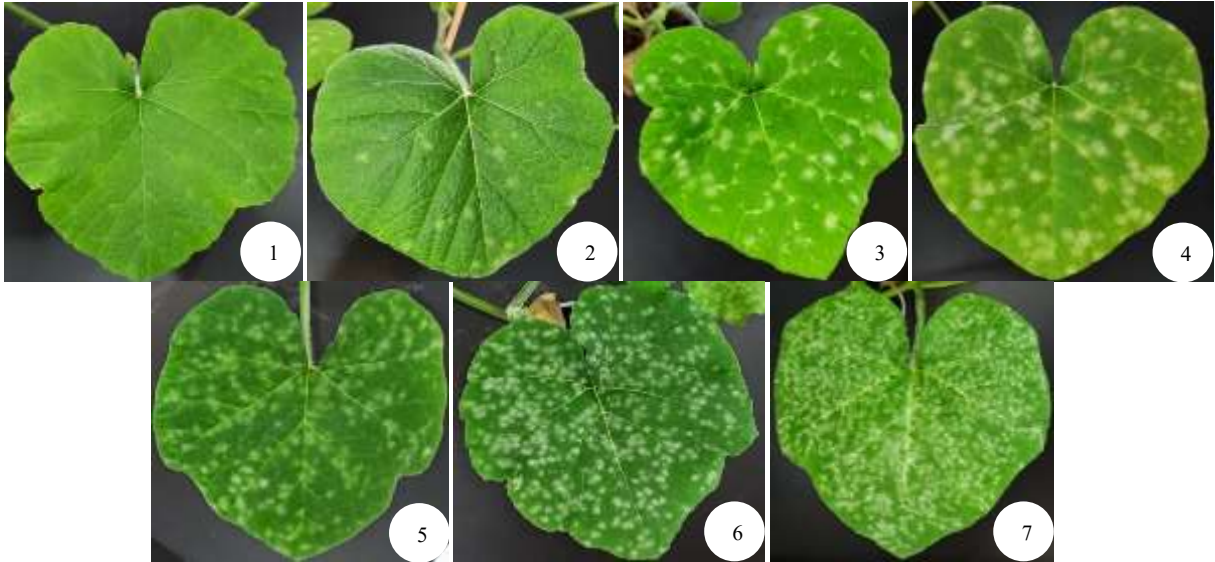


Figura 1 Escala de oídio (1–7) utilizada para registrar a severidade da doença em abóbora *C. moschata*. 1 = 0%, 2 \geq 10%, 3 \geq 20%, 4 \geq 40%, 5 \geq 50%, 6 \geq 70%, 7 \geq 90%. Viçosa, UFV, 2021.

A área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) foi estimada, a partir do conjunto de dados, pela seguinte equação:

$$\text{AACPD} = (T_{i+1} - T_i) \times \left[\frac{D_{i+1} + D_i}{2} \right]$$

Onde: **T** é o tempo em dias da observação e **D** é a porcentagem estimada de área de oídio infectado em sua observação.

Com as AACPDs estimadas para cada intervalo, obteve-se a AACPD relativa em plantas jovens (AACPD_{rJ}) e adultas (AACPD_{rA}). Esse parâmetro é um resumo da avaliação acumulada da doença, variando de zero a um, obtido pela equação:

$$\text{AACPD}_r = \frac{\sum (T_{i+1} - T_i) \times \left[\frac{D_{i+1} + D_i}{2} \right]}{(T_{\text{Total}}) \times 100}$$

Onde: **T** é o tempo em dias da observação, **D** é a porcentagem estimada de área de oídio infectado em sua observação e **T_{Total}** é tempo total em dias da avaliação.

2.4. Avaliação morfoagronômica

Além da avaliação da resistência em campo, foram utilizados descritores morfológicos para porte, florescimento e frutos, recomendados pelo *Bioversity International*, com alterações na avaliação morfoagronômica de progênies S₁ em campo, totalizando 28 caracteres (Tabela 1).

Tabela 1 Caracteres morfoagronômicos avaliados em progênies S₁ promissoras quanto à resistência ao oídio. Viçosa, UFV, 2021.

Caracteres avaliados	
Porte	Florescimento
Antes do florescimento feminino	Comprimento do pedicelo da flor masculina (CPM)
Comprimento do ramo principal (CRA)	Comprimento do pedicelo da flor feminina (CPF)
Número de entrenós (NEA)	Graus-dia acumulados para o florescimento masculino (GDAM)
Comprimento médio de entrenós (CMEA)	Graus-dia acumulados para o florescimento feminino (GDAF)
Diâmetro de entrenós (DEA)	
Após o florescimento feminino	Frutos
Comprimento do ramo principal (CRD)	Comprimento (CF)
Número de entrenós (NED)	Diâmetro maior (DM)
Comprimento médio de entrenós (CMED)	Diâmetro transversal da cavidade interna (DTCI)
Diâmetro de entrenós (DED)	Diâmetro longitudinal da cavidade interna (DLCI)
Ramo total	Espessura média da casca (EMC)
Comprimento do ramo principal (CRT)	Espessura média da polpa (EMP)
Número de entrenós (NET)	Sólidos solúveis totais (SST)
Comprimento médio de entrenós (CMET)	Carotenoides totais (CTA)
Diâmetro de entrenós (DET)	Luteína (LUT)
	Massa do fruto (MF)
	Prolificidade (PROL)

As avaliações de porte foram divididas em dois intervalos (antes e depois da primeira flor). O primeiro intervalo considerado foi da base até a primeira flor feminina, e o segundo intervalo foi da primeira flor feminina até o final da rama. Todas as medições relacionadas aos frutos foram realizadas em um fruto de cada repetição.

As medidas de comprimento, largura, diâmetro ou espessura foram obtidas usando trena (CRA, CRD, CRT), régua (CPM, CPF, CF, DM, DTCI, DLCI) ou paquímetro (DEA, DED, DET, EMC, EMP). Os diâmetros dos entrenós foram mensurados no terceiro entrenó de cada intervalo. Os comprimentos médios dos entrenós (CMEA, CMED, CMET) foram obtidos pela razão do comprimento da rama e o número de entrenós correspondentes. O número de entrenós (NEA, NED, NET) e o número de frutos por planta (PROL) foram obtidos pela contagem.

Para obter MF foi utilizada balança analítica. A avaliação de EMC, EMP, SST, CTA e LUT foi feita em duplicata, uma em cada lado equidistante do fruto, cortado longitudinalmente, e obtida a média em cada repetição. Para determinação do teor de SST da polpa dos frutos foi utilizado refratômetro digital (Hanna Instruments). As estimativas do teor de CTA e LUT foram obtidas pelas seguintes equações:

$$\text{CTA} = 6.1226 + 1.7106a$$

$$\text{LUT} = -6.3743 + 2.2418C$$

Onde: a é a contribuição do vermelho e C é a saturação, parâmetros obtidos por meio de colorímetro manual (Konica Minolta).

As estimativas dos graus dias (GDAM e GDAF) foram realizadas utilizando dados da estação meteorológica automática (Viçosa A510). Os graus dias acumulados foram obtidos pela soma dos graus dias do período entre a semeadura (06 de abril de 2021) até o florescimento. Para a estimativa dos graus dias (GD) foram consideradas três situações dependentes das condições climáticas locais, segundo Souza *et al.* (2015):

$$\text{GD 1} = \frac{(TM - Tm)}{2} + (Tm - Tb) \quad 1: TB > TM > Tm > Tb$$

$$\text{GD 2} = \frac{(TM - Tb)^2}{2(TM - Tm)} \quad 2: TB > TM > Tb \geq Tm$$

$$\text{GD 3} = \frac{1}{2} \frac{(TM - Tb)^2 - (TM - TB)^2}{(TM - Tm)} \quad 3: TM > TB > Tb > Tm$$

Onde: TM é a temperatura máxima diária (°C), Tm é a temperatura mínima diária (°C), TB é temperatura máxima basal de 35 °C e Tb é temperatura mínima basal de 12 °C.

2.5. Análises estatísticas

Os dados fenotípicos obtidos foram analisados pela metodologia de modelo mistos, usando os procedimentos baseados nas previsões de máxima verossimilhança restrita (REML) e na melhor predição linear imparcial (BLUP), pelos seguintes modelos genético-estatísticos, respectivamente, para plantas jovens e adultas:

$$y = Xu + Zg + e \quad (\text{modelo 83})$$

$$y = Xb + Zg + e \quad (\text{modelo 96})$$

Onde: y é o vetor de dados, u é o escalar referente à média geral (efeito fixo), b é o vetor dos efeitos de blocos (fixo) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos dos genótipos (aleatório), e é o vetor de erros (aleatório). X e Z são as matrizes de incidência para os efeitos u, b e g respectivos, com o vetor de dados y.

Desse modo, foram obtidos os componentes de variância, parâmetros genético-estatísticos (herdabilidade no sentido amplo, acurácia de seleção, coeficientes de variação genotípica, residual e relativa) e os valores genotípicos, estes usados em todas as análises subsequentes. Os efeitos de genótipos foram testados pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), com nível de significância de 1% de acordo com o teste Qui-quadrado, com um grau de liberdade. Essas análises foram realizadas no *software* Selegen REML/BLUP (Rezende 2007). E, para os parâmetros de avaliação da resistência (AACPD_{rJ} e AACPD_{rA}), foram feitos os agrupamentos dos genótipos pelo método de Scott-Knott.

A análise de correlação entre as características, com base na matriz de correlações genéticas, e a significância das correlações ($p \leq 0.01$) foram estimadas utilizando o pacote *corrplot* (Wei & Simko 2021) na plataforma R (R Core Team 2017).

A análise de componentes principais (PCA) foi utilizada para determinação da importância relativa de caracteres. A partir da PCA, foi obtido o *Variable Correlation Plot*, procedimento que aglutina as análises de importância de caracteres e suas correlações. Com base no critério de Jolliffe, foram identificados os caracteres de maiores pesos nos últimos autovetores da PCA. Esses são considerados as características de menor importância para explicar a variabilidade e, portanto, são passíveis de descarte (Cruz *et al.* 2012). Para tanto, foram usados os pacotes *FactoMineR* (Lê *et al.* 2008) e *factoextra* (Kassambara & Mundt 2020) na plataforma R (R Core Team 2022).

Para as análises de variabilidade foi obtida a distância genética entre todos os pares de genótipos por meio da distância euclidiana média padronizada, com o auxílio do aplicativo *Genes* (Cruz 2016). Com a matriz obtida foi construído o mapa de calor com base no método de agrupamento da ligação média entre grupos (UPGMA). A determinação do número de grupos foi obtida pelo método de Mojena com o valor de $k=1.25$. Foram utilizados os pacotes *STAT* (Bolar 2019) e *gplots* (Warnes *et al.* 2022).

Por fim, foi empregado o índice de seleção FAI, desenvolvidos por Rocha *et al.* (2018), para selecionar as progênies com maior resistência ao oídio e com características morfoagronômicas desejáveis e estimar os ganhos genéticos para os caracteres considerados.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Avaliação da resistência ao oídio (*P. xanthii* raça 2US)

Os resultados do LRT mostram que a reação ao oídio em plantas jovens e em plantas adultas apresentam efeitos genéticos significativos ($p \leq 0.01$) (Tabela 2). Isso indica a existência de variabilidade entre os genótipos e a possibilidade de seleção de genótipos resistentes ao oídio com ganhos genéticos, reafirmando o potencial genético do conjunto de genótipos estudados para essa característica.

