

AVALIAÇÃO DO POTENCIAL DE GENÓTIPOS DE MELANCIA PARA COMPOSIÇÃO DE NOVOS MATERIAIS COM TAMANHO DE SEMENTE REDUZIDA

Tiago Lima do Nascimento¹;

Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia do Estado de Pernambuco/ Embrapa (FACEPE/ EMBRAPA), Petrolina, Pernambuco.

<http://lattes.cnpq.br/1435623740154421>

Kedma Raíssa Gomes dos Santos².

Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS), Feira de Santana, Bahia.

<http://lattes.cnpq.br/4815576563636243>

RESUMO: O objetivo do presente estudo foi avaliar o potencial de genótipos de melancia para o desenvolvimento de novos materiais comerciais com tamanho de semente reduzida. Foram utilizados seis genótipos de melancia: (1-JNY, 2-ORA, 3-KOD, 4-SOL, 5-CHG e 6-PEA). O experimento foi instalado em Petrolina-PE, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Cinco descritores morfológicos de sementes foram avaliados: Comprimento(CS); Largura(LS); Relação do Comprimento Largura(CS/LS); Massa(MS); e Espessura da Semente(ES). A técnica de importância de caracteres e a distância entre os genótipos foram estimadas utilizando o método proposto por Singh e Mahalanobis, respectivamente. Como resultado, foi possível observar diferença significativa entre os genótipos para todas as características avaliadas, quanto ao teste de comparação entre médias, 'JNY' teve o melhor desempenho, seguido do genótipo 'KOD'. O dendrograma formou três grupos, 'JNY' isolado, seguido por 'KOD', 'SOL' e 'PEA', e o terceiro por 'ORA' e 'CHG'. A largura da semente foi a característica que mais contribuiu pra diversidade. Os resultados evidenciaram potencial dos genótipos para uso nos programas de melhoramento, por meio da recombinação genética, destacando-se os genótipos 'JNY' e 'KOD' que se mostraram os mais promissores para o desenvolvimento de frutos de melancia com tamanho de sementes menores.

PALAVRAS-CHAVE: Diversidade. Semente pequena. Recombinação.

EVALUATION OF THE POTENTIAL OF WATERMELON GENOTYPES FOR THE COMPOSITION OF NEW MATERIALS WITH REDUCED SEED SIZE

ABSTRACT: The objective of this study was to evaluate the potential of watermelon genotypes for the development of new commercial materials with reduced seed size. Six watermelon genotypes were used: (1-JNY, 2-ORA, 3-KOD, 4-SOL, 5-CHG and 6-PEA). The experiment was carried out in Petrolina-PE, in a randomized block design, with three replications. Five morphological descriptors of seeds were evaluated: Length (CS); Width (LS); Length-Width Ratio (CS/LS); Mass (MS); and Seed Thickness (ES). The trait importance technique and the distance between genotypes were estimated using the method proposed by Singh and Mahalanobis, respectively. As a result, it was possible to observe a significant difference between genotypes for all evaluated traits, regarding the comparison test between means, 'JNY' had the best performance, followed by the genotype 'KOD'. The dendrogram formed three groups, 'JNY' alone, followed by 'KOD', 'SOL' and 'PEA', and the third by 'ORA' and 'CHG'. Seed width was the characteristic that contributed most to diversity. The results showed the potential of the genotypes for use in breeding programs, through genetic recombination, with the genotypes 'JNY' and 'KOD' standing out as the most promising for the development of watermelon fruits with smaller seed size.

KEY-WORDS: Diversity. Small seed. Recombination.

ÁREA TEMÁTICA: Agronomia.

