



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO SEMI-ÁRIDO
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA
DOUTORADO EM FITOTECNIA

KARMITA THAINÁ CORREIA FERREIRA

**ESCOLHA DE GENITORES EM MELÃO AMARELO:
ANÁLISE DIALÉLICA E ESTIMATIVA DE $m + a'$**

MOSSORÓ-RN

2020

KARMITA THAINÁ CORREIA FERREIRA

**ESCOLHA DE GENITORES EM MELÃO AMARELO:
ANÁLISE DIALÉLICA E ESTIMATIVA DE $m + a$ '**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Semi-Árido como requisito para obtenção do título de Doutora em Fitotecnia.

Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético

Orientador: Prof. Dr. Glauber Henrique de Sousa Nunes

MOSSORÓ-RN

2020

© Todos os direitos estão reservados a Universidade Federal Rural do Semi-Árido. O conteúdo desta obra é de inteira responsabilidade do (a) autor (a), sendo o mesmo, passível de sanções administrativas ou penais, caso sejam infringidas as leis que regulamentam a Propriedade Intelectual, respectivamente, Patentes: Lei nº 9.279/1996 e Direitos Autorais: Lei nº 9.610/1998. O conteúdo desta obra tornar-se-á de domínio público após a data de defesa e homologação da sua respectiva ata. A mesma poderá servir de base literária para novas pesquisas, desde que a obra e seu (a) respectivo (a) autor (a) sejam devidamente citados e mencionados os seus créditos bibliográficos.

F383e Ferreira, Karmita Thainá Correia .
ESCOLHA DE GENITORES EM MELÃO AMARELO:
ANÁLISE DIALÉTICA E ESTIMATIVA DE m + a' / Karmita
Thainá Correia Ferreira. - 2020.
63 f. : il.

Orientador: Glauber Henrique de Sousa Nunes.
Tese (Doutorado) - Universidade Federal Rural
do Semi-árido, Programa de Pós-graduação em
Fitotecnica, 2020.

1. *Cucumis melo* L.. 2. melhoramento. 3. locos.
4. homozigose. 5. heterozigose. I. de Sousa
Nunes, Glauber Henrique , orient. II. Título.

O serviço de Geração Automática de Ficha Catalográfica para Trabalhos de Conclusão de Curso (TCC's) foi desenvolvido pelo Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação da Universidade de São Paulo (USP) e gentilmente cedido para o Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (SISBI-UFERSA), sendo customizado pela Superintendência de Tecnologia da Informação e Comunicação (SUTIC) sob orientação dos bibliotecários da instituição para ser adaptado às necessidades dos alunos dos Cursos de Graduação e Programas de Pós-Graduação da Universidade.

KARMITA THAINÁ CORREIA FERREIRA

**ESCOLHA DE GENITORES EM MELÃO AMARELO:
ANÁLISE DIALÉLICA E ESTIMATIVA DE $m + a'$**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Semi-Árido como requisito para obtenção do título de Doutora em Fitotecnia.

Linha de Pesquisa: Melhoramento Genético

Defendida em: 27 / 02 / 2020.

BANCA EXAMINADORA

Glauber Henrique de Sousa Nunes

Glauber Henrique de Sousa Nunes Prof. Dr. (UFERSA)
Presidente

Lindomar Maria da Silveira

Lindomar Maria da Silveira, Prof^a. Dra. (UFERSA)
Membro Examinador

Maria Zuleide de Negreiros

Maria Zuleide de Negreiros, Prof^a. Dra. (UFERSA)
Membro Examinador

Anânkia de Oliveira Ricarte Marinho

Anânkia de Oliveira Ricarte Marinho, Dra.
Membro Examinador

Stefeson B.M.

Stefeson Bezerra de Melo, Prof. Dr. (UFERSA)
Membro Examinador

Welder de Araújo Rangel Lopes

Welder de Araújo Rangel Lopes, Dr. (UFERSA)
Membro Examinador

A minha família
Dedico

AGRADECIMENTOS

À Sagrada Família, todos os santos, anjos e arcanjos.

À minha família pelo carinho, motivação, em especial a minha mãe, meus irmãos Iury Matheus, João Rafael e Guilherme, às minhas tias, tios e primos.

Aos meus amigos e nova família Luzia, Carlos e Carlos Antônio, por me receberem em Mossoró.

Ao meu orientador, o professor Glauber Nunes pelos ensinamentos, sugestões e críticas, pela orientação durante todo o doutorado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

À Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), e professores, pela estrutura, apoio oferecidos, esforço, ensinamentos, convivência e dedicação acadêmica durante o curso.

Ao programa de Pós-graduação em Fitotecnia, aos professores e funcionários, pelos ensinamentos transmitidos.

À Universidade Federal de Lavras e todos que lá me ajudaram em especial a Lamartine.

À Universidade Politécnica de Valencia e todos que conviveram comigo, em especial a professora Belen Picó, Eva, Merche, Alicia, Cristina, Amina, Gorka, Alejandro, Ana Maria, Maria, Helena, Milena e Ricardo.

Aos membros da Banca Examinadora, pelas sugestões e contribuições.

Aos meus amigos do GERMEV – Grupo de Estudos em Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal da UFERSA, em especial a Adriano, Anânkia, Carla, Cheyla, Cyntia, Andreza, Elaine, Leandro, Roberta por todos os momentos juntos de trabalho, amizade e companheirismo. Aos meus amigos Eduardo, Dedé, Karol, Maiara, Rúben, Rosa.