As estimativas obtidas dos coeficientes da variância mostram maior variação genotípica (37.23 %) e menor variação residual (21.13 %) em plantas adultas, apresentando coeficiente de variação relativa (CVg/CVe) superior a um, o que indica situação favorável ao processo de seleção. Isso também é observado em plantas jovens, no entanto, a CVg/CVe é menor, em função da menor variação genotípica (27.96 %) e maior variação residual (25.04 %) estimados para essa fase de desenvolvimento. O mesmo acontece com as estimativas de herdabilidade (h^2) iguais a 0.55 em plantas jovens e 0.76 em plantas adultas. Isso reforça que a avaliação de plantas de *C. moschata* adultas, e em campo, para a resistência ao oídio é mais adequada, apresentando maior oportunidade de seleção em comparação com estágios iniciais, o que corrobora com Luitel *et al.* (2016), que recomendam a avaliação em campo para confirmar resultados obtidos em plântulas.

Tabela 2 Deviance e teste de razão de verossimilhança (LRT) para AACPD_r em progênie de *C. moschata* promissoras quanto à resistência ao oídio, geração S₁. Viçosa, UFV, 2021.

AACPD relativa					
Plantas Jovens			Plantas Adultas		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	-646.84	90.03**	Genótipo	-609.60	102.12**
Completo	-736.87		Completo	-711.72	
σ_g^2	0.00448**		σ_g^2	0.001513**	
σ_e^2	0.003594		σ_e^2	0.000488	
CVg (%)	27.96		CVg (%)	37.23	
CVe (%)	25.04		CVe (%)	21.13	
CVg/CVe	1.11		CVg/CVe	1.76	
h^2	0.55		h^2	0.76	
μ	0.24		μ	0.10	

** 1% de significância de acordo com o teste Qui-quadrado; σ_g^2 Variância genética; σ_e^2 Variância residual; CVg Coeficiente de variação genético; CVe Coeficiente de variação residual; CVr Coeficiente de variação relativo; h^2 Herdabilidade no sentido amplo; μ Média.

A AACPD_r variou de 0.11 a 0.40 em plantas jovens e de 0.05 a 0.25 em plantas adultas, apresentando correlação de Pearson significativa de 0.58 ($p \leq 0.01$) entre as fases. Segundo Luitel *et al.* (2016), os genótipos com médias da AACPD_r ≤ 0.20 são classificados como resistentes, ≤ 0.40 moderados e > 0.50 suscetíveis. Essa classificação foi utilizada para classificação de genótipos de *C. moschata* em estágio de plântulas, e se mostrou adequada para tal. No entanto, em plantas adultas, e para as condições experimentais do presente estudo, não

representou adequadamente o nível de resistência ou de susceptibilidade encontrados em campo, possivelmente por ter sido desenvolvida para a avaliação de plantas jovens de *C. moschata*. Com base nas observações e resultados obtidos em campo, em futuros estudos envolvendo a avaliação da resistência ao oídio em campo de genótipos de *C. moschata*, em períodos prolongados, sugere-se as seguintes classes: resistente (AACPD_r < 0.15), moderado (AACPD_r < 0.25) e susceptível (AACPD_r ≥ 0.25), para uma melhor categorização da resistência em campo.

Pelo teste de agrupamento de médias dos genótipos pelo teste de Scott-Knott, houve diferenças significativas a 5% de significância em ambos estágios de avaliação. Pelos resultados obtidos, é possível separar as 21 progêneses S₁ e as testemunhas em 5 grupos distintos (a, b, c, d, e), em plantas jovens. Já em plantas adultas, as 23 progêneses S₁ e as testemunhas estão em 3 grupos distintos (a, b, c) (Figura 2).

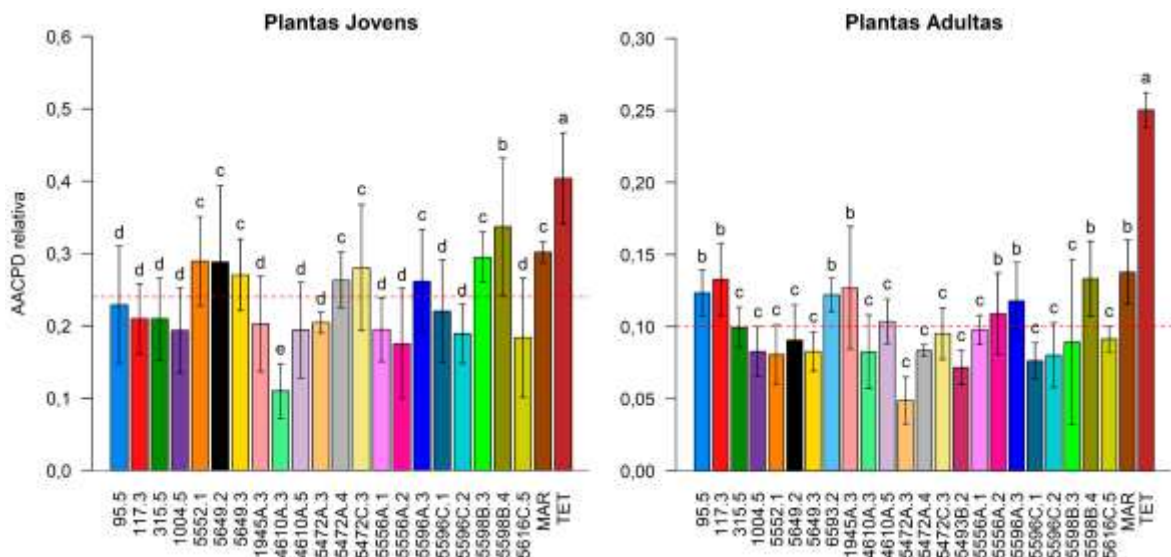


Figura 2 Média, desvio padrão e agrupamento Scott-Knott da AACPD_r (mesma letra representa o mesmo grupo) em plantas jovens e adultas em progêneses de *C. moschata* promissoras quanto à resistência ao oídio (geração S₁) e testemunhas.

Os genótipos agrupados nos primeiros grupos apresentam as maiores estimativas da AACPD_r e, portanto, são mais susceptíveis ao oídio, e os últimos grupos, com menor AACPD_r, são os mais resistentes a essa doença.

A testemunha Tetsukabuto (TET) foi o genótipo mais susceptível em ambas as avaliações, isolado no grupo “a”, com AACPD_r de 0.40 e 0.26, respectivamente (Figura 3). A progênie BGH-5598B.4 foi a mais susceptível das progêneses S₁, com AACPD_r de 0.34 em plantas jovens, estando isolado no grupo “b”, sendo até mais susceptível do que a testemunha Maranhão (MAR), e de 0.13 em plantas adultas, alocado junto com essa testemunha no grupo “b”. Em plantas jovens, a progênie S₁ mais resistente foi o BGH-4610A.3, isolado no grupo “e”

com média de 0.11. Em plantas adultas, foi a progênie BGH-5472A.3, alocado no grupo “c” com média de 0.05 (Figura 3).

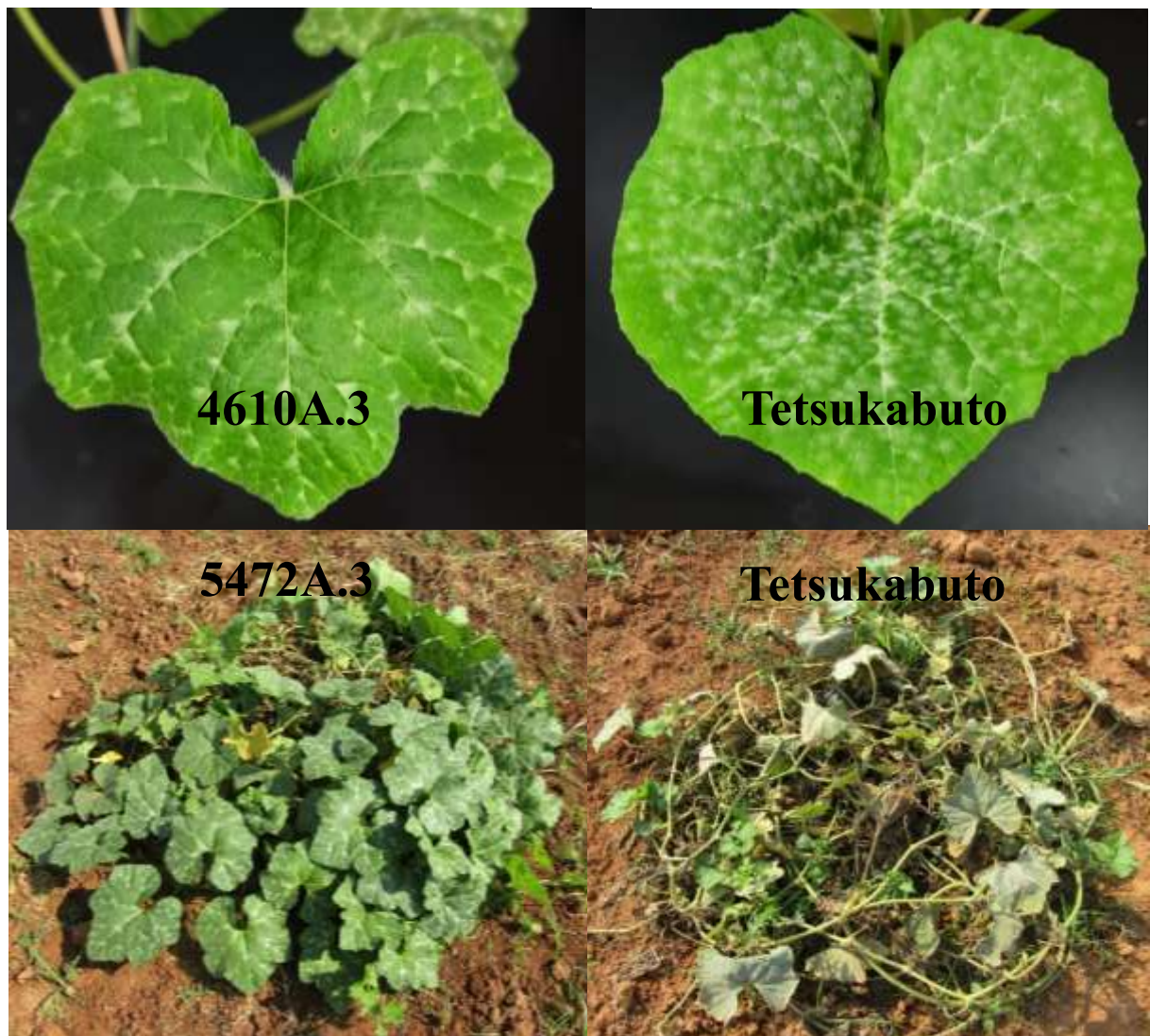


Figura 3 Padrão de reação ao oídio apresentado pela progênie mais resistente e pela testemunha mais susceptível em plantas jovens e em adultas.

