

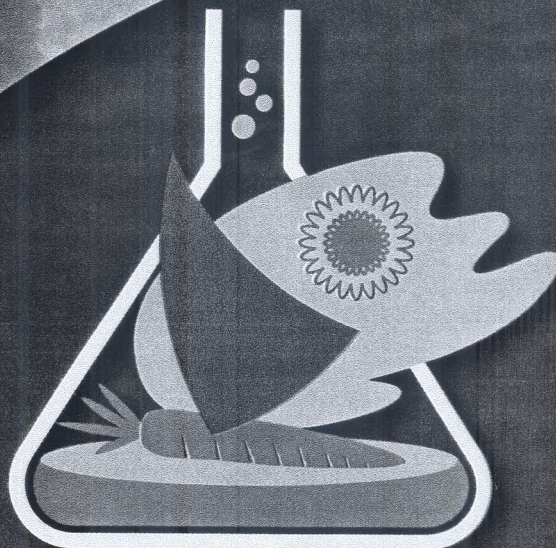
horticultura

Revista da
Associação Brasileira de Horticultura
*Journal of the
Brazilian Association Horticulture Science*

brasileira

Volume 23, número 2
Agosto, 2005 Suplemento

ISSN 0102-0536



45 CBO

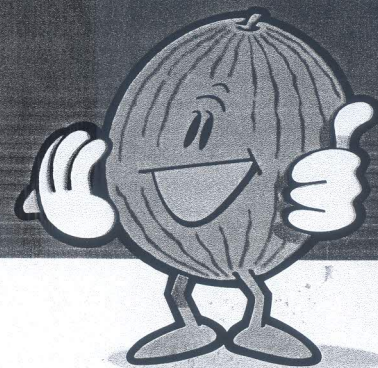
CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA

15 CBFPO

CONGRESSO BRASILEIRO DE FLORICULTURA E PLANTAS ORNAMENTAIS

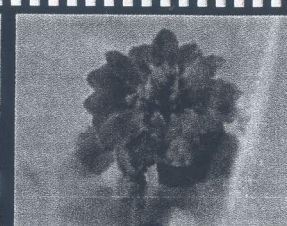
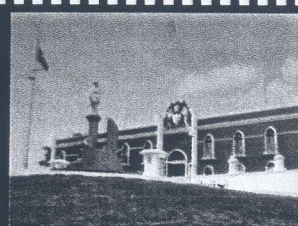
2 CBCTP

CONGRESSO BRASILEIRO DE CULTURA DE TECIDOS DE PLANTAS



Associação Brasileira de Recursos Genéticos e Biotecnologia
BIBLIOTECA

Fortaleza, 07 a 12 de Agosto de 2005



Herdabilidades e estimativas do número mínimo de genes para os caracteres comprimento da haste principal e dias para floração em três cruzamentos de feijão-caupi

Carlos Antônio Fernandes Santos¹; Gilmar Santos Mabel^{1,2}; Michel Gomes de Sá Ferraz^{1,3}; Ierla Carla Nunes dos Santos^{1,3}
¹Embrapa Semi-Árido, Caixa Postal 23 – Petrolina, PE. 56302-970;
²Bolsista DCR do CNPq; ³Estagiários Embrapa Semi-Árido. E-mail: casantos@cpatsa.embrapa.br

