Desempenho agronômico e divergência genética de genótipos de melancia.

<u>Flávio de França Souza¹</u>; Elizângela Ferreira de Melo Costa²; Rita de Cássia de Souza Dias³; Manoel Abilio de Queiróz⁴.

¹Embrapa Rondônia, C.P. 406, 78900-970, Porto Velho-RO. E-mail:<u>flaviofs@cpafro.embrapa.br;</u> ²Faculdade São Lucas, Rua Alexandre Guimarães 1927, Areal, CEP. 78916-450, Porto Velho − RO ³Embrapa Semi-Árido, C.P. 23, CEP 56302-970, Petrolina-PE; ⁴DTCS-UNEB, C. Postal 171, 48900-000, Juazeiro-BA.

Resumo

O presente trabalho objetivou avaliar o desempenho agronômico e estimar a divergência genética entre genótipos de melancia, avaliados. O ensaio foi conduzido na Estação Experimental da Embrapa Rondônia, em Presidente Médici-RO. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados, com 15 tratamentos, quatro repetições e parcelas de 10 plantas. Os tratamentos constituíram-se de híbridos comerciais e linhagens F₆ e F₈ da Embrapa Rondônia. Avaliaram-se: peso de fruto (PMF), teor de sólidos solúveis (TSS); Diâmetro longitudinal (DLF) e transversal (DTF) de fruto; relação DLF/DTF; espessura de casca no pedúnculo (ECP) e na cicatriz floral (ECF), número de sementes por fruto (NSF), comprimento (CDS) e largura de sementes (LDS); e produtividade (PRD). Estimou-se a importância relativa dos caracteres usando método de Singh. Agruparam-se os genótipos utilizando-se o método hierárquico de Ward, baseado na distância de Mahalanobis. Verificou-se grande variabilidade no germoplasma avaliado e o híbrido 'Starbrite' apresentou melhor desempenho agronômico. As linhagens Cpafro 1061 e Cpafro 2085 foram os genótipos mais similares e os híbridos TPC00250 e 'Mirage' foram os mais divergentes. O DLF foi a variável com maior participação na divergência genética entre os genótipos. Houve a formação de dois grupos de divergência, sendo o primeiro composto pelos híbridos 'Mirage' e 'Starbrite' e o segundo pelos demais genótipos ['Top Gun'; 'Jetstream'; TPC00250; TPC 00398, 'Eureka', TPC00248, TPC00779 e linhagens da Embrapa Rondônia].

Palavras-chaves: Citrullus lanatus; análise multivariada; melhoramento genético.

Abstract: Agronomical performance and genetic divergence in watermelon genotypes.

This work aimed to evaluate agronomic performance and estimate genetic divergence among watermelon genotypes. The assay was carried through in the Experimental Station of the Embrapa Rondônia, in Presidente Médici-RO. It was used randomized blocks design, with 15 treatments, four replications and 10 plants per plot. Treatments were composed by commercial hybrids and F_6 and F_8 watermelon lines of the Embrapa

Rondônia. The evaluated traits were: weight of fruit (PMF), total soluble solid (TSS); longitudinal (DLF) and transversal (DTF) diameter of the fruit; quotient DLF/DTF; thickness of rind in the stalk (ECP) and in the floral scar (ECF), number of seeds per fruit (NSF), length (CDS) and width of seeds (LDS); e yield (PRD). Relative importance of the characters was esteemed using the Method of Singh. The genotypes were clustered using the hierarchic method of Ward, based on the distance of Mahalanobis. Large variability was verified in the germplasm and the hybrid 'Starbrite' presented better agronomic performance. The lines Cpafro 1061 and Cpafro 2085 were the most similar genotypes, while the hybrids TPC00250 and 'Mirage' were the most divergent. DLF was the trait with larger participation in the genetic divergence among the genotypes. Two clusters were formed, being the first composed by the hybrids 'Mirage' and 'Starbrite' and the second by the others genotypes ['Top Gun'; 'Jetstream'; TPC00250; TPC 00398, 'Eureka', TPC00248, TPC00779 and all lines from Embrapa Rondônia].

Key-words: *Citrullus lanatus*; two way analysis; genetic breeding.

Introdução

O germoplasma da espécie *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai apresenta grande variabilidade genética o que facilita o seu melhoramento genético. No entanto, para realização de um programa eficiente de melhoramento é necessário reunir o maior número possível de informações relevantes sobre o germoplasma a ser utilizado. Portanto, a relação entre os progenitores envolvidos em cruzamentos será útil na identificação das combinações híbridas mais promissoras e na visualização do potencial genético de futuras linhagens (CRUZ; REGAZZI, 1989).

O presente trabalho teve como objetivo a avaliação do desempenho agronômico e a determinação da divergência genética entre genótipos de melancia.

