

DIVERGÊNCIA GENÉTICA NUMA POPULAÇÃO F5 DE MELÃO

Marcelo Cavalcante

Engenheiro Agrônomo, Doutorando em Zootecnia/Forrageicultura, UFRPE, Email: marcelo.agronomia@gmail.com

Paulo Vanderlei Ferreira

Engenheiro Agrônomo, Doutor, Professor CECA/UFAL, Campus Delza Gitaí, BR 104 Norte, km 85, Rio Largo - AL,
Email - paulovanderleiferreira@bol.com.br

Stênio Lopes Paixão

Engenheiro Agrônomo, MSc/Produção Vegetal, UFAL, BR 104-Norte, km 85, CEP 57100-000, Rio Largo-AL, Email:
steniolopes@gmail.com

José Antônio da Silva Madalena

Engenheiro Agrônomo, Doutorando em Fitotecnia, UFAL, BR 104-Norte, km 85, CEP 57100-000, Rio Largo-AL,
Email: jasmufal@gmail.com

Rodrigo Gomes Pereira

Engenheiro Agrônomo, MSc/Produção Vegetal, UFAL, BR 104-Norte, km 85, CEP 57100-000, Rio Largo-AL, Email:
rgpereira2003@yahoo.com

RESUMO: Objetivou-se avaliar a divergência genética de uma população F5 representada por 131 genótipos de melão, pertencente ao Programa de Melhoramento Vegetal do CECA/UFAL. Os seguintes caracteres quantitativos foram avaliados: peso (PF), comprimentos longitudinal (CLF) e transversal (CTF); espessuras da casca (ECF) e da polpa (EPF) e número de sementes (NSF). Para a avaliação da divergência genética, utilizou-se a análise multivariada por meio do método dos componentes principais, cuja dispersão gráfica foi realizada a partir dos dois primeiros componentes e da distância euclidiana média padronizada, sendo o agrupamento entre os genótipos similares realizada pelo método de Tocher. Os resultados sugerem divergência genética entre os genótipos, indicados pelas duas técnicas utilizadas. Os dois primeiros componentes principais conseguiram explicar 72,36% da variabilidade existente, sendo as variáveis CTF e PF aquelas que mais contribuíram para a divergência. Verificou-se considerável divergência genética entre os genótipos e que alguns destes são promissores para uso em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: *Cucumis melo* L., melhoramento genético, análise multivariada.

GENETIC DIVERGENCE IN A F5 POPULATION MELON

ABSTRACT: The aim of this paper was to evaluate the genetic divergence of a melon population of the Plant Breeding Program from the Federal University of Alagoas. The following quantitative characteristics were evaluated: the fruit weight (FW), the longitudinal fruit (LFL) and transversal fruit (TFL) lengths; the skin (SFT) and the pulp's (SPF) thicknesses; and number of seeds (NSF). For the evaluation of the genetic divergence, a multi-varied analysis was used by means of the main component method, which graphical dispersion was done from the two first components and from the euclidean distance average standardized, being that the grouping among the similar families done by the Tocher Method. The results suggest genetic divergence among the families, indicated by the two techniques used. The two first main components were able to explain 72.36% of the existing variability, being the TFL and FW variables which contributed more to the divergence. Considerable genetic divergence among the families was verified and that some of these are promises for use in genetic improvement programs.

Key words: *Cucumis melo* L., genetic improvement, multivariate analysis.

INTRODUÇÃO

A cultura do melão (*Cucumis melo* L.), pertencente à família Cucurbitaceae, apresenta alto valor sócio-econômico para a Região Nordeste do Brasil, principalmente no Rio Grande do Norte, Ceará, Paraíba, Pernambuco e Bahia, Estados onde se concentram 90% da área total plantada do país. Dentre os Estados produtores, o Rio Grande do Norte se destaca por ser responsável por 90,6% das exportações dessa fruta (DIAS et al., 2000).

Na última safra, 2005/2006, a exportação do melão apresentou um aumento expressivo, tendo sido a segunda fruta mais exportada, com crescimento em volume (44%) e em valor (26%). Além disso, a produção apresentou um aumento de 20% para suprir o mercado interno e externo (TODA FRUTA, 2006).