INTRODUÇÃO

A melancia [*Citrullus lanatus* (thunb.) Matsum & Nakai] é originária de Regiões Áridas e Semiáridas do continente Africano e teria sido introduzida no Brasil durante o tráfico de escravos (ROMÃO, 1995). Suas características organolépticas e nutricionais contribuem para que os frutos da melancia sejam bastante apreciados em diferentes partes do mundo, sobretudo nas regiões tropicais e subtropicais. Além disso, suas propriedades nutricionais e sabor refrescante, associadas ao baixo teor calórico fazem da fruta uma excelente alternativa para os adeptos dos mais variados regimes alimentares (GAMA e VIZA, 2008). No Brasil, o predomínio da cultivar Crimson Sweet e tipos semelhantes no mercado interno de comercialização dos frutos da melancia (SOUZA, 2008), são os mais plantados. No entanto, esses frutos apresentam sementes de tamanho maiores o que dificulta o seu consumo junto da polpa. Contudo, genótipos com tamanho de sementes reduzidas podem ganhar espaço no mercado, desde que essas sementes sejam facilmente consumidas junto da polpa, além da complementação nutricional devido a presença dos minerais (Ca, P, Mg, K, Zn, Fe) nas sementes (OYOLU, 1977; WEHNER, 2009). Outro benefício em se produzir frutos com tamanho de sementes pequenas é o total aproveitamento da polpa.

Contudo, antes de se iniciar um programa de melhoramento, independente da finalidade, deve ser levado em consideração o conhecimento da diferença genética entre os genótipos que serão utilizados como potenciais genitores, visto que é de fundamental importância no processo de identificação de novas fontes de genes de interesse para as espécies (FALCONER e MACKAY, 1996), e conseqüentemente reduz o risco de estreitamento da base genética. Com base nessas informações, o conhecimento sobre a diferença genética entre genótipos pode ser obtido por meio da avaliação da divergência genética, onde emprega-se, mais frequentemente, métodos preditivos, devido a economia de recursos dentro dos programas de melhoramento. Segundo Cruz e Regazzi (1994), existem alguns métodos preditivo, no entanto, os mais utilizados no melhoramento de plantas são: análise por componentes principais, análise por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos. Os métodos aglomerativos tem por finalidade reunir progenitores em grupos de forma que haja homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre os grupos, e dependem da estimativa prévia de medidas de dissimilaridades, obtidas pela Distância Euclidiana ou Generalizada de Mahalanobis, por levar em consideração as correlações residuais entre as características estudadas, e posteriormente a adoção de uma técnica de agrupamento para a formação dos grupos (CRUZ et al., 2004).

OBJETIVO

Avaliar o potencial de genótipos de melancia para o desenvolvimento de novos genótipos comerciais com tamanho de semente reduzida.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados seis genótipos de melancia (1-JNY, 2-ORA, 3-KOD, 4-SOL, 5-CHG e 6-PEA) da coleção de trabalho da Embrapa Semiárido. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizado com três repetições. Foram avaliadas dez sementes aleatórias por fruto, considerando um fruto de cada repetição, para os seguintes descritores de sementes: Comprimento (CS); Largura (LS); Relação do Comprimento Largura (CS/LS); Massa (MS); e Espessura da Semente (ES), todas as variáveis foram medidas com auxílio de paquímetro e os dados expressos em milímetro (mm), com exceção da massa em mg.

Foi realizada análise de variância para os dados de cada um dos caracteres avaliados, seguindo o modelo:

$$Y_{ij} = \mu + T_i + B_j + e_{ij}$$

Onde: Y_{ij} é a observação do i -ésimo tratamento do j -ésimo bloco; μ , o efeito da média geral; T_i , o efeito do i -ésimo tratamento; B_j , o efeito do j -ésimo bloco e e_{ij} o efeito do erro experimental.

Foi realizada o comparativo entre as médias dos genótipos, para todos os caracteres avaliados, utilizando o método de agrupamento desenvolvido por Tukey a 5% de significância ($p < 0,05$), seguindo o modelo:

$$DMS = q_{\alpha} (g, N - g)$$

Em que: n é o número de réplicas do tratamento (nível), q_{α} é um valor tabelado (Tabela do Teste de Tukey) e QME_{Erro} é o quadrado médio do erro.

A diversidade genética entre os genótipos foi determinada pela Distância Generalizada de Mahalanobis (CRUZ et al., 2012) seguindo o modelo:

$$D_{2ii'} = \delta' \psi^{-1} \delta$$

Em que:

$D_{2ii'}$: É a distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

ψ^{-1} : É a matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$\delta' = [d_1 \ d_2 \ \dots \ d_v]$, sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

Y_{ij} : Média do i -ésimo genótipo em relação a j -ésima variável.