A todos aqueles que contribuíram direta ou indiretamente para a minha formação acadêmica.

Sou grata.

FERREIRA, Karmita Thainá Correia. **Escolha de genitores em melão amarelo: análise dialélica e estimativa de $m + a'$** . 2020. 63f. Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró-RN, 2020.

RESUMO

Uma das razões para o sucesso da cultura do meloeiro deve-se ao uso de sementes melhoradas, em especial, híbridas. Os sistemas de cruzamentos dialélicos indicam os melhores híbridos e auxiliam na escolha de parentais para serem utilizados em programas de melhoramento. A identificação de populações promissoras, derivadas de híbridos superiores, é uma estratégia para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento de meloeiro. Dentre os procedimentos que auxiliam na escolha das populações e linhagens mais promissoras se destaca a estimativa de $m+a'$ e d . Diante disso, o objetivo deste estudo foi avaliar o desempenho de híbridos comerciais de meloeiro e suas combinações híbridas utilizando dois modelos de análise dialélica e estimar a contribuição dos locos em heterozigose (d) e em homozigose ($m+a'$) de caracteres em híbridos de melão amarelo comercial. Realizou-se cruzamentos manuais entre sete híbridos simples comerciais, formando vinte e uma combinações híbridas. Os ensaios foram conduzidos em blocos casualizados com três repetições, nos anos de 2017 e 2018, nas cidades de Baraúna e Mossoró, no Rio Grande do Norte. Para o primeiro experimento foram considerados vinte e oito tratamentos (7 híbridos + 21 combinações híbridas). A análise dialélica considerou o modelo fixo método de Griffing e modelo aleatório BLUP. O segundo experimento considerou-se sete híbridos comerciais F_1 e suas respectivas autofecundações F_2 , totalizando quatorze tratamentos para avaliação da estimativa de $m+a'$ e d . Foram avaliados o número de frutos, peso médio do fruto, produtividade, espessura da polpa, firmeza de polpa e teor de sólidos solúveis. Houve efeitos gênicos aditivos e não aditivos no controle dos caracteres. Os genitores A4 e A6 apresentaram maior capacidade geral de combinação para a maioria dos caracteres. Os híbridos A4 x A7 e A1 x A6, apresentaram os melhores desempenhos de capacidade específica de combinação. Os caracteres avaliados apresentaram maior contribuição de locos em homozigose, sendo essa contribuição superior a 90% para espessura e firmeza da polpa, e sólidos solúveis. O potencial de populações para extração de linhagens pode ser avaliado por meio das estimativas de $m+a'$ e d .

Palavras-chave: *Cucumis melo* L., melhoramento, locos, homozigose, heterozigose.

FERREIRA, Karmita Thainá Correia. **Choice of genitors in yellow melon:** diallelic analysis and estimation of $m + a'$. 2020. 63p. Thesis (PhD in Agronomy/Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró-RN, 2020.

ABSTRACT

One of the reasons for the success of the melon crop must be the use of improved seeds, especially hybrids. The diallel crossbreeding systems show the best hybrids and help in choosing parents to be used in breeding programs. The identification of promising changes, derived from superior hybrids, is a strategy to increase the efficiency of melon improvement programs. Among the procedures that help in choosing the most promising variations and lines, it is highlighted the estimation of $m + a'$. Therefore, the aim of this study was to evaluate the performance of commercial melon hybrids and their hybrid combinations, using two models of diallel analysis and to estimate a contribution of locals in heterozygosis (d) and in homozygosis ($m + a'$) of characters in commercial yellow melon hybrids. Manual crosses were performed between seven simple commercial hybrids, forming twenty-one hybrid combination. The trials were conducted in randomized blocks with three repetitions, in the years 2017 and 2018, in the cities of Baraúna and Mossoró, in Rio Grande do Norte. For the first experiment, twenty-eight controls (7 hybrids + 21 hybrid combinations) were considered. A diallelic analysis considered the Griffing fixed model and the BLUP random model. The second experiment considered seven commercial F1 hybrids and their self-fertilizing F2, totaling fourteen tests to evaluate the estimate of $m + a'$ and d . The number of fruits, average fruit weight, reproduction, pulp thickness, pulp firmness and soluble solids content were taxed. There were genetic and non-additive effects on character control. Parents A4 and A6 showed greater general combining ability for most characters. The hybrids A4 x A7 and A1 x A6 present the best performances of the specific combining ability. The characters reduce the greater contribution of loco in homozygosis, this contribution being more than 90% for thickness and firmness of the pulp, and high soluble. The variation potential for extracting strains can be assessed by detecting $m + a'$.

Keywords: *Cucumis melo* L., breeding, loci, homozygosis, heterozygosis.