O feijão-caupi é o único feijão possível de ser cultivado pelos agricultores familiares, em áreas dependentes de chuva, nos estados do Ceará, Paraíba e Rio Grande do Norte. Neste trabalho são apresentadas estimativas para herdabilidades e número de genes para os caracteres comprimento da haste principal (CHP) e dias para a floração (DPF) nos cruzamentos IPA 206 x PI 293588, Epace 11 x PI 293588 e BR 17 Gurgueia x PI 293588 para subsidiar o desenvolvimento de novos cultivares de crescimento determinado e ciclo precoce adaptados à região. As estimativas do número de genes para CHP variaram de 0,002 a 0,004; de 0,2 a 0,6 e de 0,3 a 0,4 nos cruzamentos IPA 206 x PI 293588, Epace 11 x PI 293588 e BR 17 Gurgueia x PI 293588, respectivamente. Para DPF as estimativas variaram de 0,4 a 0,8; de 0,15 a 1,3 e de 2,2 a 2,6 nos mesmos cruzamentos, respectivamente. As estimativas para herdabilidade no sentido amplo não foram concordantes entre as duas estimativas para os dois caracteres dentro dos cruzamentos IPA 206 x PI 293588 e Epace 11 x PI 293588. Entre cruzamentos as estimativas para herdabilidades foram concordantes para os dois caracteres, exceto DPF no cruzamento Epace 11 x PI 293588. No geral as estimativas indicam de um a três genes envolvidos no controle genético dos caracteres comprimento da haste principal e dias para floração. As estimativas de herdabilidades foram em torno de 0,5 nos três cruzamentos, exceto para o caráter DPF no cruzamento Epace 11 x PI 293588, que foi em torno de 0,7. No conjunto esses resultados sugerem que o desenvolvimento de novas cultivares para estes caracteres pode ser alcançado com forte pressão de seleção nas gerações iniciais.

487

Avaliação de características morfológica de sementes de vinte genótipos de feijão-fava

Gheysa Coelho Silva¹; Francisco José de Oliveira²; Washington Freire Santiago Filho³; Gerson Quirino Bastos²; Dimas Menezes²; Valdeez Pontes Matos²

¹Bolsista PET/MEC/SESu/UFRPE - Agronomia; ²Professores – DEPA/UFRPE; ³Graduando em Agronomia; ^{1,2,3}Universidade Federal Rural de Pernambuco - Departamento de Agronomia - Rua D. Manoel de Medeiros, s/n – Dois Irmãos. CEP: 52.171-900, Recife – PE. E-mail: gheysacoelho@hotmail.com

O trabalho teve como objetivo identificar os caracteres morfológicos externos de sementes de vinte genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) oriundos dos Estados do Ceará, Paraíba e Pernambuco. O trabalho foi conduzido no Campus do Departamento de Agronomia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, no ano agrícola de 2003, Município de Recife (8° 10'52" S, 34°54'47" W, 2 m de altitude). Cada genótipo foi plantado em uma fileira de 2,0 m de comprimento, com espaçamento de 2,0 m entre fileiras e de 1,0 m entre covas. Procedeu-se a colheita de vagens quando maduras, individualmente, em cada cova. Após a colheita foram determinadas as cores do tegumento, o peso de 100 sementes e as dimensões das de sementes. Os grãos foram classificados quanto ao tamanho levando-se em conta o peso de 100 sementes, segundo Mateo Box, citado por VILHORDO et al. (1996) e à forma, por meio dos coeficientes J (comprimento/largura) e H (espessura/largura), descrito por Puerta Romero, citado por VILHORDO et al. (1996). Os resultados evidenciaram uma ampla variabilidade entre os genótipos quanto à forma, tamanho e cor das sementes, indicando a possibilidade de seleção de plantas desejáveis visando o melhoramento. A cor das sementes e seu tamanho são características morfológicas importantes na identificação e também como indicadores das preferências do consumidor.

488

Análises de caracteres quantitativo e qualitativo de vinte genótipos de feijão-fava

Hortic. bras., v.23, agosto, 2005. Suplemento.

Francisco José de Oliveira¹; Gheysa Coelho Silva²; Wellington Pereira da Silva³; Dimas Menezes¹; Clodoaldo José da Anunciação Filho¹

¹Professores – DEPA/UFRPE; ²Bolsista PET/MEC/SESu/UFRPE - Agronomia; ³Bolsista PIBIC/CNPq/UFRPE - Agronomia; ^{1,2,3}Universidade Federal Rural de Pernambuco - Departamento de Agronomia - Rua D. Manoel de Medeiros, s/n – Dois Irmãos. CEP: 52.171-900, Recife – PE. E-mail: franseol@uol.com.br

