

# DIVERGÊNCIA GENÉTICA E CONTRIBUIÇÃO DE DESCRITORES PARA CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE MELANCIA

Gerffeson Thiago Mota de Almeida Silva<sup>1</sup>; Rayanne Maria Paula Ribeiro<sup>2</sup>; Hugo Ferreira<sup>3</sup>; Giordanio Bruno Silva Oliveira<sup>3</sup>; Lindomar Maria da Silveira<sup>4</sup>; Rafaela Priscila Antônio<sup>5</sup>; Aurélio Paes Barros Júnior<sup>6</sup>

<sup>1</sup> M.Sc. Produção Vegetal, Universidade Federal Rural de Pernambuco/Unidade Acadêmica de Serra Talhada, Serra Talhada, PE, Brasil, gtmas@hotmail.com

<sup>2</sup> Mestranda em Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil, rayanne\_tab@hotmail.com

<sup>3</sup> Graduando em Agronomia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil, hugopinheiro35@gmail.com, giordaniobruno\_1@hotmail.com

<sup>4</sup> D.Sc. em Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil, lindomarmaria@ufersa.edu.br.

<sup>5</sup> D.Sc. em Genética e melhoramento de plantas, Embrapa Semiárido, Petrolina, PE, Brasil, rafaela.antonio@embrapa.br

<sup>6</sup> D.Sc. em Produção Vegetal, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil aurelio.barros@ufersa.edu.br

A melancia [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai], uma das cucurbitáceas mais cultivadas no mundo, tem como um dos fatores limitantes de produção sua estreita base genética, que contribui para a sua elevada suscetibilidade a problemas fitossanitários. Contudo, a utilização de cultivares tradicionais tem contribuído para o melhoramento da cultura. Assim, objetivou-se com esse trabalho caracterizar genótipos de melancia provenientes do Nordeste brasileiro em duas épocas de cultivo. Os experimentos foram conduzidos na Horta Experimental do Departamento de Ciências Vegetais da Universidade Federal Rural do Semi-Árido, DCV – UFRSA, Mossoró-RN. Trinta sementes de cada genótipo, acesso/cultivar, foram semeadas em bandejas de poliestireno expandido com 128 células, contendo substrato comercial para produção de mudas de cucurbitáceas. As bandejas foram mantidas em casa de vegetação até o transplântio para campo que foi realizado quando as plântulas apresentaram a segunda folha definitiva. A irrigação adotada foi a localizada por gotejamento realizada duas vezes ao dia. Em campo adotou-se delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e 22 tratamentos (20 acessos e duas cultivares comerciais). A parcela experimental foi constituída por cinco plantas espaçadas por 3,0 m entre fileiras e 0,9 m entre plantas. A adubação e os tratos culturais foram os recomendados para a cultura. Quando da floração as plantas foram submetidas a polinizações controladas para obtenção de progênes endogâmicas. Foram aplicados os descritores: comprimento do ramo principal (CRP); número de ramos secundários (NRS); diâmetro do ramo principal (DRP); massa dos frutos (MF); formato do fruto (FF); Diâmetro transversal (DT); espessura da casca na região peduncular (EP); comprimento do fruto (CF); espessura da casca na região inferior (EI); espessura da casca na lateral esquerda (EE); espessura da casca na região lateral direita (ED); cor da polpa (CP); cor externa do fruto (CE); padrão de listras (PL) e teor de sólidos solúveis (SS). Os dados foram submetidos à análise de variância individual e conjunta. Para os estudos de diversidade genética realizou-se agrupamento pelo método de Tocher e avaliou-se a contribuição relativa dos descritores para a divergência genética. Observou-se diferença entre a maioria dos genótipos avaliados. O agrupamento de Tocher foi eficiente em separar os acessos em sete grupos. Com relação a contribuição dos descritores para a divergência genética observou-se variação quando consideradas as diferentes épocas de cultivo. Os descritores PL, CP, CF, DT, FF, EP, PF e C contribuíram com 79,12% para a determinação da divergência genética entre os acessos quando avaliados na primeira época de cultivo. Na segunda época, os descritores que mais contribuíram para a expressão da divergência foram CP, FF, PL, SS, ED, PF, EE, CF, EI e EP, explicando 80,23% da dissimilaridade total. Para a análise conjunta, os descritores PL, CP, FF, CF, EP, EE, PF, ED e SS explicaram 82,91 % das diferenças. Existe variabilidade genética entre os acessos estudados. Embora a maior parte dos descritores responsáveis pela divergência observada na primeira época também tenham contribuído para explicar a divergência na segunda época, sua contribuição relativa foi diferenciada, bem como para a análise conjunta, podendo-se inferir que os descritores podem ter sido influenciados pela época de cultivo.

Agradecimentos: CNPq/INSA, UFRSA, UFRPE/UAST.