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 1

- Figura 1 - Figura 1. Aspectos externos e internos das linhagens de melão amarelo utilizadas como genitoras no dialelo para obtenção de híbridos. Mossoró-RN, UFERSA, 2020..... 31
- Figura 2 - Figura 2. Estimativa dos valores genéticos aditivos (CGC) de linhagens genitoras obtidas em análise dialélica de para seis caracteres avaliados em melão amarelo em dois anos. Mossoró, RN, UFERSA, 2020. NFP: Número de frutos por planta, PMF: Peso médio do fruto (kg), PRO: Produtividade ($t\ ha^{-1}$), EPO: Espessura de polpa (cm), SST: Sólidos solúveis ($^{\circ}$ Brix) 37
- Figura 3 - Figura 3. Estimativa das capacidades específica de combinação (CEC) de sete linhagens e seus híbridos para o número de frutos por planta. Mossoró, RN, UFERSA, 2020 38
- Figura 4 - Figura 4. Estimativa das capacidades específica de combinação (CEC) de sete linhagens e seus híbridos para o número de frutos por planta. Mossoró, RN, UFERSA, 2020. 39

CAPÍTULO 2

- Figura 1 - Frutos dos híbridos simples geração F₁: H1 (A), H2 (B), H3 (C), H5 (D), H4 (E), H6 (F), H7 (G) e respectivos frutos geração F₂: H1 (I), H2 (J), H3 (K), H5 (L), H4 (M), H6 (N), H7 (O). Mossoró/Baraúna-RN.2017-2018..... 50
- Figura 2 - Porcentagens da contribuição dos locos em homozigose ($m+a'$) e em heterozigose (d) para seis caracteres de híbridos de melão amarelo avaliadas em dois anos. Mossoró-RN, 2017/2018. NF: número de frutos, PMF: peso médio dos frutos (kg), PROD: produtividade ($Mg\ ha^{-1}$), EP: espessura da polpa (cm), FP: firmeza da polpa (kgf) e SS: sólidos solúveis (%). 59
- Figura 3 - Estimativas de correlação de Spearman entre a média da geração F₁ e a contribuição dos locos em homozigose ($m+a'$) e em heterozigose (d) para seis caracteres de híbridos de melão amarelo avaliadas em dois anos. Mossoró-RN, UFERSA, 2017/2018.....60

LISTA DE SIGLAS

Ac	- Acurácia
BLUP	- Melhor Predição Linear Imparcial
c^2	- Coeficiente de Determinação
CE	- Ceará
CEC	- Capacidade Especifica de Combinação
CGC	- Capacidade Geral de Combinação
CV ^a	- Coeficiente de Variação Ambiental
EPO	- Espessura da Polpa
FP	- Firmeza de Polpa
LRT	- Teste de Verossimilhança
NFP	- Número de frutos por plantas
pH	- Potencial Hidrogeniônico
PMF	- Peso médio de frutos
PRO	- Produtividade
REML	- Máxima Verossimilhança Restrita
r_{loc}	- Coeficiente de Correlação
RN	- Rio Grande do Norte
SST	- Teor de Sólidos Solúveis totais
V _{gxa}	- Variância genético ambiente
Verro	- Variância Residual
V _{fen}	- Variância Fenotípica
V _{gen}	- Variância Genética

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1

- Tabela 1 - Estimativas de máxima verossimilhança restrita (REML) dos componentes de variância de caracteres relacionados à produção e qualidade de frutos obtidas na análise dialélica conjunta de linhagens de melão amarelo e seus híbridos avaliados em dois ambientes. Mossoró, RN, UFERSA, 2020.....35
- Tabela 2 - Valores genotípicos de sete linhagens de melão amarelo (genitores) e os seus cruzamentos avaliado em dois anos. Mossoró, RN, UFERSA, 2020.....41

CAPÍTULO 2

- Tabela 1 – Resumo da análise de Deviance e estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para seis caracteres das gerações F₁ e F₂ de híbridos de melão amarelo avaliadas em dois anos. Mossoró-RN, UFERSA, 2017/2018. 53
- Tabela 2 – Médias para seis caracteres das gerações F₁ e F₂ de híbridos de melão amarelo avaliadas em dois anos. Mossoró-RN, UFERSA, 2017/2018..... 55
- Tabela 3 Estimativa da depressão por endogamia para seis caracteres de híbridos de melão amarelo avaliados em dois anos. Mossoró-RN, UFERSA, 2017/2018..... 56
- Tabela 4 – Estimativas da contribuição dos locos em homozigose ($m+a^2$) e em heterozigose (d) para seis caracteres de híbridos de melão amarelo avaliadas em dois anos. Mossoró-RN, UFERSA, 2017/2018..... 58

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	12
2 REFERENCIAL TEÓRICO.....	14
2.1 Melhoramento genético vegetal.....	14
2.2 Híbridos	15
2.3 Dialelo e Modelos mistos	16
2.4 Estimativa $m+a'$	18
REFERÊNCIAS	23
CAPÍTULO 1	27
RESUMO	27
ABSTRACT.....	28
1 INTRODUÇÃO.....	29
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	30
2.1 Localização e Caracterização das áreas experimentais.....	30
2.2 Genitores	30
2.2 Detalhes experimentais	32
2.3 Caracteres avaliados	32
2.4 Análise Estatística.....	33
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	34
4 CONCLUSÕES	42
CAPÍTULO 2.	45
RESUMO	45
1 INTRODUÇÃO.....	47
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	48
2.1 Localização e Caracterização das áreas experimentais.....	48
2.4 Análise estatística	51
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	52
4 CONCLUSÕES	61
REFERÊNCIAS	62

1 INTRODUÇÃO

O melão (*Cucumis melo* L.) é uma das principais cucurbitáceas produzidas e exportadas no semiárido brasileiro. No ano de 2017, o país produziu 873.198 toneladas de melão, sendo 863.005 toneladas produzidas na região Nordeste (IBGE, 2017). A produção de melão está concentrada nos Estados do Rio Grande do Norte e Ceará, que perfazem mais de 94% da produção e praticamente toda a exportação brasileira (NUNES et al., 2016; VENDRUSCOLO et al., 2019). O principal importador do melão produzido no Nordeste é o Mercado Comum Europeu, um dos principais consumidores dessa fruta (CUNHA et al., 2020). O melão amarelo é o mais cultivado em razão da maior facilidade de cultivo e maior conservação pós-colheita, quando comparado a outros tipos de melão, além da maior aceitação no mercado consumidor.

