

Utilização de caracteres de sementes para estimar diversidade genética entre acessos de melancia armazenados em Banco de Germoplasma

Ícaro Fernandes de Sousa¹; Osmar Vieira de Carvalho Júnior¹; Geisiane Varjão dos Santos¹; Adelmo Andrade Souza¹; Meiriane Dias de Souza¹; Isa Gabriela Vieira de Andrade¹; Mariana Neto Rosa Lima²; Izaías da Silva Lima Neto³

¹Graduando. Universidade Federal do Vale do São Francisco (UNIVASF), *Campus* de Ciências Agrárias (CCA). CEP: 56300-990, Petrolina, PE. icaro_fernandes@hotmail.com; geisavarjao@hotmail.com; junior_carvalho_10@hotmail.com; adelmo_andrade@hotmail.com; meirianedias@hotmail.com; isagva@hotmail.com; ²Mestranda. Universidade do Estado da Bahia (UNEB). Juazeiro, BA. mari.netorosa@hotmail.com. ³Docente. Universidade Federal do Vale do São Francisco (UNIVASF), *Campus* de Ciências Agrárias (CCA). CEP:56300-990, Petrolina, PE. izaiaas.limaneto@univasf.edu.br.

Palavras chave: recursos genéticos, *Citrullus lanatus*, dissimilaridade.

Introdução

A cultura da melancia [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum & Nakai] possui um amplo número de cultivares no mercado, atendendo às diferentes características edafoclimáticas das regiões brasileiras com diferentes padrões de frutos para atender diferentes exigências de mercado (Fontes, 2005), embora nem sempre apresentem tolerância a patógenos. Em programas de melhoramento genético a escolha dos acessos que irão gerar cultivares de alta performance dependendo conhecimento de variabilidade existente nos bancos de germoplasma. Em situações nas quais não se possui informações sobre o desempenho agrônomo dos acessos, a caracterização quali e quantitativa das sementes surge como estratégia adicional para prever a diversidade genética e minimizar a aleatoriedade no processo de escolha de acessos a serem avaliados, uma vez que quanto maior for a variabilidade genética entre os mesmos maior será a possibilidade de sucesso no programa de melhoramento (Lopes et al., 2011).

O banco de germoplasma de hortaliças da UNIVASF (BGH/UNIVASF) possui acessos que na sua maioria foram coletados na forma de semente, faltando informação para a escolha de acessos mais divergentes. Assim, faz-se necessário realizar sua caracterização e estabelecer a diversidade para estudos com as mais diversas finalidades. Dessa forma, o presente trabalho buscou utilizar informações quanti e qualitativas de sementes de acessos de melancia do Banco de Germoplasma de Hortaliças da UNIVASF visando prever a diversidade genética da coleção e subsidiar a seleção de genótipos divergentes para as mais diversas finalidades.

Material e Métodos

O presente trabalho foi realizado no laboratório de Olericultura da Universidade Federal do Vale do São Francisco (UNIVASF), em setembro de 2015. Foram avaliadas cinco sementes de 175 acessos de melancia do Banco de Germoplasma de Hortaliças (BGH) da Universidade Federal do Vale do São Francisco (UNIVASF), coletados na agricultura tradicional de sete municípios do Semiárido de Pernambuco. As variáveis mensuradas foram comprimento da semente, largura da semente, espessura da semente, relação comprimento/largura e peso. Para as características qualitativas avaliou-se cor da semente, presença de pleurograma, tipo de pleurograma, cor do pleurograma, presença de manchas, tipo de mancha, cor da mancha e cor do canalículo. O delineamento foi inteiramente casualizado e os dados foram submetidos à análise multivariada e as matrizes de dissimilaridade provenientes de dados quantitativos e qualitativos foram somadas para obtenção do agrupamento pela técnica de Tocher.

Resultados e Discussão

Observou-se a separação dos acessos analisados de acordo com as características quantitativas e qualitativas de sementes em dois grupos, sendo um formado unicamente pelo acesso 110 e o outro pelos demais acessos (Tabela 1). Devido à alta dissimilaridade desse acesso em relação aos demais optou-se por fazer uma nova análise dentro do grupo I para a obtenção de um novo agrupamento e poder discriminar melhor os acessos desse grupo composto por 174 acessos.

Na segunda análise observou-se maior separação entre os acessos (Tabela 2). No grupo I foram alocados 64 acessos, seguidos de 58, 20, 18 e 5 para os grupos II, III, IV e V respectivamente. Os grupos VI e VII ficaram com dois acessos cada, enquanto os grupos VIII e IX ficaram com um acesso cada.