A progênie BGH-5552.1 foi o que apresentou a maior variação para AACPD_r entre plantas jovens e adultas, com uma diferença da magnitude de 0.21, enquanto a progênie BGH-4610A.3 apresentou a menor variação (0.03). Observa-se, de acordo com o momento de avaliação, que houve grande variação na expressão da resistência para alguns genótipos, por exemplo no BGH-5552.1, enquanto para outros não, como é o caso do BGH-4610A.3 (Figura 2).

No contexto da fisiologia do parasitismo, essa variação pode estar relacionada a expressão de mecanismos de resistência estruturais e/ou bioquímicos, pré ou pós-formados, afetados tanto pela idade da planta quanto pelo genótipo avaliado (Pascholati & Dalio 2018),

ou seja, genótipo-dependente. Na cucurbitácea *Momordica charantia* isso também foi observado, apresentando maior ou menor variação dependendo do genótipo, na resistência ao oídio em diferentes estádios de desenvolvimento (Prasanth *et al.* 2019). Isso configura um cenário que dificulta o melhoramento para a resistência ao oídio nessa cultura, pois a avaliação de apenas um estágio de desenvolvimento pode não ser totalmente assertiva.

A interação patógeno-hospedeiro é governada pelos respectivos potenciais genéticos das partes, e pelas condições fisiológicas e ambientais presentes durante o estabelecimento dessa interação. Com a coincidência de condições críticas nas partes temos o desenvolvimento da doença (Camargo 2018). Portanto, para quebrar essa interação, deve-se impedir que ocorra a coincidência das condições críticas para o desenvolvimento da doença.

Plantas que apresentam variação na resistência em função do estágio fenológico, oferecem a oportunidade de ocorrer a coincidência dessas condições críticas e o estabelecimento da doença, geralmente, provocando mais danos quando a susceptibilidade é mais pronunciada em plantas jovens. Nessa fase, o estabelecimento da doença pode comprometer todo o ciclo da cultura e inviabilizar a produção. A seleção de genótipos mais estáveis é essencial para uma estratégia eficaz de controle genético de doenças.

3.2. Avaliação morfoagronômica das progênes S₁

Além da resistência a doenças, para obter materiais genéticos agronomicamente superiores, também é necessário que estes reúnam uma série de outros atributos, por exemplo características vegetativas que permitam adensamento, precocidade, produtividade e qualidade dos frutos. Isso é extremamente importante em espécies hortícolas, devido às exigências para aceitação do produto pelos produtores e consumidores. Caso isso não seja atendido, existe o risco do produto desenvolvido com foco em apenas uma ou poucas características ser rejeitado (Cruz *et al.* 2012). Nesse sentido, uma série de caracteres foram avaliados nas plantas em campo, e foram estimados componentes de variância e parâmetros genético-estatísticos (Tabela 3).

Todas as estimativas dos componentes de variância genotípica foram significativas ($p \leq 0.01$) pelo LRT (Tabela 3). As maiores estimativas dos componentes de variância genotípica foram associadas ao comprimento do ramo principal (CRA, CRD e CRT) e aos graus-dias

Tabela 3 Componentes de variância e parâmetros genético-estatísticos de 28 caracteres morfoagronômicos em progênies de *C. moschata* promissoras para resistência ao oídio (geração S₁) e testemunhas. Viçosa, UFV, 2021.

Caractere	σ_g	σ_e	h^2	A	AF	μ	CV _g	CV _e	CV _g /CV _e
CRA	2485.75**	2831.68	0.47	0.90	46-410	217.45	22.93	24.47	0.94
NEA	12.1217**	8.0775	0.60	0.94	4.67-27	16.51	21.08	17.21	1.23
DEA	0.3962**	0.5791	0.41	0.88	6.17-11.09	8.82	7.14	8.63	0.83
CMEA	3.10**	5.4492	0.36	0.86	6.69-29.98	13.12	13.42	17.79	0.75
CRD	8237.70**	3440.39	0.71	0.96	70-789.67	264.04	34.37	22.21	1.55
NED	13.1636**	12.4192	0.51	0.92	9-39.33	21.16	17.14	16.65	1.03
DED	0.8560**	0.3765	0.69	0.96	6.75-11.59	8.68	10.66	7.07	1.51
CMED	3.9579**	2.4828	0.61	0.94	5.66-20.5	12.14	16.38	12.98	1.26
CRT	6238.86**	9311.02	0.40	0.88	161-852.67	467.72	16.89	20.63	0.82
NET	12.9525**	32.6585	0.28	0.82	12.67-50.67	36.51	9.86	15.65	0.63
DET	0.4792**	0.3298	0.59	0.94	6.69-10.83	8.74	7.92	6.57	1.21
CMET	2.6287**	2.6033	0.50	0.91	6.52-22.33	12.63	12.84	12.78	1.00
CPM	820.36**	750.27	0.52	0.92	57-250	137.80	20.79	19.88	1.05
CPF	99.9095**	133.892	0.43	0.89	24.67-107	62.32	16.04	18.57	0.86
GDAM	2547.83**	867.53	0.75	0.97	267.75-613.12	428.76	11.77	6.87	1.71
GDAF	3457.87**	803.14	0.81	0.98	236.46-571.35	445.40	13.20	6.36	2.07
CF	7.7201**	4.4879	0.63	0.95	9.1-25.3	15.94	17.43	13.29	1.31
DM	73.9045**	15.9689	0.82	0.98	30.2-65.4	45.45	18.91	8.79	2.15
DTCI	2.6355**	1.0737	0.71	0.96	4.8-13.7	8.77	18.50	11.81	1.57
DLCI	4.2035**	2.7853	0.60	0.94	4.4-16	9.19	22.31	18.16	1.23
EMC	0.3134**	0.1712	0.65	0.95	0.73-3.9	2.25	24.88	18.39	1.35
EMP	19.1775**	11.4554	0.63	0.95	12.41-38.28	22.70	19.29	14.91	1.29
MF	0.3071**	0.1446	0.68	0.96	0.52-3.88	1.51	36.70	25.18	1.46
SST	1.3944**	1.5298	0.48	0.91	5-12.6	8.17	14.46	15.15	0.95
CTA	79.35**	185.21	0.30	0.83	6.12-105.68	75.50	11.80	18.03	0.65
LUT	0.9604**	2.201	0.30	0.83	0-16.04	12.19	8.04	12.17	0.66
PROL	1.19**	1.9371	0.38	0.87	1.33-11.33	4.30	25.39	32.39	0.78

** 1% de significância de acordo com o teste Qui-quadrado; σ_g^2 Variância genética; σ_e^2 Variância residual; h^2 Herdabilidade no sentido amplo; A Acurácia; AF Amplitude de variação fenotípica; μ Média; CV_g Coeficiente de variação genético (%); CV_e Coeficiente de variação ambiental (%); CV_g/CV_e Coeficiente de variação relativo (%); CRA Comprimento da rama principal (cm), NEA Número de entrenós (n°), Diâmetro de entrenós DEA (mm), CMEA Comprimento médio de entrenós (cm) antes do florescimento feminino; CRD Comprimento da rama principal (cm), NED Número de entrenós (n°), DED Diâmetro de entrenós (mm), CMED Comprimento médio de entrenós (cm) após o florescimento feminino; CRT Comprimento da rama principal (cm), NET Número de entrenós (n°), DET Diâmetro de entrenós (mm), CMET Comprimento médio de entrenós (cm) totais; CPM Comprimento do pedicelo da flor masculina (cm); CPF Comprimento do pedicelo da flor feminina (cm); GDAM Graus dias acumulados para o florescimento masculino; GDAF Graus dias acumulados para o florescimento feminino; CF Comprimento do fruto (cm); DM Diâmetro do fruto (cm); DTCI Diâmetro transversal da cavidade interna (cm); DLCI Diâmetro longitudinal da cavidade interna (cm); EMC Espessura média da casca (mm); EMP Espessura média da polpa (mm); MF Massa do fruto (kg); SST Sólidos solúveis totais (°Brix); CTA Carotenoides totais (µg/g); LUT Luteína (µg/g); PROL Prolificidade (n°).

acumulados para florescimento (GDAM e GDAF). As estimativas de variância fenotípica dessas variáveis também foram as maiores, sendo superior à variação genotípica nos caracteres CRA e CRT. As menores estimativas de variância genotípica foram associadas ao diâmetro de entrenós (DEA, DED e DET), à massa de frutos (MF), à espessura média da casca (EMC) e ao teor de luteína (LUT), com estimativas fenotípicas superiores as genotípicas nos caracteres DEA e LUT. Os caracteres CMEA, NET, CPF, SST, CTA e PROL também apresentaram maior variância residual em relação à variância genotípica. Isso representa uma situação menos favorável para seleção desses caracteres, como é indicado pelos valores inferiores a um no coeficiente de variação relativa (CV_g/CV_e). No entanto, para os demais caracteres esse parâmetro foi superior a um, o que indica que a maior parte da variabilidade observada nesse conjunto de genótipos é devida a fatores genéticos.

A herdabilidade indica o quanto da variação total se deve a fatores genotípicos. Os caracteres com maior herdabilidade são aqueles que minimizam os efeitos ambientais em seus valores fenotípicos, e por isso possibilitam a utilização de métodos de melhoramento menos complexos para seleção, com grande chance de sucesso. De forma geral, todos os caracteres são influenciados pelo ambiente em algum grau. A herdabilidade apresentou valores variando de 0.28 a 0.82. Os valores mais baixos foram para os caracteres NET (0.28), CTA (0.30) e LUT (0.30). Os mais elevados foram DM (0.82) e GDAF (0.81). Os demais apresentam valores na faixa de 0.40 a 0.75.

Segundo Resende (1995), caracteres com herdabilidades superiores a 0.40 permitem que o processo de seleção individual seja eficaz. Os resultados obtidos nesse estudo mostram o potencial de ganho genético para a maioria dos caracteres avaliados nesse germoplasma, dado pelas estimativas de variâncias genotípicas significativas e herdabilidades elevadas.

Todos os caracteres apresentaram valores elevados de acurácia, superiores a 0.82. Isso é um indicador da qualidade do experimento, que está relacionada à proporção de variação genética associadas às variáveis analisadas, além da variação residual e do número de repetições (Resende & Duarte 2007). Esse parâmetro confirma a existência de variância genética populacional, a qualidade e a confiabilidade dos resultados obtidos para os caracteres avaliados.

As altas estimativas de variância genotípica e herdabilidade relacionadas a características vegetativas como comprimento do ramo principal; comprimento e diâmetro de entrenós, e reprodutivas como florescimento; prolificidade; massa, comprimento e diâmetro de frutos; espessura e sólidos solúveis totais da polpa também são relatadas na literatura para *C. moschata* (Ferreira *et al.* 2016; Gomes *et al.* 2020, 2022; Mohsin *et al.* 2017; Oliveira *et al.*

2021). Essa espécie expressa alta variabilidade genética nas regiões onde é cultivada (Barboza *et al.* 2012; De Lima *et al.* 2016; Ferreira *et al.* 2016; Hernández-Rosales *et al.* 2020), e é provavelmente a mais polimórfica dentre as cucúrbitas (Paris 2017). Nossos resultados reforçam isso.