Atualmente, os cultivares de diversos tipos de melão são híbridos simples obtidos de linhagens elites em programas das principais empresas de sementes do mundo. Os primeiros cultivares melhorados introduzidos no Brasil, em meados da década de 80, eram variedades de polinização aberta do tipo amarelo (NUNES et al., 2016). Esses cultivares híbridos podem ser utilizados como germoplasma para a produção de novos híbridos.

Para a utilização desses híbridos simples, faz-se necessário obter informações sobre o seu uso como potenciais genitores. São relevantes as informações relacionadas ao uso de híbridos simples como genitores, seja para a extração de linhagens por autofecundações, seja em cruzamentos com outros híbridos. Considerando que o programa de melhoramento é longo, a escolha criteriosa de genitores é fundamental para evitar perda de recursos e tempo em futuros programas de melhoramento genético (BARROS et al., 2011).

Existem muitas metodologias disponíveis para a escolha de genitores superiores. Dentre elas, a mais usada são os cruzamentos dialélicos. A análise dialélica estima a capacidade geral de combinação e capacidade específica de combinação. Com as estimativas dos referidos parâmetros, é possível selecionar os cruzamentos mais promissores para a geração de populações segregantes e extração de linhagens. Geralmente essas estimativas preconizam o efeito de genitores como fixo, porém tem aumentado o interesse em utilizar os modelos lineares mistos para a análise dialélica. Não têm sido encontrado relatos em meloeiro que comparem o uso do efeito de genótipo como fixo com aleatório, sendo, portanto, informações sobre as duas abordagens para o meloeiro.

Outra metodologia disponível, para a escolha de genitores, estima a contribuição dos locos em homozigose ($m+a'$) e em heterozigose (d) a partir das gerações F_1 e F_2 (VENCOVSKY, 1987). Este método permite avaliar o potencial das populações em gerações precoces, facilitando a escolha dos híbridos a serem utilizados. Alguns autores a utilizaram em culturas como milho e feijão (CARNEIRO et al., 2002; MENDONÇA et al., 2002; BISON, 2003). No entanto, no caso do meloeiro, não há relatos de pesquisas relacionados aos parâmetros $m+a'$ e d para seleção de genitores.

Desse modo, objetivou-se avaliar o desempenho de híbridos comerciais de meloeiro e suas combinações híbridas, utilizando com dois modelos de análise dialélica e estimar a contribuição de locos em heterozigose (d) e a contribuição dos locos em homozigose ($m+a'$) de caracteres em híbridos de melão amarelo.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Melhoramento genético vegetal

A expressiva aceitação do melão, o aumento no número de produtores e as exigências do mercado consumidor, principalmente externo, elevam a demanda por cultivares de qualidade e informações sobre a cultura (DIAS et al., 2015).

Somado ao enorme potencial que a cultura representa na região Nordeste surge a necessidade de aumentar a produtividade do melão. O melhoramento do melão deve garantir ganhos genéticos, sem um aumento simultâneo dos custos de manejo (MOHAMMADI et al., 2014).

Para aumentar a produtividade, são fundamentais o uso intensivo de tecnologias na agricultura, as novas técnicas de produção e a disseminação de novos conhecimentos agrícolas (PENHA; ALVES, 2018).

No entanto, além do uso de práticas culturais apropriadas, para conseguir um aumento na produtividade, é essencial um programa de melhoramento genético, tendo em vista as amplas possibilidades de sucesso (CARVALHO et al., 2014).

Para obter cultivares com melhor desempenho, utiliza-se, através de programas de melhoramento, variedades superiores com rendimentos elevados e boa qualidade (KUSANDRIANI et al., 1996; SYUKUR et al., 2010). Uma maneira de aumentar a produtividade das espécies é pela seleção de plantas em populações segregantes, obtidas por hibridação de genótipos superiores (DIAS et al., 2016).

No Brasil, um dos principais motivos que justificaram a implementação de um programa de melhoramento para a cultura foi o fato de a maioria dos híbridos utilizados pelos produtores brasileiros serem de outros países, como EUA, Espanha, França e Holanda; ademais, o rendimento do melão brasileiro é inferior ao dos principais produtores do mundo (GUIMARÃES et al., 2016).

Num programa de melhoramento, é necessário, a princípio, escolher as populações a serem trabalhadas. Tal decisão é importante na medida em que nessas populações devem se concentrar os alelos favoráveis para as características de interesse, permitindo a extração de linhagens superiores e equívocos nessa etapa podem comprometer todo o trabalho, resultando em desperdício de tempo e de recursos investidos (PATERNIANI; CAMPOS, 1999; HALLAUER; CARENA; MIRANDA FILHO, 2010; OLIBONI et al., 2013).

Em programas de melhoramento, a existência de variabilidade genética na população estudada é condição básica para o sucesso (FERRÃO et al., 2011). A utilização dessa variabilidade genética é fundamental para a melhoria de caracteres economicamente importantes, contudo é necessário conhecer o tipo e a quantidade de efeitos genéticos, objetivando garantir o uso eficiente da variabilidade (MOHAMMADI et al., 2014). O estudo da natureza genética e variabilidade genética será o primeiro objetivo para qualquer melhorista vegetal (SHUKLA et al., 2019).

