

AValiação Morfológica de Genótipos Diplóides de Melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai. Souza, F. de F.¹; Gama, F. de C.². ¹Eng. Agrônomo, M.Sc. Pesquisador Embrapa Rondônia, C.P. 406, CEP 78700-970, Porto Velho, Rondônia (flaviofs@cpafro.embrapa.br); ²Bolsista CNPq/UNIR/Embrapa Rondônia.

Este trabalho objetivou estudar a variação quantitativa de caracteres morfológicos em plantas diplóides de melancia, pertencentes aos genótipos 'Peacock', 'Sugar Baby' e 'BA-09'. O experimento foi realizado em casa de vegetação, na Embrapa Rondônia, em Porto Velho-RO. As plantas foram cultivadas em vasos plásticos, distribuídos em delineamento inteiramente casualizado com 12 repetições. Os tratamentos foram avaliados quanto ao número de dias para antese das primeiras flores masculina (NDPM) e feminina (NDPF), número das gemas onde ocorreram as anteses das primeiras flores masculina (NGPM) e feminina (NGPF), número de lobos foliares (NMLF), diâmetro médio da corola em flores masculinas (DMCM) e femininas (DMCF), diâmetro médio do ovário (DMOV), relação entre o diâmetro da corola e o diâmetro do ovário (CF/OV), comprimento (CMFH) e largura da folha (LMFH), massa do fruto (MMFR), comprimento (CMFR) e largura do fruto (LMFR), espessura de casca na região do pedúnculo (ECRP), número de sementes por fruto (NSFR), largura (LMSE) e comprimento (CMSE) da semente. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de Scott & Knott ao nível de 1% de probabilidade. Verificaram-se diferenças significativas para todos os caracteres, os quais apresentaram as seguintes amplitudes: NDPM [32 a 38 dias]; NDPF [33 a 42 dias]; NGPM [4 a 9 gemas]; NGPF [7 a 14 gemas]; NMLF [9 a 22 lobos]; DMCM [2,43 a 3,05 cm]; DMCf [2,43 a 2,88 cm]; DMOV [0,68 a 0,96 cm]; CF/OV [3,00 a 3,53]; CMFH [12,7 a 14,2 cm]; LMFH [13,1 a 15,4]; MMFR [0,53 a 2,11 kg]; CMFR [9,6 a 21,2 cm]; LMFR [9,8 a 14,6 cm]; ECRP [1,25 a 1,90 cm]; NSFR [152 a 654 sementes]; LMSE [5,15 a 7,20 mm] e CMSE [8,20 a 10,98 mm]. Os resultados indicam que a variabilidade observada deriva da divergência genética entre os genótipos estudados.