O BGH-UFV é um dos maiores bancos de germoplasma do país para as espécies do gênero, possuindo mais de 500 acessos do gênero *Cucurbita* conservados no banco. Estudos de caracterização e avaliação de parte do germoplasma conservado tem identificado genótipos com ampla possibilidade de uso no melhoramento de diversos caracteres relacionados à resistência a doenças (Moura *et al.* 2005), à produção (Ferreira *et al.* 2016; Gomes *et al.* 2020), ao porte (Oliveira *et al.* 2021) e à qualidade de frutos e sementes (Gomes *et al.* 2020, 2022; Sobreira 2013; Lima Neto 2013). A continuidade das atividades do banco de germoplasma, bem como o desenvolvimento de programas de melhoramento, é indispensável para utilização do germoplasma conservado nesse banco.

3.3. Correlações entre caracteres

As correlações genéticas entre as características avaliadas em campo são apresentadas na Figura 4. Quanto maior o raio do círculo, maior é a correlação, podendo ser positiva (azul) ou negativa (vermelho), conforme indicado pela escala. As correlações não significativas ($p > 0,01$) foram deixadas em branco.

A AACPD_r em plantas adultas (AACPD_{rA}) apresentou correlação negativa com os caracteres relacionados ao florescimento, GDAM e GDAF apresentando correlação de -0.63 e -0.65, e ao porte da planta antes do florescimento, CRA e NEA apresentando correlação de -0.42 e -0.46, respectivamente. De forma contrária, apresentou correlação positiva com caracteres relacionados ao porte da planta após o florescimento nos caracteres CRD (0.72), NED (0.56) e CMED (0.59). Também apresentou correlação positiva com SST (0.54), importante característica de qualidade de frutos.

Com relação aos demais caracteres avaliados, altas estimativas de correlações genéticas foram obtidas entre caracteres relacionados, por exemplo: CRA e NEA (0.83), CMEA e CMET (0.82), DEA e DET (0.83), CMEA e CMET (0.82), CMED e CMET (0.83), GDAM e GDAF (0.85), DM e DTCI (0.93), DM e MF (0.88) e DM e EMP (0.83); o que de certa forma é esperado, em função da natureza desses caracteres, sendo relacionados ao porte da planta, ao florescimento ou ao fruto.

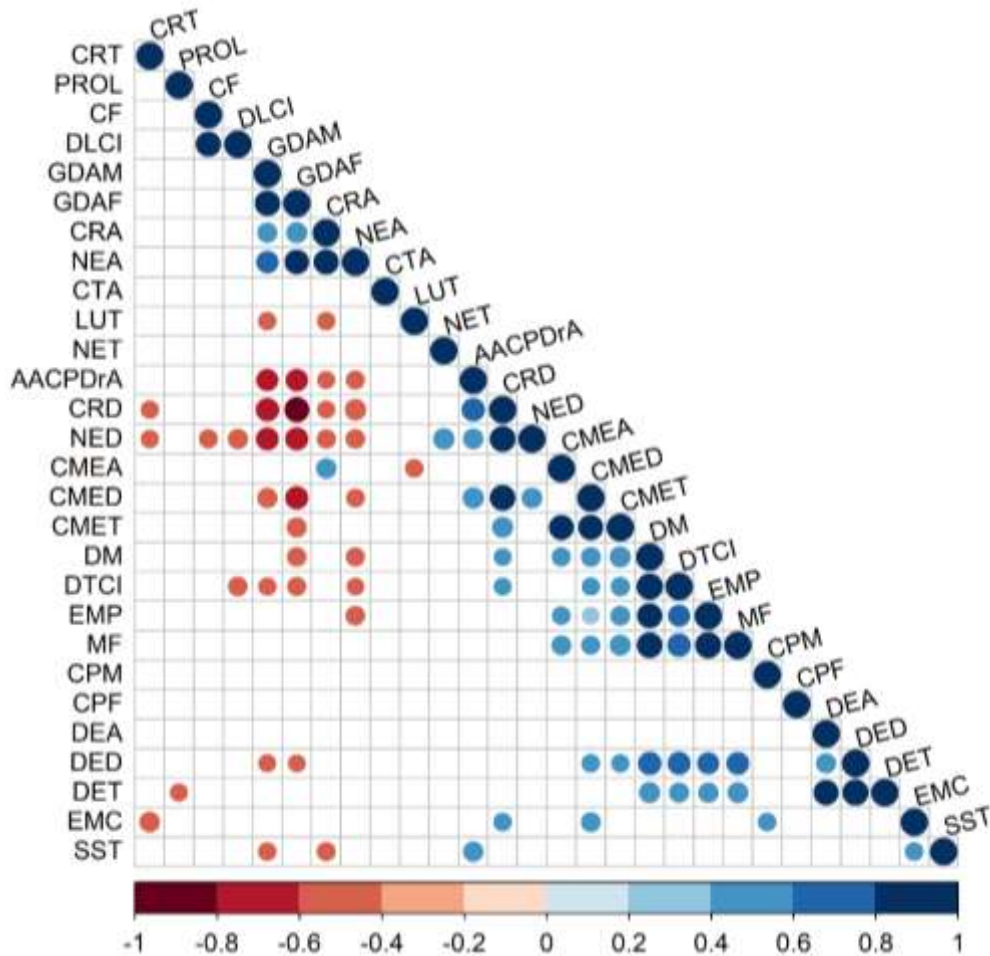


Figura 4 Correlação genotípica entre 28 caracteres morfoagronômicos em progênie de *C. moschata* promissoras quanto à resistência ao oídio (geração S₁) e testemunhas. CRA Comprimento da rama principal (cm), NEA Número de entrenós (n^o), Diâmetro de entrenós DEA (mm), CMEA Comprimento médio de entrenós (cm) antes do florescimento feminino; CRD Comprimento da rama principal (cm), NED Número de entrenós (n^o), DED Diâmetro de entrenós (mm), CMED Comprimento médio de entrenós (cm) após o florescimento feminino; CRT Comprimento da rama principal (cm), NET Número de entrenós (n^o), DET Diâmetro de entrenós (mm), CMET Comprimento médio de entrenós (cm) totais; CPM Comprimento do pedicelo da flor masculina (cm); CPF Comprimento do pedicelo da flor feminina (cm); GDAM Graus dias acumulados para o florescimento masculino; GDAF Graus dias acumulados para o florescimento feminino; CF Comprimento do fruto (cm); DM Diâmetro do fruto (cm); DTCI Diâmetro transversal da cavidade interna (cm); DLCI Diâmetro longitudinal da cavidade interna (cm); EMC Espessura média da casca (mm); EMP Espessura média da polpa (mm); MF Massa do fruto (kg); SST Sólidos solúveis totais (°Brix); CTA Carotenoides totais (µg/g); LUT Luteína (µg/g); PROL Prolificidade (n^o). Viçosa, UFV, 2021.

Também observamos correlações positivas entre caracteres relacionados ao florescimento (GDAM e GDAF) com os caracteres relacionados ao porte antes do florescimento (CRA e NEA) e negativas com os caracteres relacionados ao porte após o florescimento (CRD, NED, CMED, DED).

Os caracteres relacionados ao porte antes e após o florescimento frequentemente apresentaram correlação negativa entre si. Para os caracteres relacionados ao fruto (DM, DTCL, EMP, MF) observa-se uma associação positiva com caracteres relacionados ao comprimento ou número de entrenós (CMEA, CMED, CMET, DED, DET). CPF e CTA foram os únicos caracteres que não apresentaram correlações significativas. Isso sugere que a seleção para esses caracteres não traz nenhuma complicação sobre os demais.

O sucesso de um programa de melhoramento primeiramente baseia-se na existência de variabilidade genética. O aproveitamento rápido e eficiente dessa variabilidade é fundamental para desenvolvimento de genótipos superiores, e o estudo de correlações pode ser uma das ferramentas que permite ganhar tempo e reduzir esforços para tal (Cruz *et al.* 2012).

O conhecimento da correlação entre caracteres permite conhecer o efeito da seleção de determinada característica sobre os demais. Quando um caractere apresenta correlação negativa com alguns e positiva com outros, deve-se tomar cuidado na seleção para não provocar mudanças indesejáveis nesses caracteres (Cruz *et al.* 2012). Pelas estimativas de correlação genética obtidas, verifica-se que os genótipos mais resistentes ao oídio geralmente são mais tardios, necessitando de mais graus-dias acumulados para florescimento (masculino e feminino) e são menos compactos, crescendo mais antes do florescimento (maiores CRA e NEA), apesar de reduzir esse crescimento após o florescimento, como sugere a correlação positiva com CRD, NED e CMED, e apresentam menor teor de sólidos solúveis totais.

Ferreira *et al.* (2016) também observaram correlações fenotípicas e genotípicas negativas entre o aspecto fitossanitário e número de dias para o florescimento feminino e masculino, comprimento da rama principal, taxa de crescimento da rama principal e hábito de crescimento em *C. moschata*. Com isso, a existência dessas associações se configura um grande desafio para o desenvolvimento de genótipos resistentes ao oídio com boa aceitação no mercado, pois a precocidade e a possibilidade de adensamento de plantas também são caracteres agrônômicos desejáveis. Vale ressaltar que, em certos casos, a estimativa de correlação obtida entre dois caracteres pode não representar uma medida real de causa e efeito, podendo a alta ou baixa correlação entre dois caracteres ser resultado do efeito de um terceiro ou até mesmo de um conjunto de caracteres (Cruz *et al.* 2012). Apesar dessa limitação, estudos de correlação são muito úteis na caracterização e manejo do germoplasma e no melhoramento de plantas, podendo otimizar a escolha e o número de descritores a serem utilizados nesses processos (Gomes *et al.* 2020).

3.4. Análise de componentes principais e importância de caracteres

Afim de reduzir o número de caracteres a um menor conjunto a ser considerado na seleção dos genótipos, algumas estratégias para definir as variáveis passíveis de descarte foram utilizadas. A PCA destaca-se como uma das metodologias mais empregadas em estudos envolvendo genótipos provenientes de bancos de germoplasma, pois permite identificar os caracteres que mais contribuem para a variação total disponível, bem como indica os que contribuem pouco (Priori *et al.* 2018).

A importância relativa dos componentes principais (PCs) diminui do primeiro para o último componente, assim os últimos componentes explicam uma fração mínima da variância. Seguindo o critério de Jolliffe, os caracteres com maior contribuição relativa nos últimos componentes da PCA, são considerados de menor importância e, portanto, são passíveis de descarte (Cruz *et al.* 2012).

Com isso, procedeu-se a PCA, e a partir dessa obtivemos o *Variable Correlation Plot* (Figura 5).

Os caracteres que estão mais distantes do centro do gráfico são mais importantes, enquanto os mais próximos, são os menos importantes para os primeiros componentes (PC1 e PC2). Esse gráfico também permite visualizar a correlação entre os caracteres. Caracteres agrupados no mesmo quadrante são positivamente correlacionados, e os caracteres posicionados em quadrantes opostos da origem do gráfico são negativamente correlacionados.