2.2 Híbridos

A variabilidade genética disponível inclui de acessos coletados em pequenas fazendas a híbridos desenvolvidos por empresas de sementes, representando uma fonte de numerosos cruzamentos possíveis para gerar linhagens (BARROS et al., 2011).

Durante o programa de melhoramento, para garantir plantas com alto rendimento, o melhorista geralmente se depara com o problema de selecionar pais e cruzamentos (TOMAR; BHALALA, 2006).

A seleção geralmente é baseada em estratégias para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento, dentre as quais se destaca a identificação de populações promissoras, oriundas de híbridos simples de alto rendimento (OLIBONI, 2013).

A utilização de sementes híbridas na produção comercial de hortaliças é frequente em países desenvolvidos e em desenvolvimento (LALLA et al., 2010). No Brasil, atribui-se o sucesso da cultura do meloeiro ao uso de sementes melhoradas, em especial híbridas (NUNES et al., 2016).

Tais híbridos associam alta produtividade com grande proporção de locos favoráveis já fixados, que têm a vantagem de já terem sido analisados em vários ambientes (AMORIM; SOUZA 2005; VIANA 2007). Também representam uma excelente opção, por serem adaptados, amplamente avaliados e selecionados para fenótipos desejáveis e, portanto, expressam alto potencial de produção, devido ao acúmulo de alelos favoráveis (OLIBONI, 2013).

Destacam-se ainda, dentre outras vantagens oferecidas aos produtores e consumidores, a precocidade, melhor padronização e qualidade dos frutos, melhor conservação pós-colheita e estabilidade de comportamento sob condições ambientais variáveis (KOCH, 1995; MALUF, 2001).

Todavia, as principais vantagens do uso de híbridos, além da elevada produtividade ($> 25 \text{ t ha}^{-1}$), são a maior qualidade ($> 11^\circ\text{Brix}$) e, sobretudo, a uniformidade do produto, uma das mais importantes exigências do mercado externo (NUNES et al., 2016).

No intuito de atender às necessidades das regiões produtoras, as empresas de sementes lançam no mercado a cada ano diversas cultivares, devido ao grande interesse para que sejam produtivas e de boa qualidade (DALASTRA, 2015).

A importância da hibridação relaciona-se também na obtenção de heterose, reunindo características desejáveis de ambos os pais (GODOY et al., 2006). Estudos revelaram que a heterose no melão é significativa para a produção, seus componentes e para as características de frutos (FEYZIAN et al., 2009; ARAUJO BARROS et al., 2011; POUYESH et al., 2017).

2.3 Dialélio e Modelos mistos

Vários métodos foram desenvolvidos para estudar o controle genético de caracteres em plantas (POUYESH et al., 2017). Uma das alternativas são os sistemas de cruzamentos dialélicos, bastante eficientes na medida em que indicam os melhores híbridos e auxiliam na escolha de parentais mais promissores para serem utilizados no programa de hibridação (CRUZ; REGAZZI, 2004).

As técnicas de análise dialélica foram desenvolvidas para serem ferramentas úteis na obtenção de informações precisas sobre o tipo de ação dos genes envolvidos na expressão de várias características e para prever o desempenho das progênies nas gerações segregantes (MARAME et al., 2008), facilitando, assim, a escolha de pais adequados no programa de hibridação.

A análise dialélica é especialmente útil no estudo das capacidades de combinação de genótipos, como também na estimativa da herdabilidade de sentido restrito (POUYESH et al., 2017). Para auxiliar na escolha de genitores, a informação sobre a capacidade de combinação desses genitores e híbridos, expressos na produção de populações segregantes promissoras, deve ser utilizada.

Sprague; Tatum (1942) utilizaram as expressões Capacidade Geral de Combinação (CGC) e Capacidade Específica de Combinação (CEC) para designar caracteres devidos aos efeitos genéticos aditivos e aos efeitos dominantes e epistáticos, respectivamente.

A CGC indica a contribuição média de um pai ou clone para combinações híbridas. A CEC é usada para identificar casos em que certas combinações híbridas têm desempenho

melhor ou pior do que o esperado, com base no desempenho médio dos pais. A CGC está associada a genes com efeitos principalmente aditivos, além dos efeitos aditivos epistáticos x aditivos; por sua vez, a CEC é basicamente definida por genes com efeitos dominantes e vários tipos de interações (CRUZ; REGAZZI, 2004; DIAS et al., 2016).

A capacidade geral de combinação identifica genitores com maior frequência de alelos favoráveis, ao passo que a capacidade específica de combinação indica combinações híbridas mais promissoras (FERREIRA et al., 2002; VALÉRIO et al., 2009; BARROS et al., 2011), assim como informações sobre a natureza e magnitude dos efeitos dos genes que controlam características de importância econômica.

Essas informações, juntamente com a herança de características, são úteis para definir a estratégia de um programa de melhoramento genético (FEYZIAN et al., 2009; BARROS et al., 2011).

A proposta de Griffing (1956) é uma das mais utilizadas para a análise dialélica (LIMA et al., 2003), permitindo a obtenção das estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC). Além disso, é útil para investigar a variação genética de caracteres, identificando cruzamentos que possivelmente proporcionam segregação transgressiva (POUYESH et al., 2017).