Material e Métodos

O experimento foi conduzido entre março a junho de 2006, na Estação Experimental da Embrapa Rondônia, em Presidente Médici - RO. Foi utilizado o delineamento de blocos casualizados, com 15 tratamentos (Tabela 1), quatro repetições e 10 plantas/parcela. Utilizou-se espaçamento de 3,0m x 1,0m e 90-150-120 kg/ha de NPK + 20kg/ha de micronutrientes. Os tratos culturais e fitossanitários foram realizados conforme as recomendações para a cultura no Estado (NASCENTE; SOUZA, 2002). Avaliaram-se: peso de fruto, teor de sólidos solúveis; diâmetro longitudinal e transversal de fruto; relação diâmetro longitudinal e transversal de fruto; espessura de casca na região do pedúnculo e na região da cicatriz floral, número de sementes por fruto, comprimento e largura de

sementes e produtividade. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram comparadas por meio do teste de Scott & Knott. As medidas de dissimilaridade foram calculadas por meio da distância generalizada de Mahalanobis e o agrupamento das linhagens foi realizado utilizando-se o método hierárquico de Ward. A contribuição relativa das variáveis para a divergência genética foi determinada utilizando o critério proposto por Singh. O aplicativo GENES foi utilizado para realização de todos os procedimentos estatísticos.

Resultados e Discussão

As linhagens e os híbridos TPC 00248, TPC 00398, TPC 00779 e TPC 00250 apresentaram plantas mais compactas, com menor comprimento de rama. Maiores frutos foram produzidos pelos híbridos 'Mirage', 'Starbrite' e 'Jetstream', sendo que 'Starbrite' e 'Mirage' apresentaram frutos alongados e de casca espessa. O teor de sólidos solúveis de todos os genótipos foi satisfatório. Maior número de sementes foi observado em TPC 00398 e 'Jetstream', enquanto, 'Top Gun' e 'Jetstream' apresentaram sementes maiores. Finalmente, o genótipo mais produtivo e com melhor desempenho agronômico foi 'Starbrite' (Tabela 1).

A menor distância entre dois genótipos foi observada entre as linhagens Cpafro 1061 e Cpafro 2085, o que demonstra a similaridade entre esses genótipos. Por outro lado, a maior distância foi observada entre os híbridos TPC 00250 e 'Mirage', os quais compuseram o par mais divergente e dos quais espera-se obter os cruzamentos mais heteróticos (Tabela 2).

Considerando-se as variáveis avaliadas, o diâmetro longitudinal de fruto apresentou a maior importância para a divergência entre os genótipos, seguido do peso de fruto e do comprimento de semente (Tabela 3).

Com base Figura 1, verificou-se a formação de dois grupos: GI ['Starbrite' e 'Mirage'], e GII [demais genótipos]. Em GII, observou-se a ocorrência de dois subgrupos: SGI ('Top Gun' e 'Jetstream') e SGII (pelos demais genótipos).

Literatura Citada

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. *Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético.* Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1997. 390p.

NASCENTE, AS.; SOUZA, F.F. *A cultura da melancia em Rondônia*. Porto Velho: Embrapa Rondônia, 2002 (Comunicado Técnico, 52).

Tabela 1. Avaliação de genótipos de melancia em Rondônia. Presidente Médici, 2006.

Trat	CRP (m)	PMF (kg)	TSS (brix)	DLF (cm)	DTF (cm)	DL/DT	ECF (cm)	ECP (cm)	NSF (unid)	PCS (g)	LDS (mm)	CDS (mm)	PRD (t/ha)
1	2,90 b	3,86 c	11,4 a	20,3 c	18,5 b	1,09 b	1,08 a	1,47 B	288,0 B	4,62 d	5,24 d	8,01 d	16,1 d
2	2,64 b	3,64 c	11,1 a	19,5 c	18,6 b	1,05 b	1,13 a	1,37 B	247,5 B	5,70 b	5,66 c	8,91 b	16,3 d
3	2,65 b	2,69 c	11,3 a	17,5 c	17,0 b	1,03 b	0,82 b	1,07B	204,0 B	5,34 c	5,73 c	9,03 b	13,4 d
4	2,64 b	3,57 c	11,6 a	19,3 c	17,9 b	1,07 b	1,03 b	1,29 B	282,3 B	5,17 c	5,74 c	8,79 c	15,1 d
5	2,64 b	3,44 c	10,9 a	19,3 c	18,1 b	1,07 b	0,87 b	1,26 B	282,8 b	4,73 d	5,50 c	8,47 c	16,6 d
6	2,80 b	3,67 c	11,5 a	19,8 c	18,2 b	1,09 b	0,89 b	1,26 B	277,0 b	4,85 d	5,19 d	8,29 d	15,6 d
7	3,05 b	5,25 b	11,9 a	22,3 b	20,4 a	1,10 b	0,93 b	1,57 B	316,3 b	5,30 c	5,56 c	8,74 c	22,1 c
8	3,00 b	5,44 b	10,9 a	24,1 b	20,0 a	1,21 b	1,02 b	1,93 B	431,5 a	4,42 d	5,23 d	8,25 d	22,4 c
9	3,03 b	4,53 c	11,3 a	21,3c	19,6 a	1,09 b	1,05 b	1,71 B	322,0 b	4,31 d	5,43 d	8,16 d	18,5 d
10	3,15 b	4,34 c	10,6 a	20,2c	20,5 a	0,99 b	1,22 a	2,03 B	333,8 b	4,79 d	5,31 d	8,25 d	22,4 c
11	3,39 a	5,31 b	11,7 a	23,1 b	20,7 a	1,12b	0,97 b	1,75 B	340,5 b	6,34 a	6,15b	9,59 a	24,6 b
12	3,81 a	6,73 a	11,7 a	29,9 a	20,2 a	1,48 a	1,15 a	3,28 A	219,8 b	5,78 b	6,11b	9,31 b	37,1 a
13	3,85 a	6,49 a	11,9 a	23,7b	21,7 a	1,09 b	1,08 a	1,72 B	512,5 a	6,64 a	6,44 a	9,88 a	29,0 b
14	3,28 a	5,81 b	12,2 a	23,5 b	20,9 a	1,12b	0,93 b	1,76 B	325,8 b	4,32 d	5,21 d	8,26 d	22,8 c
15	3,51 a	7,17 a	11,6 a	29,5 a	19,1 b	1,55 a	1,33 a	2,27 B	224,3 b	5,12 c	5,86 b	9,05 b	28,3 b
Média	3,07	4,79	11,4	22,22	19,43	1,14	1,03	1,71	307,2	51,6	5,62	8,73	21,34
CV (%)	11,9	15,9	5,6	7,7	6,9	4,6	14	39,3	24,2	10	3,96	3,38	21,4