O PC1 explica 30.2% da variância total, com a maior contribuição dos caracteres GDAM (8.5%) e CRD (7.7%). CMEA (12.8%) e MF (11%) foram os principais contribuintes para a variação no segundo PC, com 15.3% das variações totais. NED e GDAM também são importantes caracteres nesses dois componentes, enquanto os caracteres CPM e CPF foram os que menos contribuíram, como é indicado pelo distanciamento e proximidade do centro do gráfico. Na PCA, os autovalores aferem o quanto da variação no conjunto de dados é retido por cada componente. Os autovalores são maiores para os primeiros componentes principais (PCs) e menores para os subsequentes. Um autovalor superior a um indica que os PCs respondem por mais variância do que a contabilizada por uma das variáveis originais nos dados padronizados (Ashinie *et al.* 2020). Com base nisso, pela análise da tabela 4, observamos que os oito primeiros componentes são os mais importantes nesse estudo, explicando 86.2% da variação total de 25 genótipos em 28 caracteres de *C. moschata*.

Em estudos de divergência genética, é necessário que pelo menos 80% da variação total seja explicada pelos primeiros componentes para adequada representação do comportamento

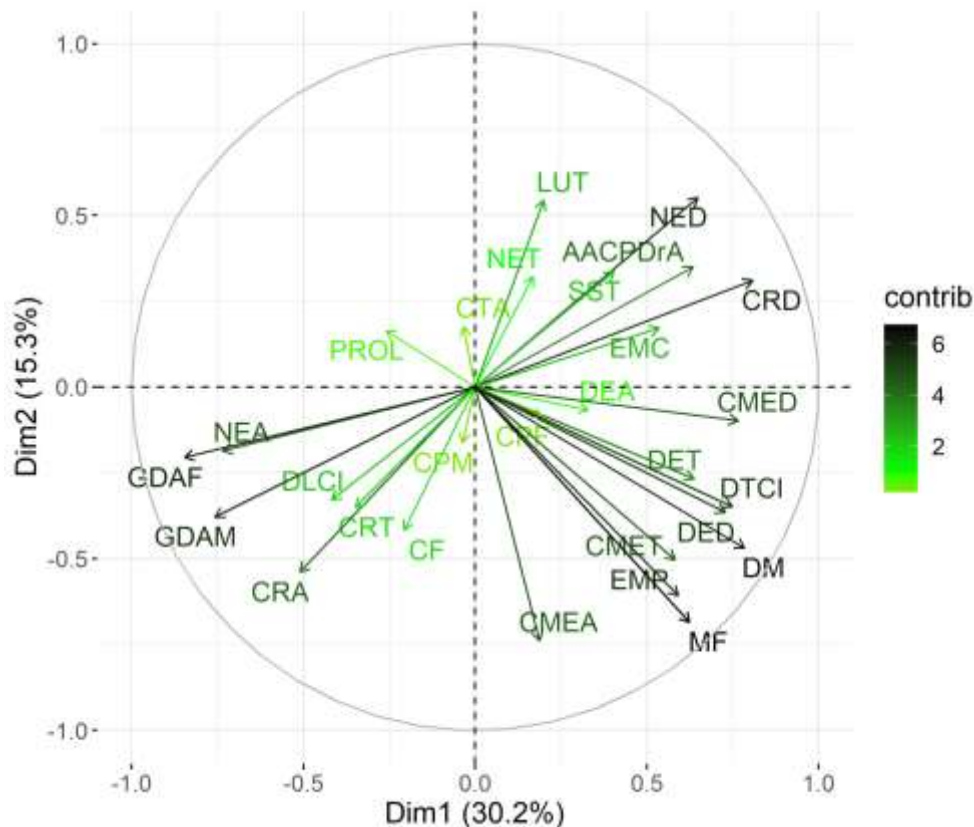


Figura 5 Variable Correlation Plot baseado em componentes principais de 28 caracteres morfoagronômicos em progênies de *C. moschata* promissoras quanto à resistência ao oídio (geração S₁) e testemunhas. CRA Comprimento da rama principal (cm), NEA Número de entrenós (n°), Diâmetro de entrenós DEA (mm), CMEA Comprimento médio de entrenós (cm) antes do florescimento feminino; CRD Comprimento da rama principal (cm), NED Número de entrenós (n°), DED Diâmetro de entrenós (mm), CMED Comprimento médio de entrenós (cm) após o florescimento feminino; CRT Comprimento da rama principal (cm), NET Número de entrenós (n°), DET Diâmetro de entrenós (mm), CMET Comprimento médio de entrenós (cm) totais; CPM Comprimento do pedicelo da flor masculina (cm); CPF Comprimento do pedicelo da flor feminina (cm); GDAM Graus dias acumulados para o florescimento masculino; GDAF Graus dias acumulados para o florescimento feminino; CF Comprimento do fruto (cm); DM Diâmetro do fruto (cm); DTCI Diâmetro transversal da cavidade interna (cm); DLCL Diâmetro longitudinal da cavidade interna (cm); EMC Espessura média da casca (mm); EMP Espessura média da polpa (mm); MF Massa do fruto (kg); SST Sólidos solúveis totais (°Brix); CTA Carotenoides totais (µg/g); LUT Luteína (µg/g); PROL Prolifricidade (n°). Viçosa, UFV, 2021

dos indivíduos (Cruz *et al.* 2012). No entanto, não foi obtido isso, já que a variação necessária (de 80%) foi distribuída em oito componentes, e não foi concentrada nos primeiros. Assim, não se recomenda fazer o estudo da diversidade genética por meio da técnica de componentes principais, no entanto, podemos avaliar a importância relativa dos caracteres.

Tabela 4 Análise de componentes principais e contribuição relativa de 28 caracteres morfoagronômicos em progênies de *C. moschata* promissoras quanto à resistência ao oídio (geração S₁) e testemunhas. Viçosa, UFV, 2021.

Caractere	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10	PC11	PC12	PC13	PC14	PC15	PC16	PC17	PC18	PC19	PC20	PC21	PC22	PC23	PC24	PC25
AACPDra	4.8	2.9	0.4	4.9	1.5	0	0.3	5.6	1.7	2.3	15.6	6.3	0.4	23.5	14.2	0.6	7	0.8	4.1	0.2	0.2	0	0.7	1	0.4
CRA	3.1	6.8	3.5	1.5	9.4	1.7	2.6	0	0	4.2	1.5	0	4.2	0.1	0.9	0	0.4	4.9	3.4	16.3	11.8	8.5	1.2	0.5	4.7
NEA	6.4	0.8	0.2	3.6	12.3	2.4	0.8	0.1	0	0	4.5	2.6	3.3	0.1	0	0.5	0	5.9	0.6	5.2	0.2	0.4	17.1	6.6	12.4
DEA	1.3	0.1	20.1	0.2	0.3	0.1	0	7.2	6.9	8.1	0.1	0	1	0.7	2.6	20.3	0.2	0.1	5	0.1	0.7	0.5	7.5	1.6	4.5
CMEA	0.4	12.8	7.7	0	0	0	5.1	0.6	1.2	2.1	0	11.5	0.1	6.1	0.3	8.3	0.1	2.9	2.8	0	12.7	0.7	3.9	10.6	5.6
CRD	7.7	2.3	5.2	0	0.7	1	0.8	1.1	0.1	2.7	0	0.9	0.6	2.3	0.2	0.7	0	0.7	5.4	1.2	2.3	8.8	0.2	25.5	0
NED	5	7.1	4.4	2.4	0	0	0.4	1.5	1.2	0	1.8	1.6	5.7	0.1	0.1	0	0.6	5.9	9.9	8.8	0	2.2	0.1	0.6	6.9
DED	6.3	3.1	2.6	0.3	1.2	6.4	0.3	1.3	4.5	0.3	0.4	1.7	1.6	6.8	5.4	7.1	2.4	0.2	7.9	0.5	2	2.3	7.2	1.9	24.1
CMED	6.9	0.2	5.3	0.5	3.3	3.7	0.4	0.1	0.7	4.2	0.1	3	0	16.4	0	0.9	0.4	3.8	1.2	11.8	0.3	3.5	0.2	0.4	0
CRT	1.4	2.9	0	0.2	15.4	1.4	17.1	6.6	0	0.3	2.6	17.9	0.2	11.7	6.2	0	4.8	1.5	2.2	2.8	3.5	0.2	0	0	0.2
NET	0.3	2.4	4.2	8.8	5.4	12.1	1	4.4	6.4	8.9	0.4	1.6	1.1	0.4	9.5	0.2	2.4	2.1	4.9	1.3	10.2	0.4	2	3.1	2.6
DET	4.8	1.7	10.5	0	0.9	2.2	0.1	4.3	6.9	3.2	0.1	0.9	0.2	1.6	0.2	0.1	0.3	0	0.4	0	0.1	1.4	1.3	11.2	27.1
CMET	4	5.9	9.1	0.4	1.5	1.3	0.9	0	1.1	4.7	0	1.5	0	1.9	0.3	1.7	0	0	0.2	0.7	0.1	3.2	0.5	22.8	3
CPM	0	0.6	5	0.1	10.8	19.8	5.4	7.8	6.5	0.1	3	2.2	0.4	6.3	2.6	15.1	0.9	1.7	1.8	0.1	5.8	0	2.9	0.9	0
CPF	0.4	0.2	3.4	5.3	1.6	6.9	12.8	16.2	11.1	9.8	0.8	0.6	0	0	8.2	0	21.5	0	0	0.1	0.2	0	0.2	0	0.2
GDAM	6.8	3.3	1	1.2	0.2	0.9	7.6	0	0	0.4	8.7	1.5	6.8	1	15.8	0.1	0.5	33.3	0.1	13.4	22.7	0.1	5.5	0.1	0.3
GDAF	8.5	1	1.6	1.4	1.1	1.9	1.1	1.1	0.9	0.1	2.1	0.1	0.2	3.8	2.8	0.4	1.1	3.5	5.7	9.8	3.8	5.5	4.4	1	1.7
CF	0.5	4.1	0	18.9	1.2	2.1	2.8	5	1.6	6.7	15.3	0.5	2.9	0.7	0.7	2	2.1	15.7	2.4	0	2.2	2.2	7.3	0	0.1
DM	7.3	5.2	0.1	2	1.2	0.6	0	2.7	0	2.2	2.5	1.1	0	3	0.1	0.3	0.1	0.1	5.5	5.1	4.3	10.9	1.4	0.2	2.5
DTCI	6.6	2.8	0	5.6	1.1	1.1	0.4	0.5	0.7	10	0	0	0.8	0.4	0.4	3.4	20.4	0	16.1	12.7	0	11.5	0.1	0.4	1
DLCI	2.1	2.5	0.3	20.7	2.7	0	3.1	5.5	0	1	0	5.3	0.1	2	2.6	3.8	1.8	9.6	2.4	0	0.6	5.7	23.5	0.1	0.9
EMC	3.4	0.7	1.3	0.3	11.5	7.5	2.1	10.3	0.2	9.1	0.1	2.2	2.4	6.1	0.2	21.8	0.7	0.9	10.6	5.4	0.1	0.4	0.9	0.7	0.2
EMP	4.1	8.7	0.3	0.5	4.8	0.6	3.1	4.3	1.4	0.1	0.9	1.5	0.1	0.1	3	1.1	22.5	0	0.2	0.1	11.2	17.3	7.1	2.8	0.1
MF	4.6	11	0.3	0.5	0.4	0.8	0.9	0.9	0.1	3.2	0.2	8.1	0	1.1	1.6	4.1	1.8	0.3	0.3	0.2	2.8	11.8	0.5	7.4	0.9
SST	1.9	2.7	2.9	9.9	1.5	0.5	1.7	0.6	1.2	5	32.5	17.7	1.4	3	7.8	3.9	0.4	0.6	3.1	0.1	0.7	0	0	0	0.1
CTA	0	0.7	0	5.1	4.9	15.9	20.7	7.2	0.1	0.2	4.1	5	28.1	0.1	2.1	1.2	0.2	0	0	1.5	0.7	0.2	0.1	0	0.3
LUT	0.5	6.9	4.3	0.4	1.7	7.3	2.4	4.8	10.7	8	0.6	4.2	27.8	0.3	0.4	0.7	4.8	5.2	1.1	1.5	0.1	0.3	4.4	0	0.2
PROL	0.80	0.60	6.60	5.20	3.20	1.5	6.2	0.3	34.6	3.2	2.2	0.4	10.6	0.4	11.7	1.80	2.30	0.20	2.70	1.10	0.6	2.1	0	0.4	0
Autovalor	8.45	4.27	3.07	2.40	1.88	1.61	1.24	1.21	0.88	0.75	0.52	0.42	0.35	0.25	0.22	0.16	0.14	0.06	0.05	0.02	0.02	0.01	0.00	0.00	0.00
PV (%)	30.19	15.26	10.96	8.58	6.70	5.76	4.44	4.31	3.14	2.69	1.86	1.51	1.26	0.90	0.79	0.59	0.49	0.21	0.19	0.07	0.06	0.04	0.01	0.00	0.00
CPV (%)	30.2	45.5	56.4	65.0	71.7	77.4	81.9	86.2	89.3	92.0	93.9	95.4	96.7	97.6	98.4	98.9	99.4	99.6	99.8	99.9	99.9	99.9	100	100	100