A depender da natureza da amostragem dos pais e dos objetivos do estudo, esse método pode ser analisado como modelo fixo, aleatório ou misto, mas geralmente os modelos são analisados como fixos para simplificar os cálculos (RESENDE, 1999). Entretanto, segundo Henderson (1975), os valores genéticos assumidos como fixos, podem distorcer as avaliações e até influenciar os valores genéticos estimados.

Enquanto isso, o uso de modelos mistos permite a extrapolação de inferências para outros ambientes (PANTER; ALLEN, 1995), o que, segundo Falconer; Mackay (1996), é útil para a indicação de genótipos, especialmente quando são analisadas características quantitativas, sob forte influência ambiental.

Há trabalhos de melhoramento com melões de diferentes grupos botânicos enfocando a seleção de linhagens, produção, qualidade do fruto e resistência a pragas e patógenos (NUNES et al., 2004; SANTOS et al., 2015; COSTA et al., 2016; GUIMARÃES et al., 2016; RICARTE et al., 2016; COSTA et al., 2017; NUNES et al., 2017; SILVA et al., 2017), mas não há informações sobre análise dialélica de híbridos comerciais e suas combinações híbridas sob diferentes modelos de análises dialélicas.

2.4 Estimativa $m+a'$

A utilização de híbridos comerciais como fonte de novas linhagens – denominadas linhagens de segundo ciclo – é uma prática comum entre os melhoristas (HALLAUER, 1990; LAMKEY et al., 1995). Todavia, dentre os híbridos comerciais disponíveis, é necessário utilizar estratégias para identificar as melhores opções e auxiliar na escolha dos híbridos e/ou populações segregantes como fontes de novas linhagens (LIMA et al., 2000).

A seleção dos melhores pais para a hibridação deve ser baseada em informações genéticas completas (TOMAR; BHALALA, 2006). A utilização de dois tipos de análises ou análises complementares para identificação de genitores e híbridos promissores é importante para evitar perda de tempo e recursos, comprometendo todo o processo, no caso de uma escolha equivocada.

Outro procedimento que auxilia na escolha das populações e linhagens é a estimativa de $m+a'$, que consiste em um método proposto por Vencovsky (1987), permitindo avaliar o potencial das populações em gerações precoces, facilitando a escolha das populações a serem utilizadas (VIANA, 2007).

De acordo com Viana et al., (2007), o desempenho da geração F_1 de um híbrido é função de $m+a'+d$, em que m é a média fenotípica de todas as linhagens na geração F_∞ , do cruzamento de pais completamente contrastantes, ao passo que a constitui o somatório dos efeitos dos locos fixados nos genitores. Em outras palavras, $m+a'$ é a contribuição dos locos em homozigose, fixados nas linhagens parentais, e d é o desvio dos heterozigotos em relação à média, de tal forma que $m+a'$ depende do desempenho das linhagens *per se* e d depende da divergência entre as linhagens e da existência de dominância no controle do caráter.

Portanto, uma população com maior valor para estimativa $m+a'$ possui maior ocorrência de locos com alelos favoráveis, quando comparada a outra população (ABREU, 1997). Essa análise permite avaliar o potencial das populações em gerações precoces, obtendo a estimativa por meio do contraste entre as gerações F_1 e F_2 (VIANA et al., 2007).

São poucos os trabalhos desenvolvidos no sentido de estudar a estimativa $m+a'$ e d , e não há dados sobre tal contribuição em caracteres avaliados na cultura do melão.

Durante a avaliação dos valores, é importante que a maior estimativa de $m+a'$ esteja associada à maior variância entre as linhagens, pois se diferentes populações derem origem a linhagens com médias semelhantes, será considerada como melhor população para extração de linhagens aquela que apresentar maior amplitude de variação, levando em conta o valor de d como indicativo de variabilidade (VIANA, 2007).

Porém, de acordo com Lima et al. (2000), a concordância da estimativa de d da população não tem sido boa, tornando necessários maiores estudos que avaliem o valor de d e a variabilidade existente, levando-se em conta que as populações que apresentaram maiores estimativas de d possuem maior número de locos em heterozigose e maior variação na geração F_2 e nas demais gerações nessas populações.

Portanto, o ideal é selecionar populações que associem altos valores de $m+a'$ e d , pois eles proporcionarão linhagens com média alta e grande variação, principal objetivo dos melhoristas (VIANA, 2007).

Desse modo, a associação da análise dialélica via modelos mistos e os valores obtidos pela estimativa $m+a$ e d permitem melhor identificação dos genitores e das combinações híbridas mais promissoras para indicação no programa de melhoramento.