O Estado de Alagoas, por meio do Programa de Melhoramento Vegetal do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas (CECA/UFAL), vem desenvolvendo pesquisas com o objetivo de obter variedades de melão para as condições edafoclimáticas das regiões produtoras de hortaliças do Estado, em conformidade com os padrões de exportação (FRUTISÉRIES, 2003), vindo, com isso, diversificar os produtos e melhorar a renda dos produtores. Contudo, um programa de melhoramento genético se embasa na existência de populações de alta variabilidade genética, cuja determinação poderá ser inferida por vários métodos. A escolha da metodologia mais adequada deve ser realizada em razão da precisão desejada, da facilidade de análise e da forma com que os dados foram obtidos (CRUZ et al., 1994).

CRUZ (1990) recomenda a utilização da metodologia dos componentes principais e da distância euclidiana média em experimentos que não contemplam repetições, por ser difícil a quantificação da influência do ambiente que atua sobre as constituições genéticas, sendo, portanto, recomendadas para avaliação em que o número considerado de genótipos inviabiliza a utilização de delineamento experimental.

Neste sentido, com a utilização da metodologia pertinente, a quantificação da divergência genética se traduz numa importante ferramenta que o melhorista pode lançar mão objetivando a identificação das combinações híbridas de maior efeito heterótico (CRUZ & REGAZZI, 2001).

Diante do exposto, este trabalho objetiva avaliar a divergência genética de uma população de melão do Programa de Melhoramento Vegetal da CECA - UFAL.

MATERIAL E MÉTODOS

Sementes de uma população F5 de melão, representada por 131 genótipos, pertencente ao banco de germoplasma do Programa de Melhoramento Vegetal do CECA/UFAL, proveniente do cruzamento das variedades Halle's Best x Americano, foram plantadas no espaçamento de 2,0 x 1,5 m, deixando-se duas plantas por cova, na área experimental do Campus A. C. Simões da UFAL, em janeiro de 2007, sendo os frutos colhidos a partir dos 70 dias após o plantio.

Por ocasião da colheita, foi sorteado um fruto por cova, sendo avaliados, no Laboratório de Melhoramento Vegetal do CECA/UFAL, seis caracteres quantitativos em cada fruto obtido, descritos a seguir: peso, em gramas, medido com uma balança analítica digital; comprimentos transversal e longitudinal, em centímetros; espessuras da polpa, em centímetros e da casca, em milímetros, ambas as medidas obtidas com o auxílio de um paquímetro; e número de sementes.

Em virtude das diferentes escalas de mensuração dos dados originais, esses foram padronizados e, em seguida, foi realizada a análise multivariada para a avaliação da divergência genética, utilizando-se o método dos componentes principais e da distância euclidiana média dos dados padronizados, seguindo as recomendações de CRUZ & REGAZZI (2001).

As variáveis de maiores pesos nos últimos autovetores foram consideradas de menor importância para a divergência genética e, portanto, susceptíveis de descarte.

Depois de determinada a divergência, realizou-se a dispersão gráfica dos genótipos a partir dos dois primeiros componentes principais e o agrupamento dos genótipos similares por meio do método de Tocher (CRUZ & REGAZZI, 2001). Estimativas de correlação fenotípica entre todos os caracteres foram realizadas, seguindo as recomendações de FERREIRA (2000). Todas as análises foram realizadas utilizando-se o software Genes (CRUZ, 1997).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos autovalores (λ_j) correspondentes aos primeiros componentes principais, suas variâncias associadas e os coeficientes de ponderação (autovetores) estão apresentados na Tabela 1.

De acordo com os dados avaliados referentes às seis variáveis (PF, CLF, CTF, ECF, EPF e NSF), os dois primeiros componentes principais explicam 72,36% da variabilidade existente. Este resultado está de acordo com LÓPEZ & HIDALGO (1994) e CRUZ & REGAZZI

(2001), que recomendam 70% ou mais da variância total para os dois primeiros componentes principais.

Resultados semelhantes foram encontrados por PAIVA (2002), na quantificação da divergência genética em linhagens de melão, conseguindo detectar uma contribuição relativa de 70% da variância total, sendo os sólidos solúveis totais e o formato do fruto as variáveis que mais contribuíram para a divergência; e RIZZO & BRAZ (2002), em melão rendilhado, que conseguiram explicar 72,03% da variância total a partir das variáveis diâmetro médio longitudinal do fruto e do lóculo, diâmetro médio transversal da inserção do pedúnculo ao fruto e o desprendimento das sementes.