O objetivo deste trabalho foi avaliar os caracteres qualitativos hábito de crescimento, cor da flor e cor do tegumento da semente, e os quantitativos número de dias para floração, área foliar, comprimento da vagem, número de vagens/planta, peso de 100 sementes e produção de sementes/planta de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), cultivados nos Estados do Ceará, Paraíba e Pernambuco. O ensaio foi conduzido no Campus do Departamento de Agronomia da Universidade Federal Rural de Pernambuco, no ano agrícola de 2003, Município de Recife (8° 10'52" S, 34°54'47" W, 2 m de altitude). Foram utilizados vinte genótipos, sendo cada genótipo plantado em uma fileira de 2,0 m de comprimento, com espaçamento de 2,0 m entre fileiras e de 1,0 m entre covas. Os resultados evidenciaram a existência de uma ampla variabilidade entre os genótipos tanto para os caracteres qualitativos como para os quantitativos. A cor do tegumento das sementes e produção de sementes por planta foram os caracteres que mostraram uma maior amplitude de variação.

489

Progresso genético em melancia

Maria Aldete Justiniano da Fonseca Ferreira¹; Manoel Abílio de Queiróz²; Roland Vencovsky³; Rita Mércia Estigarribia Borges⁴

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, C.Postal 02372, 70.770-900, Brasília, DF; ²UNEB, Depto. Tecnologia e Ciências Sociais, Av. Edgard Chastinet, 48.905-680, Juazeiro-BA; ³USP, ESALQ, Depto. Genética, Av. Pádua Dias 11, 13.418-900, Piracicaba-SP; ⁴Embrapa Semi-Árido, C. Postal 23, 56.302-970, Petrolina, PE. E-mail: aldete@cenargen.embrapa.br

O objetivo deste trabalho foi estimar o progresso genético em uma população de melancia com sistema misto de reprodução. Desta população foram obtidas 64 progênes de polinização livre (PL) e as respectivas progênes autofecundadas (AF) que foram avaliadas para produção (PP) e número de frutos (NF) por planta; peso (PF), diâmetro longitudinal (DL) e transversal (DT) e formato (FF) de fruto; espessura (EP), cor (CP) e teor de sólidos solúveis (TS) da polpa; número (NS) e peso de 100 sementes (PS) por fruto. Foram estimados os progressos genéticos imediato e permanente considerando as progênes PL como unidades de seleção. O ganho genético permanente estimado com base na seleção de progênes PL com recombinação de progênes AF foi de 40% para os caracteres PF, NP, DL e PS; de 35% para CP e de 23% a 26% para PP, TS e NS. Ao ser considerada a seleção e recombinação de progênes PL, os caracteres PP, PF, NP, CP, TS, DL, NS e PS apresentaram maior ganho. Estas estimativas são aproximadas pois o modelo genético não conseguiu explicar os dados completamente e devem ser consideradas como um referencial para o melhoramento.

490

Componentes da variância genética em melancia

Maria Aldete Justiniano da Fonseca Ferreira¹; Manoel Abílio de Queiróz²; Roland Vencovsky³; João Batista Duarte⁴; Alexandre Siqueira Guedes Coelho⁴

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, C.Postal 02372, 70.770-900, Brasília, DF; ²UNEB, Depto. Tecnologia e Ciências Sociais, 48.905-680, Juazeiro-BA; ³USP, ESALQ, 13.418-900, Piracicaba-SP; ⁴UFG, 74.001-970, Goiânia-GO. E-mail: aldete@cenargen.embrapa.br

Este trabalho objetivou estimar os componentes da variância em uma população de melancia com sistema misto de reprodução e investigar a adequação de modelos genéticos empregados para estimar variâncias genéticas em populações mistas. Da população base foram obtidas e avaliadas, para caracteres de importância econômica, 64 progênes de polinização livre e suas irmãs autofecundadas. Para averiguar a adequação de modelos genéticos, foram adotados dois modelos, um que considera a população em