PC Componente principal; PV Proporção da variância; CPV Proporção cumulativa da variância.

Os caracteres com maior contribuição nos últimos componentes foram: DET no PC25 (27.1%), CRD no PC24 (25.5%), DLCI no PC23 (23.5), EMP no PC22 (17.3%) e PC17 (22.5%), GDAM no PC21 (22.7%), PC18 (33.3%) e PC15 (15.8%), CRA no PC20 (16.3%), DTICI no PC19 (16.1%), e EMC no PC16 (21.8%). A proporção acumulada da variância nesses componentes (PC15-PC25) é de apenas 2.5%. Assim, como esses caracteres estão explicando apenas uma proporção mínima da variância, são passíveis de descarte.

Da mesma forma, os caracteres com elevada correlação positiva, geralmente aqueles intrinsecamente relacionados, podem ser considerados redundantes, e eliminados (Cruz *et al.* 2012). Nesse processo, também se levou em consideração a associação com a resistência ao oídio (AACPD_r) e a importância econômica do caractere. Os caracteres NEA, CMEA, CMED, DET, NET e DM foram considerados redundantes pela alta correlação positiva com GDAF (0.81), CMET (0.82), CMET (0.83), DEA (0.83), NED (0.70) e MF (0.83), respectivamente.

Com base no apresentado, os caracteres NEA, CMEA, CRD, CMED, NET, DET, CPM, CPF, GDAM, DM, DTICI, DLCI, EMC e EMP foram descartados nas análises seguintes, pois apresentaram menor variação relativa entre os genótipos estudados, como indicado pela PCA, e/ou foram redundantes. CRA apesar de apresentar contribuição significativa no PC20, foi mantido em função da relação inversa desse caractere com a AACPD_r, pois pode ocorrer mudanças indesejáveis ao desconsiderá-lo no processo de seleção de genótipos resistentes.

3.5. Variabilidade genética e agrupamento

Tendo como base o caractere de avaliação da resistência ao oídio em plantas adultas (AACPD_{rA}), seis caracteres ligados ao porte (CRA, DEA, NED, DED, CRT e CMET), um caractere ligado ao florescimento (GDAF) e seis caracteres ligados ao fruto (CF, MF, SST, CTA, LUT e PROL), totalizando 14 caracteres, foi obtida a matriz de distância genética entre as 23 progênies S₁ e testemunhas, pela distância euclidiana média padronizada. Com isso obtemos o mapa de calor, com dendrograma baseado no método de UPGMA (Figura 6). O coeficiente de correlação cofenético (CCC) obtido para o dendrograma foi de 0.84**, com distorção de 2,05% e estresse de 14.32%, valores que indicam que o mapa de calor/dendrograma reflete adequadamente a matriz de dissimilaridade genética.

O conhecimento da diversidade, com a análise de agrupamento, nos informa acerca da variabilidade existente entre os genótipos, mais similares dentro de cada grupo e dissimilares entre os grupos. A análise de agrupamento classificou os genótipos em 6 grupos. O grupo 1 (vermelho) é o maior, com treze progênies S₁ (Figura 6). O grupo 2 (roxo) aloca seis progênies

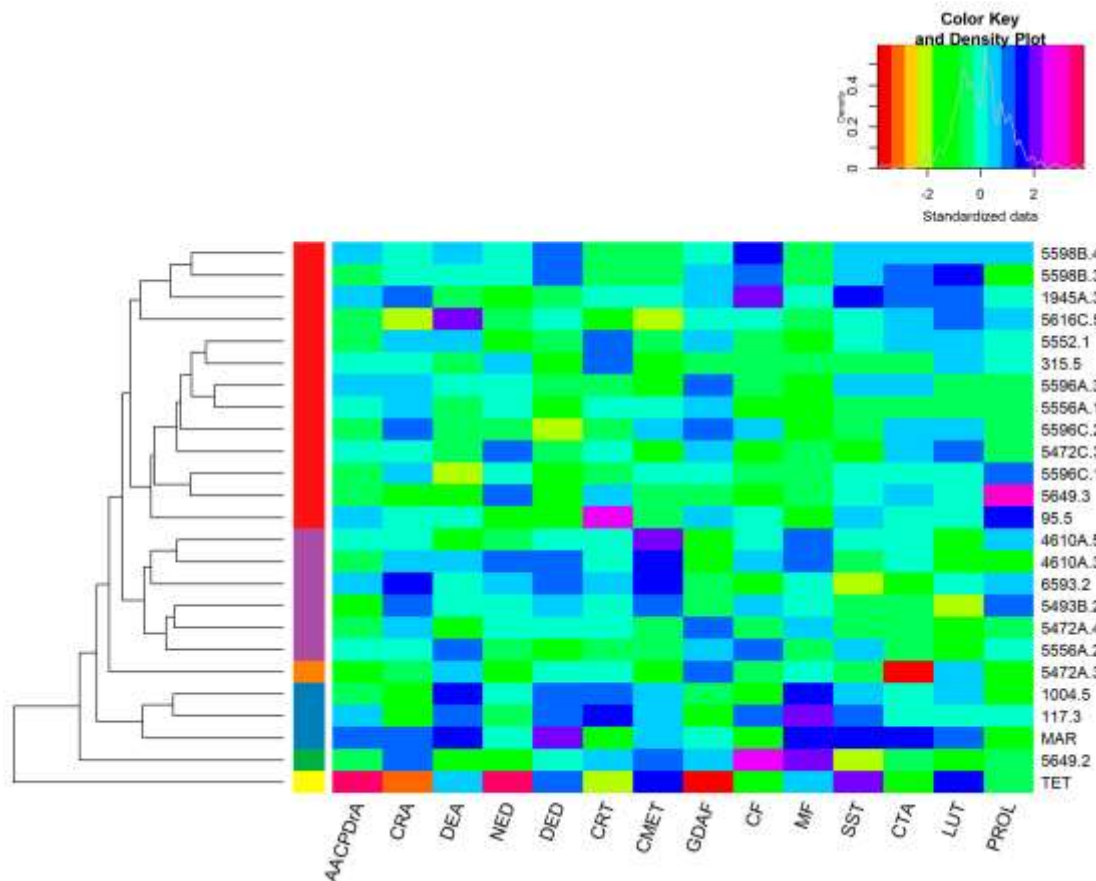


Figura 6 Mapa de calor e agrupamento hierárquico (UPGMA) entre as progênies de *C. moschata* promissoras quanto à resistência ao oídio (geração S₁) e testemunhas. AACPDra Área abaixo da curva de progresso da doença; CRA Comprimento da rama principal, Diâmetro de entrenós DEA antes do florescimento feminino; NED Número de entrenós, DED Diâmetro de entrenós após o florescimento feminino; CRT Comprimento da rama principal, CMET Comprimento médio de entrenós totais; GDAF Graus dias acumulados para o florescimento feminino; CF Comprimento do fruto; MF Massa do fruto; SST Sólidos solúveis totais; CTA Carotenoides totais; LUT Luteína; PROL Prolificidade. Viçosa, UFV, 2021.

(BGH-4610A.5, BGH-4610A.3, BGH-6593.2, BGH-5493B.2, BGH-5472A.4 e BGH-5556A.2). O grupo 4 (azul) é composto por três genótipos: duas progênies S₁ (BGH-1004.5 e BGH-117.3) e a testemunha Maranhão (MAR). Isso é interessante, pois significa que essas progênies compartilham uma série de semelhanças relativas ao porte, ao florescimento e aos frutos de uma cultivar comercialmente explorado.

Já os grupos 3 (laranja), 5 (verde) e 6 (am/arelo) têm apenas um genótipo em cada grupo: a progênie BGH-5472A.3, o BGH-5649.2 e a testemunha Tetsukabuto (TET), respectivamente. Pelo mapa de calor, observamos que esses genótipos apresentam valores bem distintos para determinados caracteres em relação aos demais, explicando o seu isolamento.

A maior distância genética obtida foi entre a progênie S₁ BGH-5649.2 e a testemunha Tetsukabuto (0.6425), dos grupos 5 e 6, e a menor foi entre BGH-5556A.1 e BGH-5596A.3 (0.1311), pertencentes ao grupo 1. Entre as progênies S₁, a maior distância foi entre BGH-5616C.5 e BGH-5649.2 (0.4977), do grupo 1 e 5, respectivamente.

Assim, como indicado pelos resultados anteriores relativos aos parâmetros genético-estatísticos estimados, o estudo de diversidade demonstra a alta variabilidade genética presente, também evidenciada pelo padrão visual oferecido pelo mapa de calor de cada caractere considerado nessa análise.

O conhecimento da variabilidade é de grande importância na fase inicial dos programas de melhoramento de plantas, pois auxilia na orientação de possíveis cruzamentos a fim de explorar a heterose, pela identificação dos genótipos mais dissimilares ou de diferentes grupos de genótipos (Gomes *et al.* 2020). Os resultados obtidos da análise de variabilidade, com base nos dados e valores genotípicos, podem ser considerados na definição de cruzamentos que explorem a heterose entre genótipos promissores para resistência ao oídio.

3.6. Identificação de progênies superiores via índice FAI

Para seleção dos genótipos de *C. moschata* mais resistentes ao oídio, que também agrupem outros caracteres de interesse para a cultura, aplicou-se o índice FAI-BLUP para seleção simultânea de caracteres. Uma das vantagens desse método é que ele não requer atribuição de pesos econômicos, além de ser livre de multicolinearidade. Esse índice de seleção baseia-se na análise de fatores e na distância genótipo-ideótipo, direcionando a seleção de genótipos mais próximos ao ideótipo criado para o conjunto de caracteres.