1/01= Cpafro 1175; 02= Cpafro 2085; 03= Cpafro 1022; 04= Cpafro 1061; 05= Cpafro 3137; 06= Cpafro 3113; 07= TPC 00248; 08= TPC 00398; 09= TPC 00779; 10=; 11= Top Gun; 12= Starbrite; 13= Jetstream (Rogers); 14= Eureka; 15= Mirage (Seminis).

Tabela Medidas mínimas e máximas de dissimilaridade genética entre genótipos de melancia, com base na distância generalizada de Mahalanobis. Presidente Médici, 2006

Fresiderite Medici, 2000							
Genótipo		Mínima		Máxima			
	D^2	Genótipo	D ²	Genótipo			
Cpafro 1175	7,88	TPC 00779	156,07	Mirage			
Cpafro 2085	6,38	Cpafro 1061	171,10	Mirage			
Cpafro 1022	10,93	Cpafro 3137	182,76	Mirage			
Cpafro 1061	6,38	Cpafro 2085	146,79	Mirage			
Cpafro 3137	8,59	Cpafro 3113	171,80	Mirage			
Cpafro 3113	8,23	Cpafro 1175	167,29	Mirage			
TPC 00248	6,48	Eureka	126,67	Mirage			
TPC 00398	11,61	TPC 00248	107,15	Jetstream			
TPC 00779	7,88	Cpafro 1175	144,14	Mirage			
TPC 00250	16,52	Cpafro 2085	232,75	Mirage			
Top Gun	17,71	TPC 00248	123,92	Mirage			
Starbrite	24,07	Mirage	196,77	TPC 00250			
Jetstream	31,44	Top Gun	169,98	Mirage			
Eureka	6,48	TPC 00248	115,96	Mirage			
Mirage	24,07	Starbrite	232,75	TPC 00250			

Contribuição Tabela relativa dos caracteres para a divergência genética, com base no Método de Singh. Presidente Médici, 2006.

Variável	S.j (%)
Diâmetro longitudinal do fruto (DLF)	28,17
Peso de fruto	15,64
Comprimento médio da semente	13,54
DLF/DTF	9,23
Largura média da semente	6,29
Diâmetro transversal do fruto (DTF)	5,36
Número de sementes por fruto	4,31
Comprimento de rama principal	3,92
Peso de 100 sementes	3,53
Espessura de casca na cicatriz flora	2,62
Espessura de casca n pedúnculo	2,34
Produtividade	2,24
Teor de sólidos solúveis	1,80

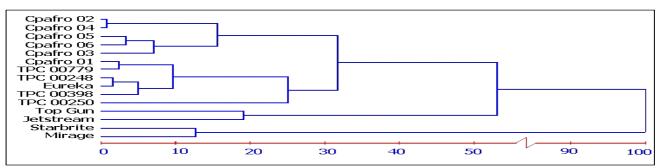


Figura 1. Dendrograma baseado no método de Ward representando a divergência genética entre os genótipos nove híbridos (nominados na própria figura) e as linhagens: 01= Cpafro 1175; 02= Cpafro 2085; 03= Cpafro 1022; 04= Cpafro 1061; 05= Cpafro 3137; 06= Cpafro 3113.

^{2/} CRP= Comprimento de rama principal; PMF= Peso de fruto; TSS= Teòr de sólidos solúveis; DLF= Diâmetro longitudinal do fruto; DTF= Diâmetro transversal do fruto; ECF= Espessura de casca na cicatriz floral; ECP= Espessura de casca no pedúnculo; NSF= Número de sementes por fruto; PCS= Peso de 100 sementes; LDS= Largura da semente; CDS= Comprimento da semente; PRD= Produtividade.

^{3'} Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott & Knott a 5% de probabilidade.