mais plantados no país, porém, apresentam suscetibilidade ao oídio (*Sphaerotheca fuliginea*), entre outras doenças foliares que afetam a cultura. Considerando que a resistência ao oídio é monogênica e dominante, uma fonte de resistência foi cruzada com a cultivar Crimson Sweet e linhas resistentes obtidas foram cruzadas com linhas de cultivares e produzidos 19 híbridos experimentais de diferentes padrões de frutos, os quais foram comparados com a cultivar Crimson Sweet (produção e seus componentes), sob irrigação localizada, na Estação Experimental de Bebedouro da Embrapa Semi-Árido, em Petrolina-PE de setembro a dezembro de 2004. A produtividade oscilou de 35 a 64 t/ha, enquanto que a prolificidade variou de um a quatro frutos por planta e o peso médio de 3,5 a 10,5 kg, com bom teor de açúcar (10 a 11,5°Brix), exceto dois híbridos experimentais. Destacaram-se as combinações híbridas 18 e 5 em termos de produtividade e teor de açúcar, podendo ser recomendados para mercados de frutos grandes e de frutos pequenos, respectivamente.

2001. Os parâmetros avaliados foram: maturidade de fruto; peso médio de fruto e teor de sólidos solúveis totais (OBrx). Observou-se diferenças significativas entre as gerações segregantes, mostrando que a reutilização das sementes afetaram estas características.

503

Análise da variabilidade genética de diferentes linhagens de melão utilizando marcadores moleculares

Sílvia Louzeiro Gontijo¹; Waldelice Oliveira de Paiva³; Jaqueline Ceolin Amorim¹; Zilneide Pedrosa de Souza Amaral¹; Valter Rodrigues Oliveira²; José Amauri Buso²; Gláucia Salles Cortopassi Buso¹

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia C.P. 02372, 70770-900, Brasília, DF; ²Embrapa Hortaliças C.P. 218, 70359-970, Brasília, DF; ³Embrapa Agroindústria Tropical C.P. 3761, 60511-110, Fortaleza, CE. Email: buso@cenargen.embrapa.br

Com o aumento da demanda de melão no mercado internacional, que passou de 1,3 milhões de toneladas em 1997 para cerca de 1,6 milhões em 2002, faz-se necessário o aumento da produção e da qualidade final do produto. Com base na importância econômica do melão, programas de melhoramento genético vêm sendo desenvolvidos para aumentar a eficiência do sistema produtivo. Uma forma eficiente de auxiliar os programas de melhoramento genético de melão é a análise da variabilidade genética de genitores por meio de marcadores moleculares, pois detectam dissimilaridades entre diferentes acessos em nível de DNA. Com este objetivo, 141 linhagens de melão desenvolvidas nos programas de melhoramento genético da Embrapa Agroindústria Tropical e Embrapa Hortaliças foram analisadas por meio de marcadores RAPD visando à indicação do nível de similaridade entre elas. A análise demonstrou haver grande variabilidade genética entre as linhagens, com poucos pares de linhagens apresentando similaridade maior que 90%. Prevê-se que poderá ser obtido número elevado de combinações híbridas a partir das linhagens avaliadas, selecionando-se linhagens com similaridade menor que 85%.

504

Resistência de linhagens, progênies e híbridos experimentais de melão à mosca-branca

João Ribeiro Crisóstomo¹; Ervino Bleicher²; Adroaldo Guimarães Rosetti¹; Janser Nobre Oliveira²; Jefé Ferreira da Silva²; José Welton Cardoso¹; Jalmir Guedes Freitas²; José Itamar Frota Júnior¹

¹Embrapa Agroindústria Tropical, C. Postal 3761, crisost@cnpat.embrapa.br; ²Universidade Federal do Ceará-UFC. E-mail: ervino@ufc.br

O Nordeste brasileiro responde por 93,7% da produção nacional de melão. Apesar do nível tecnológico enfrenta vários problemas, entre eles o elevado emprego de defensivos, o que torna evidente a importância do uso de plantas resistentes. O objetivo do trabalho foi avaliar a resistência à mosca-branca de 49 genótipos de melão sob seleção na Embrapa. Constatou-se elevada variabilidade entre os genótipos avaliados, com doze diferindo significativamente do padrão suscetível, híbrido comercial Gold Mine. Esses resultados demonstram a viabilidade de progresso genético na seleção para a mosca-branca.