A utilização de um ideótipo, ou seja, de um modelo hipotético construído a partir de um conjunto de caracteres agrônômicos de interesse, auxilia os melhoristas a definir um objetivo final conjunto de seleção, substituindo assim as tentativas e erros de aumentar gradativamente o desempenho da planta para diferentes caracteres (Van Oijen & Höglind 2016).

Para definição do ideótipo, atribuiu-se um valor “ótimo” e um “péssimo” para a montagem dos ideótipos desejável e indesejável (Rocha *et al.* 2018). Nesse sentido, considerou-se os valores de máximos e mínimos para cada caractere, fixados de acordo com os objetivos de melhoramento. O ideótipo desejável criado foi feito para seleção dos genótipos mais resistentes ao oídio (menor AACPD_r), com porte reduzido e ramos vigorosos (menor CRA, NED, CRT e CMET; maior DEA e DED), mais precoces (menor GDAF), com alta produção de frutos (maior CF, MF e PROL), e com maior teor de sólidos solúveis totais, carotenoides e

luteína (maior SST, CAT e LUT), caracteres relacionados a qualidade de frutos, extremamente importantes em hortaliças.

Baseado na análise de fatores, considerando uma intensidade de seleção de 15%, os genótipos que mais se aproximaram do ideótipo criado foram as progênes S₁: BGH-1004.5, BGH-4610.3, BGH-5616C.5 e BGH-5598B.3.

O ideótipo criado, as médias genotípicas e os ganhos previstos a partir da seleção desses genótipos são apresentados na Tabela 5.

Doze dos quatorze caracteres considerados, apresentaram ganhos na direção desejável, com exceção de NED e PROL. Esses resultados mostram a eficiência do índice utilizado para proporcionar ganhos para a maioria dos caracteres avaliados.

Tabela 5 Ideótipo de seleção, médias genotípicas e ganhos estimados de 14 caracteres morfoagronômicos em progênes S₁ de *C. moschata*. Viçosa, UFV, 2021.

	ID	Ms	M ₀	GS		ID	Ms	M ₀	GS
Resistência					Florescimento				
AACPD _r	-	0.087	0.097	-10.67	GDAF	-	427.36	454.57	-5.99
Porte					Fruto				
CRA	-	185.74	225.47	-17.62	CF	+	16.27	16.14	0.78
DEA	+	9.33	8.72	6.97	MF	+	1.72	1.47	16.67
NED	-	21.36	20.73	3.07	SST	+	8.35	7.974	4.71
DED	+	9.48	8.55	10.92	CTA	+	79.22	75.11	5.47
CRT	-	455.92	481.85	-5.38	LUT	+	12.63	12.07	4.68
CMET	-	12.41	12.61	-1.60	PROL	+	3.49	4.34	-19.47

ID ideótipo desejável; Ms média dos selecionados; M₀ média geral das progênes; GS ganho de seleção (%); - valor genotípico mínimo; + valor genotípico máximo; AACPD_r Área abaixo da curva de progresso da doença; CRA Comprimento da rama principal (cm), Diâmetro de entrenós DEA (mm) antes do florescimento feminino; NED Número de entrenós (n°), DED Diâmetro de entrenós (mm) após o florescimento feminino; CRT Comprimento da rama principal (cm), CMET Comprimento médio de entrenós (cm) totais; GDAF Graus dias acumulados para o florescimento feminino; CF Comprimento do fruto (cm); MF Massa do fruto (kg); SST Sólidos solúveis totais (°Brix); CTA Carotenoides totais (µg/g); LUT Luteína (µg/g); PROL Prolificidade (n°).

Os genótipos selecionados apresentaram maior nível de resistência ao oídio (AACPD_r = 0.087) em relação à média geral das progênes S₁ (AACPD_r = 0.097), sendo de grande potencial para dar continuidade aos programas de melhoramento visando o desenvolvimento de cultivares resistentes ao oídio. Em comparação com as testemunhas essa diferença se acentua, principalmente, em relação a testemunha Tetsukabuto, que aos 67 DAI apresentava ramos e folhas totalmente colonizados, grande produção de esporos, amarelecimento, necrose e elevada perda de folhagem. A testemunha Maranhão apresentou menor susceptibilidade, com menor esporulação, necrose e perda de folhas, no entanto apresentou nítidos sintomas de clorose na maior parte da planta (Figura 7).

Os genótipos selecionados apresentam menor porte, com ganhos de seleção na direção

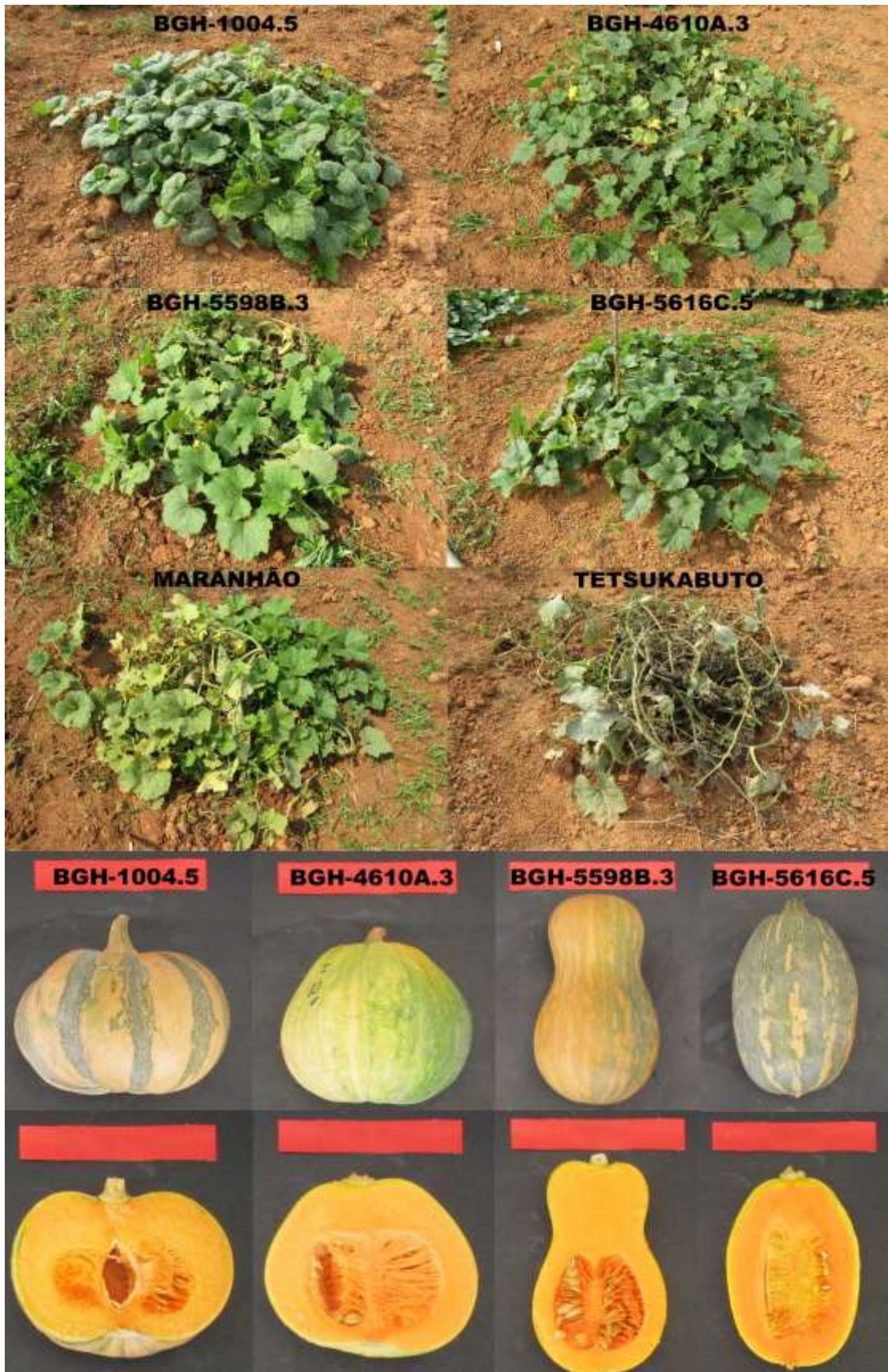


Figura 7 Padrão de resistência ao oídio das progêneses S₁ selecionadas em comparação com testemunhas aos 67 DAI, e frutos representativos das progêneses S₁ selecionados. Viçosa, UFV, 2021.

desejável para CRA, CRT e CMET, o que permite maior adensamento das plantas em campo. Também se observa ganhos no diâmetro dos entrenós (DEA e DED), o que está relacionado ao vigor dos ramos das plantas. Para os caracteres relacionados ao porte das plantas, apenas para número de entrenós (NED), o ganho previsto foi contrário ao sentido da seleção, no entanto, a média dos genótipos selecionados não foi muito superior à média da população original (21.363 e 20.728, respectivamente).

Apesar da relação inversa entre AACPD_r e GD_{AF}, o índice FAI também possibilitou selecionar genótipos mais resistentes ao oídio que necessitam de menos graus-dias acumulados para o florescimento feminino (GD_{AF} = 427.36), portanto, genótipos mais precoces em relação à média geral das progênies S₁ (GD_{AF} = 454.57). Nos caracteres relacionados aos frutos estimou-se ganhos para CF, MF, SST, CAT e LUT, e perda para PROL. Ou seja, em função do ganho no comprimento, massa e na qualidade dos frutos, ocorreu uma queda do número de frutos por planta, o que parece ser uma reação compreensível, em função da maior exigência na alocação de recursos energéticos em cada fruto. Um outro ponto interesse a ser observado é que apesar do conjunto de genótipos selecionados serem os que mais se aproximam do ideótipo criado (Tabela 5), no estudo de diversidade observa-se que apenas BGH-5616C.5 e BGH-5598B.3 estão no mesmo grupo (grupo 1), enquanto BGH-4610.3 e BGH-1004.5 estão, respectivamente, no grupo 2 e 4 (Figura 6). Ou seja, é um conjunto diverso, podendo ser visualmente verificado pela variabilidade morfológica dos frutos apresentada na figura 7.

As progênies pertencentes aos grupos 1 e 2 são mais próximos, enquanto a BGH-1004.5 é o que mais diverge dos demais. Essa progênie agrupou-se com a cultivar comercial Maranhão, no entanto, exibindo elevado nível de resistência ao oídio, merecendo assim especial destaque. A progênie BGH-4610A.3 também é um acesso com grande potencial de uso para o melhoramento. Gomes *et al.* (2020) avaliando 91 acessos do BGH-UFV, identificaram o acesso BGH-4610A como um dos mais promissores para produtividade de óleo de sementes, também apresentando uma das maiores produtividades de sementes entre 91 acessos estudados. No presente trabalho, a progênie derivada da autofecundação desse acesso foi o que apresentou maior resistência entre as progênies selecionadas. A progênie BGH-4610A.3 apresentou elevado nível de resistência em plantas jovens e a menor variação entre as fases juvenil e adulta (Figura 2).