REFERÊNCIAS

- ABREU, A. F. B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais**. 1997. 79p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1997.
- AMORIM, E. P.; SOUZA J. C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais a partir de populações So de híbridos simples comerciais. **Revista Bragantia**, Campinas, v. 64, n. 3, p. 561-567, 2005.
- ARAÚJO, J. L. et al. Partição de nutrientes na parte aérea do meloeiro ‘Goldex’ fertirrigado. **Revista Agro@mbiente On-line**, v. 10, n. 4, p. 299-308, outubro-dezembro, 2016.
- BARROS, A. K. A. et al. Diallel analysis of yield and quality traits of melon Fruits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, p. 313-319, 2011.
- BISON, O. et al. Potencial de híbridos simples de milho para extração de linhagens. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 27, n. 2, p. 348-355, 2003.
- CARNEIRO, J. E. S. **Alternativas para obtenção e escola de populações segregantes no feijoeiro**. 2002. 134f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2002.
- CARVALHO I. D. E. et al. Seleção massal em uma população de melão resultante da hibridação entre dois grupos botânicos. **Revista Verde**, Mossoró, v. 9, n. 1, p. 216-221, jan-mar. 2014.
- COSTA, J. M. et al. Associação entre heterose e divergência genética estimada por caracteres morfológicos e marcadores SSR em meloeiro. In: Feira Internacional da Fruticultura Tropical Irrigada 2016, Mossoró, **Anais...** Mossoró, Expofruit, 2016.
- COSTA, J. M. et al. Reação de acessos de meloeiro A *Alternaria* spp. XXX Congresso Brasileiro de Agronomia, **Anais...** Fortaleza, CBA, 2017.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa, UFV, 2004.
- CUNHA, J. A. et al. From seed to flour: Sowing sustainability in the use of cantaloupe melon residue (*Cucumis melo* L. var. *reticulatus*). **PLoS One**, v. 15, n. 1, 2020.
- DALASTRA, G. M. et al. Desempenho de cultivares de melão, em função do número de frutos por planta. **Journal of Agronomic Sciences**, v. 4, n. 1, p. 26-41, 2015.
- DIAS, F. T. C. et al. Genetic effects and potential parents in cowpea. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 315-320, 2016.
- DIAS, N. S. et al. Crescimento do Meloeiro em Substrato de Fibra de Coco com Solução Nutritiva Salina Irriga. **Irriga**, Botucatu, v. 20, n. 1, p. 1-12, janeiro-março, 2015.

- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. Malasya: Longman, 1996.
- FERRÃO, L. F. V. et al. Divergência genética entre genótipos de pimenta com base em caracteres morfo-agrômicos. **Horticultura Brasileira**, v. 29, p. 000-000, 2011.
- FERREIRA, M. A. J. et al. Capacidade de combinação em sete populações de melancia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, p. 963-970, 2002.
- FEYZIAN, E. et al. Diallel cross analysis for maturity and yield-related traits in melon (*Cucumis melo* L.). **Euphytica**, v. 168, p. 215-223, 2009.
- GODOY, M. C. et al. Influência do estado de maturação da flor na produção de sementes de pimentão com polinização manual. **Bragantia**, v. 65, n. 1, p. 83-87, 2006.
- GUIMARÃES, I. P. et al. Interference of genotype-by-environment interaction in the selection of inbred lines of yellow melon in an agricultural center in Mossoró-Assu, Brazil. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 1, p. 51-59, 2016.
- HALLAUER, A. R. Methods used in developing maize inbred lines. **Maydica**, v. 35, p. 1-16, 1990.
- HALLAUER, A. R. et al. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010.
- HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, p. 423- 447, 1975.
- IBGE - **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/censo-agropecuario/censo-agropecuario-2017>>. Acesso em: 14 dez. 2019.
- KOCH, P. S. **Análise genética de um cruzamento dialélico em abobrinha (*Cucurbita pepo* L.)**. 1995. 79f. Tese (Doutorado) – Universidade de São Paulo - ESALQ, Piracicaba, 1995.
- KUSANDRIANI, Y.; PERMADI, A. H. Pemuliaan tanaman cabai. In: DURIAT, A. S.; HADISOEGANDA, A. W. W.; SOETIARSO, T. A.; PRABANINGRUM, L. (org.). **Teknologi produksi cabai merah**. Lembang: Balai Penelitian Sayuran, 1996.
- LALLA, J. G. et al. Capacidade combinatória e heterose de linhagens de pepino do grupo japonês para caracteres de produção. **Horticultura Brasileira**, v. 28, p. 337-343, 2010.
- LAMKEY, K. R. et al. Epistasis in an elite maize hybrid and choice of generation for inbred line development. **Crop Science**, v. 35, n. 5, p. 1272-1281, 1995.
- LIMA, M. W. P. et al. Procedimento para escolha de populações de milho promissoras para extração de linhagens. **Bragantia**, v. 59, n. 2, p. 153-158, 2000.
- LIMA, P. C. et al. Somas de quadrados e hipóteses associadas ao modelo dialélico de Gardner e Eberhart. **Ciência e agrotecnologia**, v. 27, n. 5, p. 1113-1121, set./out. 2003.