A partir dos agrupamentos obtidos observou-se a formação de dez grupos que possuem maior diversidade genética com base nas características morfológicas das sementes. A seleção de acessos pertencentes a grupos genéticos distintos poderá subsidiar a escolha de acessos mais divergentes para características intrínsecas à própria semente ou para as mais diferentes finalidades. Diversos trabalhos buscaram agrupar acessos por meio de análises multivariadas para obtenção de informações úteis para os programas de melhoramento. Nascimento et al. (2014) buscaram selecionar genitores com potencial para o

desenvolvimento de populações de melancia com sementes pequenas por meio de análise multivariada de características quantitativas de sementes, obtendo os acessos mais dissimilares e mais aptos ao objetivo do programa.

Tabela 1. Agrupamento de 175 acessos pelo método de otimização de Tocher a partir da caracterização quantitativa e qualitativa de sementes de melancia.

Grupo	Acesso																				
I	86	121	118	51	148	122	117	134	138	9	128	120	162	77	12	103	25	156	127		
	28	96	144	2	1	113	136	142	161	146	137	147	159	31	90	139	133	169	59		
	174	155	123	107	21	101	5	104	79	89	45	75	131	108	100	19	15	56	112	49	
	40	92	71	6	39	50	97	72	33	34	41	149	125	73	66	48	83	124	26	170	44
	63	132	160	102	129	173	141	64	114	157	154	76	7	62	47	13	116	65	36	68	
	16	3	43	168	91	119	94	85	29	130	82	52	87	11	115	135	37	8	57	166	165
	80	58	172	98	164	175	126	81	46	55	67	35	42	30	167	38	171	158	143	53	
	20	95	23	99	93	106	69	88	140	54	24	14	10	151	22	145	60	27	163	61	84
	153	152	32	78	70	109	17	111	4	74	150	105	18								
	II	110																			

Tabela 2. Agrupamento de 174 acessos pelo método de otimização de Tocher a partir da caracterização quantitativa e qualitativa de sementes de melancia.

Grupo	Acesso																					
I	86	121	118	51	148	122	117	134	138	9	128	120	162	77	12	103	25	156	127			
	127	28	96	144	2	1	113	136	142	161	146	137	147	159	31	90	139	133	169	59		
	169	59	174	155	123	107	21	101	5	104	79	89	45	75	131	108	100	19	15	56	112	49
	56	112	49	40	92	71	6	39	50	97	72	33										
II	16	43	168	3	91	34	130	94	52	119	29	82	85	11	87	48	115	135	37	154		
	47	13	7	76	116	62	36	65	68	114	64	157	8	164	57	129	173	166	165			
	132	41	80	58	141	175	66	44	63	83	124	26	149	125	73	170	160	102	172			
III	152	153	61	84	32	4	145	60	70	27	163	17	167	109	78	74	111	151	30	54		
IV	93	106	95	23	99	143	158	53	88	171	140	69	20	67	35	14	46	55				
V	105	150	18	24	42																	
VI	81	126																				
VII	10	38																				
VIII	22																					
IX	98																					

Conclusão

O uso de caracteres de sementes para estimar a diversidade genética entre acessos de melancia pertencentes ao BAG/UNIVASF possibilitou a formação de dez grupos que poderão subsidiar a seleção de genitores divergentes para futuros trabalhos relacionados às mais diversas características agrônomicas.

Referências bibliográficas

- FERREIRA, M. A. J.F.; QUEIRÓZ, M. A; BRAZ, L. T; VENCOSKY, R. Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. **Horticultura Brasileira**, v. 21, n. 3, p. 438-442. 2003.
- FONTES, P. C. R. **Olericultura: Teoria e prática**. 2ª. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2007. 486 p.
- LOPES, M.A; FÁVERO, A. P; FERREIRA, M.A.J.F; FALEIRO, F.G; FOLLE, S.M; GUIMARAES, E.P. **Pré-melhoramento de plantas: estado da arte e experiências de sucesso**. 1ª. ed. Embrapa Informações Tecnológicas, 114 p. 2011.
- NASCIMENTO, T.L.; SOUZA, F.F.; DIAS, R.C.S; BRITO, E.T.S.; SANTOS, D.E.P.S.; SOUSA, I.I. Uso de técnicas multivariadas na seleção de genitores potenciais para desenvolvimento de populações de melancia de sementes pequenas. In.: ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, XX., 2014, Campina Grande-PB, **Anais...** Campina Grande-PB: SBG, 2014, p. 271.