Com isso, além do desenvolvimento de linhagens, o cruzamento entre indivíduos da progênie BGH-1004.5 e BGH-4610A.3 pode gerar populações com grande potencial para desenvolvimento de cultivares resistentes ao oídio raça 2US com uma série de caracteres que

estão de acordo com os objetivos de melhoramento da cultura. A avaliação desses genótipos contra outras raças fisiológicas de oídio é recomendada para verificar se a resistência a essa doença persiste frente a outras raças fisiológicas.

4. CONCLUSÕES

Nossos resultados demonstram que existe variabilidade genética entre as progênies S₁ de *C. moschata* quanto à resistência ao oídio, ao porte, ao florescimento e à frutificação.

O estudo de correlação mostrou que os genótipos mais resistentes ao oídio tendem a ser mais tardios, ter maior crescimento vegetativo e menor teor de sólidos solúveis totais nos frutos.

A análise de agrupamento alocou as progênies S₁ em 6 grupos.

As progênies S₁: BGH-1004.5, BGH-4610.3, BGH-5616C.5 e BGH-5598B.3 foram as mais promissoras, com elevada resistência ao oídio, maior precocidade, menor crescimento vegetativo e com produção de frutos de qualidade dentre o conjunto de acessos avaliados.

5. REFERÊNCIAS

- ARA, N; NAKKANONG, K; LV, W; YANG, J; HU, Z; ZHANG, M. 2013. Antioxidant enzymatic activities and gene expression associated with heat tolerance in the stems and roots of two cucurbit species (“*Cucurbita maxima*” and “*Cucurbita moschata*”) and their interspecific inbred line “Maxchata.” *International Journal of Molecular Sciences* 14(12): 24008–24028.
- ASHINIE, SK; BIZUAYEHU, T; WAKEYO, GK; FENTA, BA. 2020. Genetic diversity for immature pod traits in Ethiopian cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] landrace collections. *African Journal of Biotechnology* 19(4): 171–182.
- BARBOZA, N; ALBERTAZZI, FJ; SIBAJA-CORDERO, JA; MORA-UMAÑA, F; ASTORGA, C; RAMÍREZ, P. 2012. Analysis of genetic diversity of *Cucurbita moschata* (D.) germplasm accessions from Mesoamerica revealed by PCR SSCP and chloroplast sequence data. *Scientia Horticulturae* 134: 60–71.
- BOLAR, K. 2019. *STAT: Interactive document for working with basic statistical analysis*. R Package Version 0.1.0. Disponível em: <https://CRAN.R-project.org/package=STAT>. Acessado em 12 Maio, 2022.
- CAMARGO, LEA. 2018. Controle genético. In: AMORIM, L; REZENDE, JAM; BERGAMIN FILHO, A (eds). *Manual de Fitopatologia*, 5 ed, Ouro Fino, BR: Agronômica Ceres. p. 229-238.
- CARDOSO, AII; SOUZA NETO, IL. 2016. Melhoramento de Abóbora, Abobrinha e Moranga. In: NICK, C; BORÉM, A (eds). *Melhoramento de Hortaliças*, Viçosa, BR: UFV. p. 61-94.
- CRUZ, CD. 2016. Programa Genes – Ampliado e integrado aos aplicativos R, Matlab e Selegen. *Acta Scientiarum - Agronomy* 38: 547–552.
- CRUZ, CD; REGAZZI, AJ; CARNEIRO, PCS. 2012. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa, BR: UFV. 514p.
- De LIMA, GKL; QUEIRÓZ, MA; SILVEIRA, LM. 2016. Rescue of *Cucurbita* spp. germplasm in Rio Grande do Norte. *Revista Caatinga* 29(1): 257–262.
- FAOSTAT. 2022. *Production, Crops*. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#home>. Acessado em 24 Junho, 2022.
- FERREIRA, MG; SALVADOR, FV; LIMA, MN; AZEVEDO, AM; LIMA NETO, IS; SOBREIRA, FM; SILVA, DJ. 2016. Parâmetros genéticos, dissimilaridade e desempenho *per se* em acessos de abóbora. *Horticultura Brasileira* 34: 537–546.

FILGUEIRA, FAR. 2008. *Novo manual de olericultura*. Viçosa, BR: UFV. 421p.

GOMES, RS; MACHADO JÚNIOR, R; ALMEIDA, CF; OLIVEIRA, RL; CHAGAS, RR; PEREIRA, ED; DELAZARI, FT; SILVA, DJH. 2022). Identification of high seed oil yield and high oleic acid content in Brazilian germplasm of winter squash (*Cucurbita moschata* D.). *Saudi Journal of Biological Sciences* 29(4): 2280–2290.

GOMES, RS; MACHADO JÚNIOR, R; DE ALMEIDA, CF; CHAGAS, RR; DE OLIVEIRA, RL; DELAZARI, FT; DA SILVA, DJH. 2020. Brazilian germplasm of winter squash (*Cucurbita moschata* D.) displays vast genetic variability, allowing identification of promising genotypes for agro-morphological traits. *Plos One* 15(6): e0230546.

GUO, WL; CHEN, BH; CHEN, XJ; GUO, YY; YANG, HL; LI, XZ; WANG, GY. 2018. Transcriptome profiling of pumpkin (*Cucurbita moschata* Duch.) leaves infected with powdery mildew. *Plos One* 13(1): 1–18.

HERNÁNDEZ-ROSALES, HS; CASTELLANOS-MORALES, G; SÁNCHEZ-De La VEGA, G; AGUIRRE-PLANTER, E; MONTES-HERNÁNDEZ, S; LIRA-SAADE, R; EGUIARTE, LE. 2020. Phylogeographic and population genetic analyses of *Cucurbita moschata* reveal divergence of two mitochondrial lineages linked to an elevational gradient. *American Journal of Botany* 107(3): 510–525.

HOLDSWORTH, WL; LAPLANT, KE; BELL, DC; JAHN, MM; MAZOUREK, M. 2016. Cultivar-based introgression mapping reveals wild species-derived Pm-0, the major powdery mildew resistance locus in squash. *Plos One* 11(12): e0167715.

KARAAĞAÇ, O; BALKAYA, A. 2013. Interspecific hybridization and hybrid seed yield of winter squash (*Cucurbita maxima* Duch.) and pumpkin (*Cucurbita moschata* Duch.) lines for rootstock breeding. *Scientia Horticulturae*, 149, 9–12.

KASSAMBARA, A; MUNDT, F. 2020. *factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses*. R Package Version 1.0.7. Disponível em <https://rpkgs.datanovia.com/factoextra/index.html>. Acessado em 12 Maio, 2022.

LÊ, S; JOSSE, J; HUSSON, F. 2008. FactoMineR: an R package for multivariate analysis. *Journal of Statistical Software* 25(1): 253–258.

LEMOS, R; SANTOS, R. 1996. *Manual de descrição e coleta de solo no campo* Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, 3ª ed. Campinas, BR: Sociedade Brasileira de Ciência do Solo - Centro Nacional de Pesquisa de Solos. 84p.

LIMA NETO, IS. 2013. *Pré-melhoramento de abóbora (Cucurbita moschata) visando a biofortificação em carotenoides*. Viçosa, BR: UFV. 83 p (Tese).

LUITEL, BP; KIM, SG; SUNG, JS; HUR, OS; YOON, MS; RHEE, JH; BAEK, HJ; RYU, KY; KO, HC. 2016. Screening of pumpkin (*Cucurbita* spp.) germplasm for resistance to powdery mildew at various stages of seedlings growth. *Research in Plant Disease* 22: 133–144.

MOHSIN, G; ISLAM, M; RAHMAN, M; ALI, L; HASANUZZAMAN, M. 2017. Genetic variability, correlation and path coefficients of yield and its components analysis in pumpkin (*Cucurbita moschata* Duch Ex Poir). *International Journal of Agricultural Research, Innovation and Technology* 7(1): 8–13.

MOURA, MCCL; ZERBINI, FM; SILVA, DJH; QUEIROZ, MA. 2005. Reação de acessos de *Cucurbita* sp. ao zucchini yellow mosaic virus (ZYMV). *Horticultura Brasileira* 23: 206–210.

OLIVEIRA, RL; GOMES, RS; ALMEIDA, CF; MACHADO JÚNIOR, R; ROCHA, JRASC; SILVA, DJH; CARNEIRO, PCS. 2021. Multitrait selection of pumpkin genotypes aimed at reducing the growth habit and improving seed production. *Crop Science* 61(3): 1620–1629.

PARIS, HS. 2017. Genetic resources of pumpkins and squash, *Cucurbita* spp. In: GRUMET, R; KATZIR, N; GARCIA-MAS, J (eds). *Plant Genetics and Genomics of Cucurbitaceae: Crops and Models*. Cham, CH: Springer. p. 111–154.

PASCHOLATI, SF; DALIO, RJD. 2018. Fisiologia do parasitismo: como as plantas se defendem dos patógenos. In: AMORIM, L; REZENDE, JAM; BERGAMIN FILHO, A (eds). *Manual de Fitopatologia*, 5 ed, Ouro Fino, BR: Agronômica Ceres. p. 423-452.

PRASANTH, K; VARALAKSHMI, B; VENUGOPALAN, R; SRIRAM, S. 2019. Screening of bitter gourd germplasm and advanced breeding lines against powdery mildew. *Indian Phytopathology* 72: 15–22.

PRIORI, D; BARBIERI, RL; MISTURA, CC; VILLELA, JCB. 2018. Caracterização morfológica de variedades crioulas de abóboras (*Cucurbita maxima*) do sul do Brasil. *Revista Ceres* 65: 337–345.

R CORE TEAM. 2022. *R: A language and environment for statistical computing and graphics*. R Foundation for Statistical Computing. Disponível em: <https://www.R-project.org/>. Acessado em 12 Maio, 2022.

RESENDE, MDV. 1995. Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. *Revista Árvore* 19(4): 479–500.

RESENDE, MDV. 2007. *SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatística e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Colombo, BR: Embrapa Florestas,

359p.

RESENDE, MDV; DUARTE, JB. 2007. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical* 37(3): 182–194.

ROCHA, JRASC, MACHADO, JC, CARNEIRO, PCS. 2018. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. *GCB Bioenergy* 10(1): 52–60.

SOBREIRA, FM. 2013. *Divergência genética entre acessos de abóbora para estabelecimento de coleção nuclear e pré-melhoramento para óleo funcional*. Viçosa, BR: UFV. 87 p (Tese).

SOUZA, A; SILVA, A; MALLMANN, F; DEMARTINI, W; TANAKA, A; SOUZA, M. 2015. 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* 5(6): 562–572.

URETSKY, J; LOY, JB. 2017. Evaluation of morphological traits associated with productivity in fl interspecific (*Cucurbita maxima* Duch. x *C. moschata* Duch.) hybrid processing squash. *HortScience* 52(9): 1156–1163.

VAN OIJEN, M; HÖGLIND, M. 2016. Toward a Bayesian procedure for using process-based models in plant breeding, with application to ideotype design. *Euphytica* 207(3): 627–643.

WARNES, G *et al.* 2022. *gplots: Various R programming tools for plotting data*. R Package Version 3.1.3. <https://CRAN.R-project.org/package=gplots>. Acessado em 12 Maio, 2022.

WEI, T; SIMKO V. 2021. *R package 'corrplot': visualization of a correlation matrix*. R Package Version 0.92. Disponível em: <https://github.com/taiyun/corrplot>. Acessado em 12 Maio, 2022.