LÓPEZ & HIDALGO (1994), estabeleceu a seleção dos componentes cujo valor próprio seja maiores que 1,00. Neste sentido, o primeiro componente principal

(3,3333) e o segundo (1,0085), atenderam aos critérios para inferência da divergência genética.

Observa-se ainda na Tabela 1 que, para o primeiro componente principal, as variáveis de maiores contribuições para discriminação dos genótipos foram o comprimento transversal e o peso do fruto com 0,4759 e 0,4705, respectivamente. No segundo componente, destacaram-se o número de sementes e a espessura da polpa do fruto com 0,7759 e -0,4373, respectivamente. Essas, portanto, seriam as variáveis mais responsivas nos processos seletivos entre os genótipos de melão. No entanto, quando avaliado o sexto componente principal, a variável que menos contribuiu para o processo seletivo, sendo, portanto, passiva de descarte, foi o comprimento transversal do fruto, cujo autovetor ou coeficiente de ponderação foi de -0,7626.

Tabela 1: Estimativas dos autovalores (λ_j) correspondentes às percentagens de variação explicadas pelos componentes principais e respectivos autovetores (coeficiente de ponderação) das seis variáveis¹ avaliadas em melão. Rio Largo, Estado de Alagoas, 2007.

Componentes Principais	Autovalores		Autovetores					
	λ_j	λ_j (%)	PF	CLF	CTF	ECF	EPF	NSF
Y1	3,3333	55,56	0,4705	0,4303	0,4759	0,3984	0,3853	0,2448
Y2	1,0085	72,36	0,0427	0,2666	-0,3635	0,0422	-0,4373	0,7759
Y3	0,7437	84,76	-0,1792	0,2497	0,0749	0,6468	-0,5693	-0,3969
Y4	0,4811	92,78	0,3692	0,6229	-0,1369	-0,5252	-0,1936	-0,379
Y5	0,2808	97,46	0,7800	-0,5109	-0,1883	0,156	-0,2456	-0,1025
Y6	0,1526	100,00	-0,0032	0,1803	-0,7626	0,3477	0,4883	-0,1627

¹: PF: peso do fruto; CLF: comprimento longitudinal do fruto; CTF: comprimento transversal do fruto; ECF: espessura da casca do fruto; EPF: espessura da polpa do fruto; NSF: número de sementes do fruto.

A identificação dos grupos, realizada pelo método de agrupamento proposto por Tocher a partir das distâncias euclidianas médias com os dados padronizados, possibilitou a divisão dos 131 genótipos em 21 grupos (Tabela 2), evidenciando a existência de significativa divergência na população F5 de melão.

Nesta análise, os grupos I, X e XII contiveram 2 genótipos cada; o grupo II foi formado por 52 genótipos; os grupos III e IV apresentaram 12 genótipos cada; o grupo V foi formado por 13 genótipos; o grupo VI apresentou 8 genótipos; o grupo VII foi formado por 4 genótipos; o grupo VIII conteve 7 genótipos; o grupo IX apresentou 5 genótipos; o grupo 11 com 3 genótipos e, finalmente, os grupos XIII, XIV, XV, XVI, XVII, XVIII, XIX, XX e XXI foram formados por apenas um genótipos.

Os genótipos que apresentaram maior e menor divergência genética foram as 29 e 109 e 29 e 93 com distâncias de 4,60 e zero, respectivamente. Este último

pode ser o caso da ocorrência de materiais em duplicata na coleção. Materiais deste tipo poderão ser descartados, a fim de diminuir o espaço e os custos desnecessários com sua conservação.

Com base nas análises realizadas (Tabela 2), espera-se encontrar alto grau de similaridade entre os genótipos pertencentes a um mesmo agrupamento. Dessa forma, visando futuros trabalhos de melhoramento, cruzamentos devem ser realizados entre os genótipos de grupos diferentes. Neste sentido, os cruzamentos entre os grupos I x XV, I x XVIII, VI x XVIII e IX x XVIII proporcionam as combinações híbridas mais promissoras para o programa de melhoramento.

AMARAL JÚNIOR (1999) e SOUZA et al. (2005), encontraram resultados promissores utilizando a técnica de agrupamento de Tocher na avaliação da divergência genética de moranga e melancia, respectivamente, corroborando com os resultados obtidos na presente pesquisa.