Para representação da diversidade entre os genótipos por meio do dendrograma utilizou-se a técnica de agrupamento hierárquico de pareamento não ponderado dos acessos com base na média aritmética de D^2 (UPGMA). Para a contribuição relativa dos caracteres para a diversidade, foi empregada análise multivariada com a finalidade de conhecer a importância dos caracteres, utilizando a distância de Mahalanobis. As análises foram realizadas com o emprego do programa computacional GENES 1990.2022.27 (CRUZ, 2016).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram observadas diferenças significativas entre os genótipos para todos os descritores empregados (Tabela 1.). Evidenciando a existência de diferença genética no germoplasma da melancia para as características relacionadas a semente. O que assegura a recombinação desses materiais para o desenvolvimento de novos genótipos com tamanho de sementes menores, solucionando a problemática de genótipos com tamanho de sementes grandes para originar frutos com tamanho de sementes menores, além da complementação nutricional, decorrente do fácil consumo de sementes menores.

Tabela 1. Resumo da análise de variância para cinco características avaliados em genótipos de melancia.

FV	GL	Quadrados médios				
		CS	LS	CS/LS	MS	ES
Blocos	2	0,034	0,004	0,0001	5,56	0,008
Tratamentos	5	17,15**	8,49**	0,008**	2862,22**	0,095**
Resíduo	10	0,06	0,01	0,001	32,22	0,002
CV (%)		2,69	1,76	1,88	10,43	2,51
Média		9,21	5,92	1,57	54,44	1,9
Mínimo		5,67	3,50	1,49	20,00	1,58
Máximo		12,20	8,05	1,69	100,00	2,16

*Significativo ao nível de 5% de significância, **Significativo ao nível de 1%; ^{ns}Não significativo e CV Coeficiente de variação.

O teste de médias apresentado (Tabela 2.) evidencia o genótipo 'CHG' como o que se sobre saiu em relação aos demais, pois se destacou para o maior número de caracteres com exceção da CS/LS. Empregando, parcialmente, os mesmos descritores Ferreira et al., (2003) encontraram resultados similares para este genótipo, onde foram evidenciadas as maiores médias para os caracteres estudados. Em seguida o genótipo 'ORA' que se destacou para CS e LS; os genótipos 'SOL' e 'PEA' apresentaram comportamento intermediário para as variáveis CS, LS e CS/LS; por último os genótipos 'JNY' e 'KOD' com valores inferiores para todos os caracteres com exceção do CS/LS, o que indica maior uniformidade na forma das sementes. Ao empregarem esses mesmos descritores Nascimento et al., (2014), encontraram resultados similares, o que possivelmente evidencia a adaptação dos genótipos as condições ambientais em que foram submetidos. Visto que o ambiente pode influenciar no tamanho das sementes, no entanto, se for uma linha pura, ou seja, resultado de sucessivas autofecundações, porém a composição genética permanece a mesma (BUENO et al., 2006).

Os genótipos 'JNY' e 'KOD', por terem sido os últimos no agrupamento do teste de médias expressam potencial para o desenvolvimento de frutos com tamanho de semente pequena. Esses genótipos podem ser utilizados no desenvolvimento de frutos com menor tamanho de semente, visto que a variação fenotípica dos progenitores poderá ser herdada pela a descendência, principalmente quando existe uma mínima interferência ambiental na expressão genotípica das características.

Tabela 2. Teste de médias dos caracteres avaliados em genótipos de melancia.

Genótipos	Características				
	CS (mm)	LS (mm)	CS/LS (mm)	MS (mg)	ES (mm)
JNY	5,88 d	3,55 d	1,66 a	20,00 e	1,87 c
ORA	11,93 a	7,70 a	1,55 b	83,33 b	2,05 ab
KOD	7,80 c	4,93 c	1,58 ab	33,33 de	1,80 c
SOL	8,81 b	5,63 b	1,56 b	50,00 c	1,93 bc
CHG	12,00 a	7,98 a	1,51 b	100,00 a	2,11 a
PEA	8,83 b	5,75 b	1,53 b	40,00 cd	1,62 d

CS= Comprimento de semente; LS= Largura de semente; CS/LS= Relação do comprimento largura da semente; MS= Massa de semente; e ES= Espessura de semente.