505

Tipos, número, produção por ramo e correlações entre esses caracteres em melão

Jefé Ferreira da Silva¹; João Ribeiro Crisóstomo²; Fernando A. S. de Aragão²; Francisco Elivan Arruda Rodrigues³; Francisco Herbeth Costa dos Santos³

¹Universidade Federal do Ceará - PET-Agronomia.; ²Embrapa Agroindústria Tropical, C. postal 3761, crisost@cnpat.embrapa.br; ³Universidade Federal do Ceará - UFC. E-mail: jefeferreira@gmail.com

O objetivo deste trabalho foi determinar o número de ramos, o número de frutos, a produção por ramo, a produção total e correlações entre esses caracteres em híbridos comerciais de melão amarelo e cantalúpe. Para isso, foi conduzido em Pacajus - CE no período setembro-novembro de 2004, um experimento em blocos

501

Seleção de primers RAPD e caracterização molecular de melancia

Maria Luciene da Silva¹; Manoel A. Queiróz²; Lindomar M. da Silveira³; Maria Aldete J. da F. Ferreira⁴; Gláucia S. C. Buso⁴; Izaías da Silva Lima Neto⁵; Gilmar M. Santos⁶

¹UFPE - MSc Genética; ²UNEB - DCTS, Juazeiro - BA; ³Estagiário-UNEB - DCTS; ⁴Embrapa Recursos Genético e Biotecnologia; ⁵UNEB-DTCS, Juazeiro-BA; ⁶Bolsista DCR/CNPq - Embrapa Semi-Árido. E-mail: mlsluciene@yahoo.com.br

A melancia é uma olerícola de importância no agronegócio do Brasil, onde é cultivada principalmente a variedade Crimson Sweet. Contudo, diferentes tipos são encontrados na agricultura tradicional, o que levou à formação do Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas do Nordeste brasileiro. Esse banco apresenta variabilidade genética para ser utilizada em programas de melhoramento. Para tanto, os acessos precisam ser caracterizados, inclusive com marcadores moleculares. Este trabalho teve por objetivo selecionar primers RAPD informativos para caracterização molecular de acessos de melancia. Portanto, oito acessos de melancia, do referido banco, foram caracterizados com marcadores RAPD, utilizando-se 68 primers na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Foram encontrados vinte quatro primers polimórficos, dos quais seis foram utilizados para caracterizar 42 acessos do Banco. A análise de variância molecular revelou 25% de variabilidade entre acessos, 29% dentro de acessos e 46% de variabilidade entre acessos dentro de grupos. O agrupamento pelo método de Tocher mostrou 28 grupos distintos.

502

Perdas quantitativas do melão cantalúpe em gerações segregantes

Amanda Soraya Freitas Calvet¹; Fanuel Pereira da Silva²; Waldelice Oliveira de Paiva⁴; Rosa Lucia Rocha Duarte³; Raimundo Nonato de Lima⁴

¹Universidade Federal do Ceará - UFC, Depto. de Fitotecnia. CP. 6012, CEP 60454-970 Fortaleza - CE; ²Professor Titular daUFC;³ Pesquisador da Embrapa Meio Norte;⁴ Pesquisador da Embrapa Agroindústria Tropical(CNPAT), E-mail: agroamanda@bol.com.br

A utilização de cultivares híbridas de primeira geração F1 de melão (*Cucumis melo* L), está associado a alta produtividade, aliada a excelente qualidade do fruto, convergindo para um produto aceitável, principalmente pelo mercado exterior. Em face do alto preço da semente híbrida a maioria dos pequenos do Nordeste brasileiro reutilizam estas sementes para plantio. Objetivou-se neste estudo, determinar as perdas quantitativas decorrentes da reutilização de sementes do híbrido comercial F1, obtidas em casa de vegetação. As sementes obtidas das gerações segregantes foram realizadas em casa de vegetação, na Embrapa Agroindústria Tropical em Fortaleza-CE, onde foram obtidas as sementes das gerações F2, F3 e F4., respectivamente. Com a obtenção das sementes foi conduzido um experimento constituído pelo híbrido comercial Hy Mark e as gerações segregantes, em um delineamento em blocos inteiramente casualizados, com seis repetições na Estação Experimental de Pacajús, Ceará, Brasil, no período de agosto de