Na Tabela 3, estão apresentadas as estimativas do coeficiente de correlação linear simples entre as seis variáveis estudadas. As associações entre CTF x NSF e EPF x NSF não se correlacionaram significativamente pelo teste t a 5% de probabilidade. Por outro lado, as correlações PF x CLF e PF x CTF, com 0,65 e 0,66, respectivamente, foram significativas pelo teste t a 1% de probabilidade. Correlações significativas de alta magnitude foram encontradas entre CTF x EPF e CTF x ECF, com 0,63 e 0,71, respectivamente.

Uma vez que o comprimento transversal do fruto é uma variável passiva de descarte pela metodologia dos componentes principais, esta poderá ser descartada, sem qualquer margem de erro, por apresentar correlação significativa de alta magnitude com a espessura da polpa

e casca do fruto. Em outras palavras, a EPF e a ECF poderão explicar o CTF.

De acordo com a Figura 1, para fins de melhoramento e de acordo com a técnica dos componentes principais, demonstrada pelo gráfico de dispersão, infere-se que os genótipos mais divergentes foram as 29 x 109 e 29 x 106, corroborando com os resultados obtidos pela metodologia de agrupamento de Tocher. Estes resultados indicam, teoricamente, as combinações híbridas de maior efeito heterótico.

Baseado nas características apresentadas na Tabela 4, os cruzamentos direcionados entre os genótipos 45 x 106, 51 x 106, 54 x 106 são aqueles de maior interesse dentro do programa de melhoramento da UFAL

Tabela 2. Composição de agrupamento estabelecida pelo método de Tocher aplicado à matriz da distância euclidiana média padronizada entre 131 genótipos de uma população F5 de melão avaliado por seis características de frutos. Rio Largo, Estados de Alagoas, 2007.

Agrupamento	Número de genótipos	genótipos
I	2	29; 93
II	52	7; 110; 111; 112; 99; 3; 62; 123; 68; 81; 116; 115; 119; 66; 2;31; 27; 61; 56; 53; 84; 103; 80; 15; 73; 25; 125; 96; 121; 21; 126; 57; 117; 98; 76; 20; 131; 8; 16; 71; 36; 127; 17; 129; 124; 70; 85; 105; 95; 74; 64; 78;
III	12	35; 65; 28; 41; 55; 49; 47; 48; 44; 6; 33; 26
IV	12	13; 97; 67; 39; 60; 10; 69; 88; 4; 82; 120; 9
V	13	72; 100;130; 107; 122; 101; 113; 114; 83; 89; 104; 92; 118
VI	8	45; 59; 40; 34; 12; 52; 54; 46
VII	4	11; 90; 75; 128
VIII	7	43; 58; 38; 32; 42; 94; 14
IX	5	19; 91; 51; 30; 77
X	2	22; 23
XI	3	18; 87; 86
XII	2	1; 63
XIII	1	50
XIV	1	24
XV	1	109
XVI	1	108
XVII	1	37
XVIII	1	106
XIX	1	79
XX	1	102
XXI	1	5

Tabela 3. Estimativa dos coeficientes de correlação linear simples de seis caracteres do fruto entre 131 genótipos de uma população F5 de melão avaliado por seis características¹ do fruto. Rio Largo, Estado de Alagoas, 2007.

CARACTERES	CLF	CTF	ECF	EPF	NSF
PF	0,65**	0,66**	0,47**	0,57**	0,38**
CLF	-	0,56**	0,53**	0,32**	0,38**
CTF		-	0,63**	0,71**	0,13 ns
ECF			-	0,28**	0,26**
EPF				-	0,16 ns

¹: PF: peso do fruto; CLF: comprimento longitudinal do fruto; CTF: comprimento transversal do fruto; ECF: espessura da casca do fruto; EPF: espessura da polpa do fruto; NSF: número de sementes do fruto.