Utilizou-se o método de Singh (1981), para identificar a característica que mais contribuiu para a divergência. A contribuição relativa dos caracteres (Tabela 3.), demonstra que para a divergência genética baseada em descritores de semente as variáveis LS e CS juntas representaram mais de 86% da contribuição, dando destaque para a LS que compreendeu mais de 50%, o que implica em dizer que é uma variável altamente eficiente para se caracterizar genótipos de melancia baseado na largura da semente. Por outro lado, Nascimento et al., (2014) estudaram a contribuição relativa de caracteres para semente em 12 genótipos de melancia, e sugeriram que a variável CS/LS fosse descartada, devido a menor contribuição (0,43) para a diversidade, na hora de se realizar a caracterização de genótipos de melancia, este resultado diverge do que foi encontrado no presente estudo, onde a sugestão é para a remoção da variável ES, devido ao baixo poder discriminatório para os genótipos avaliados. Esses resultados divergem, possivelmente, pela a quantidade de genótipos e a composição genética dos materiais avaliados em ambos os estudos. Levando, ainda, a inferir que cada genótipo tem um comportamento.

Tabela 3. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência.

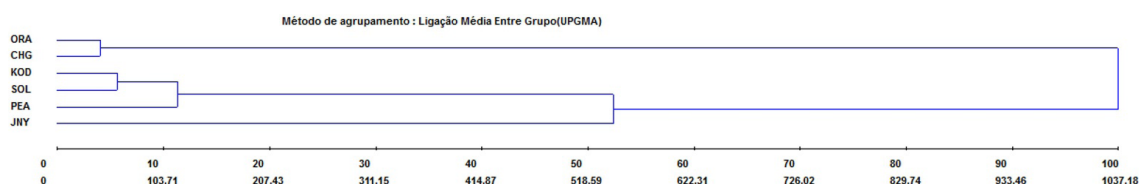
Variáveis	Valores (%)
LS (mm)	56,05
CS (mm)	30,15
MS (mg)	7,85
CS/LS (mm)	5,48
ES (mm)	0,47

CS= Comprimento de semente; LS= Largura da semente; CS/LS= Relação comprimento largura da semente; MS= massa da semente; e ES= espessura da semente.

Baseado na matriz de distância de Mahalanobis, os genótipos mais divergentes são 'JNY' e 'CHG' (2299.39), enquanto que os mais similares são 'ORA' e 'CHG' (41.66). Este fato é confirmado pela técnica de agrupamento hierárquica baseada na média não

ponderada dos pares de acessos (UPGMA). O dendrograma estabelece claramente a formação de três grupos, o primeiro formado pelo genótipo 'JNY', por ter apresentado o menor tamanho de semente, o segundo agrupamento pelos genótipos KOD, SOL e PEA, compondo o grupo dos materiais com tamanho de semente intermediário, e o terceiro grupo formado pelos genótipos ORA e CHG, por serem os materiais com os maiores tamanhos de semente (Figura 1), esses resultados são confirmados pela contribuição das características para a diversidade (Tabela 3) e pelo teste de comparação de médias.

Figura 1. Dendrograma construído pelo critério UPGMA a partir das distâncias generalizada de Mahalanobis entre genótipos de melancia.



CONCLUSÃO

Os genótipos avaliados apresentam grande potencial para uso nos programas de melhoramento da espécie, podendo serem aproveitados por meio da recombinação genética, destacando-se os genótipos 'JNY' e 'KOD' que se mostraram os mais promissores para o desenvolvimento de frutos de melancia com tamanho de sementes menores. Além disso, o caráter largura da semente seguido do comprimento foram às características que mais contribuíram para a divergência genética entre os genótipos avaliados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BUENO, L. C. de S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. de. Melhoramento genético de plantas: Princípios e procedimentos. Lavras: UFLA, Imprensa Universitária, 2006, 319p.

Cruz, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. Acta Scientiarum. v.38, n.4, p.547-552, 2016

WEHNER, L. L. T. C. **Inheritance of Fruit Characteristics in Watermelon [Citrullus lanatus (Thunb.) Matsum. & Nakai]**. 2009. 143p. Dissertação (Mestrado) Faculty of North Carolina State University, Raleigh.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T.F.C. Introduction to quantitative genetics. London: Longman, 1996. 464p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Universidade Federal de Viçosa, 2012. 514p.

FERREIRA, M. A. J. F. et al. Correlações genóticas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 3, p. 438-442, 2003.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.