** e ns: significativo e não significativo no nível de 1 e 5% de probabilidade pelo teste t, respectivamente.

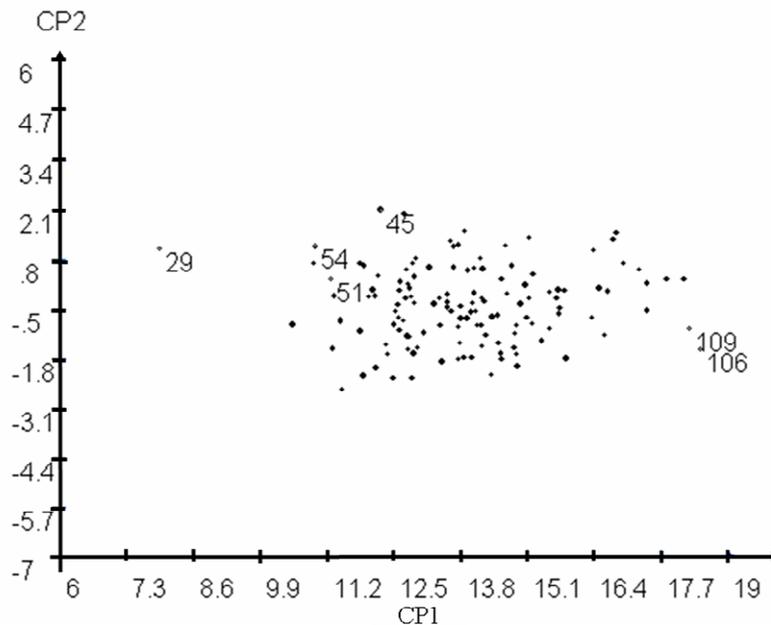


Figura 1. Dispersão de 131 genótipos de uma população F5 de melão em relação aos dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2). Rio Largo, Estado de Alagoas, 2007.

Tabela 4. Peso (g), espessura da polpa e comprimentos longitudinal e transversal (cm) de frutos de seis genótipos de melão. Rio Largo, Estado de Alagoas, 2007.

Genótipos	Variáveis			
	Peso do Fruto	Espessura da polpa	Comprimentos	
			Longitudinal	Transversal
29	1080	5,0	6,7	4,8
45	670	5,0	12,5	11,0
51	620	5,2	13,5	10,5
54	640	5,2	11,5	10,6
106	1930	10,0	17,0	16,0
109	1700	8,0	17,6	18,0

CONCLUSÕES

- 1) Verifica-se considerável divergência genética na população F5 de melão e que alguns genótipos são promissoras para uso em programas de melhoramento genético.
- 2) Os genótipos 45, 51, 54 e 106 são recomendadas para uso em programas de melhoramento genético do meloeiro.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMARAL JÚNIOR, A.T. Divergência genética entre acessos de moranga do banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Viçosa. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 17, p. 03-06, 1999.

CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188p (Tese Doutorado). Curso de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, ESALQ/USP.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV. 1997. 420p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Imprensa Universitária. 2001. 585p.

CRUZ, C.D. et al. Estudo sobre divergência genética III. Comparação de técnicas multivariadas. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 41, p. 191-201, 1994.

DIAS, N.S. et al. Produção de melão sob duas densidades de plantio em diferentes tipos e espaçamentos de gotejadores. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 4, p. 321-326, 200.

FERREIRA, P.V. **Estatística Experimental Aplicada à Agronomia**. Maceió: EDUFAL. 2000. 419p.

FRUTISÉRIES. **Ceará: Melão**. Brasília, Ministério de Integração Nacional, 2003. Capturado em: 09 Mai. 2007. Disponível na internet: http://www.seagri.ce.gov.br/siga/frutiseries_2_CE_Melao.pdf.

LÓPEZ, J.A.; HIDALGO, M.D. Análisis de componentes principales y análisis factorial. In: ATO, M.; LÓPEZ, J.J. (eds). **Fundamentos de estadística com Systat**. Addison Wesley Ibero-Americana. 1994, p. 457-503.

PAIVA, W.O. Divergência genética entre linhagens de melão e a heterose de seus híbridos. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, p. 34-37, 2002.

RIZZO, A.A.N.; BRAZ, L.T. Divergência genética entre cinco genótipos de melão rendilhado. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, p. 171-173, 2002.

SOUZA, F.F. et al. Divergência genética em linhagens de melancia. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, p. 179-183, 2005.

TODA FRUTA. **Produtores de Melão se Mobilizam para Garantir a Produtividade**. Capturado em 06 de jul. 2006. Disponível na internet:

http://www.todafruta.com.br/todafruta/mostra_cont_eudo.asp?conteudo=12148.