- MALUF, W. R. Heterose e emprego de híbridos F1 em hortaliças. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES, M. C. (org.). **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001, p. 327-356.
- MARAME, F. L. et al. Genetic Components and Heritability of Yield and Yield Related Traits in Hot Pepper. **Res. J. Agric. e Biol. Sci.**, v. 4, n. 6, p. 803-809, 2008.
- MENDONÇA, H. A. et al. Selection of common bean segregating populations using genetic and phenotypic parameters and RAPD markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 2, n. 2, p. 219-226, 2002.
- MOHAMMADI, R. et al. Genetic Analysis of Yield Components, Early Maturity and Total Soluble Solids in Cantaloupe (*Cucumis Melo* L. subsp. *melo* var *cantalupensis* Naudin). **Araştırma Makalesi**, v. 24, n. 1, p. 79-86, 2014.
- MOHAMMED, T. M. N. E.; EL ZUBEIR, I. E. M. Evaluation of Chemical Composition and Sensory Properties of Ice cream Flavored with African Fan Palm (*Borassus aethiopum*) and Muskmelon (*Cucumis melo* L.) **Fruits Juices. J Nutr Food Sci.**, v. 2, n. 10, 2019.
- NUNES, G. H. S. et al. Aspectos produtivos e de qualidade de híbridos de melão cultivados no agropolo Mossoró-Assu. **Horticultura Brasileira**, v. 22, p. 744-747, 2004.
- NUNES, G. H. S. et al. Melhoramento de melão. In: NICK, C.; BORÉM, A. (org.). **Melhoramento de hortaliças**. Viçosa: ed. UFV, 2016. p. 331-363.
- OLIBONI, R. et al. Diallelic analysis in assessing the potential of maize hybrids to generate base-populations for obtaining lines. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 34, n. 1, p. 7-18, 2013.
- PANTER, D. M.; ALLEN, F. L. Using best linear unbiased predictions to enhance breeding for yield in soybean: I Choosing Parents. **Crop Science**, v. 35, p. 397-405, 1995.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M. S. Melhoramento do milho. In: BOREN, A. (org.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. p. 429-478.
- PENHA, T. A. M.; ALVES, H. C. Desempenho das exportações do melão potiguar e cearense: uma análise de constant market share. **Revista de estudos sociais**, v. 20, n. 41, 2018. Disponível em: <<http://periodicoscientificos.ufmt.br/ojs/index.php/res/article/view/7634/html>>. Acesso em: 14 jan. 2020.
- POUYESH, A. et al. Genetic analysis of yield and fruit traits in Cantaloupe cultivars. **Plant Breeding**, p. 1-9, 2017.
- RESENDE, M. D. V.; FERNANDES, J. C. S. Procedimento BLUP (melhor predição linear não viciada) individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 17, p. 89-107, 1999.
- RICARTE, A. O. et al. Seleção de linhagens de melão amarelo resistentes a *podospaera xanthii* (raça 1). In: Feira Internacional da Fruticultura Tropical Irrigada 2016, Mossoró, **Anais...** Mossoró, Expofruit, 2016.

SANTOS, F. G. B. et al. Produção e qualidade de melão Cantaloupe em cultivo protegido temporariamente com agrotêxtil em Mossoró, Rio Grande do Norte. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 62, n. 1, p. 093-100, jan.-fev. 2015.

SHUKLA, S. et al. Estimation of Components of Genetic Variation and Graphical Analysis in Opium Poppy (*Papaver somniferum* L.). **Advances in Crop Science and Technology**, v. 7, n. 2, p. 1-8, 2019.

SILVA, J. M. C. Herança do Teor de Sacarose em Frutos de Melão. XXX Congresso Brasileiro de Agronomia, **Anais...** Fortaleza, CBA, 2017.

SPRAGUE, G. F.; TATUM, L. A. General versus specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v. 34, n. 10, p. 923-932, 1942.

SYUKUR, M. et al. Diallel Analysis using Hayman Method to Study Genetic Parameters of Yield Components in Pepper (*Capsicum annum* L.) **Journal of Biosciences**, v. 17, n. 4, p. 183-188, 2010.

TOMAR, R.S.; BHALALA, M. K. Combining ability studies in Muskmelon (*Cucumis melo* L.) **J. Hort. Sci.**, v. 1, n. 2, p. 109-115, 2006.

VALÉRIO, I.P. et al. Combining ability of wheat genotypes in two models of diallel analyses. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, p. 100-107, 2009.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. (org.). **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. 2 ed. Campinas Fundação Cargill, 1987. p. 137-209.

VENDRUSCOLO, E. P. et al. Boiler residue as an alternative substrate to the production of Cantaloupe melon seedlings. **Brazilian Journal of Animal and Environmental Research**, Curitiba, v. 2, n. 4, p. 1201-1211, 2019.

VIANA, L. F. **Estimativa de m+a e d como indicadores do potencial de híbridos de milho para extração de linhagens**. 2007. 64f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.

CAPÍTULO 1

Análise dialélica da produção e qualidade de frutos em melão amarelo

RESUMO

Os sistemas de cruzamentos dialélicos indicam os melhores híbridos e auxiliam na escolha de parentais para serem utilizados em programas de hibridação. O objetivo deste estudo foi avaliar o desempenho de híbridos comerciais de meloeiro e suas combinações híbridas, utilizando dois modelos de análise dialélica. Foram realizados cruzamentos manuais entre sete híbridos simples, A1, A2, A3, A4, A5, A6 e A7, formando vinte e uma combinações híbridas. Os ensaios foram conduzidos em blocos casualizados com três repetições, nos anos de 2017 e 2018, nas cidades de Baraúna e Mossoró, no Rio Grande do Norte. Foram avaliados vinte e oito tratamentos (7 híbridos + 21 combinações híbridas). Avaliaram-se o número e peso médio do fruto, produtividade, espessura e teor de sólidos solúveis. Os dados foram submetidos às análises de variância individuais e análise conjunta pelo teste F de Snedecor ($\alpha = 0,05$). Realizou-se a análise dialélica conjunta conforme o Método 2 de Griffing e análise dialélica baseada em efeitos aleatórios, utilizou-se SELEGEN-REML/BLUP, modelo 34. Os genitores A4 e A6 apresentaram os maiores valores positivos para o maior número de caracteres. Sendo o genitor A4 para peso médio dos frutos, espessura da polpa e teor de sólidos solúveis, e o genitor A6 para número de frutos e produtividade. As combinações híbridas A4 x A7 e A1 x A6, apresentaram os melhores desempenhos de capacidade específica de combinação. Além disso, pelo menos um dos genitores apresentou maior capacidade geral de combinação.

Palavras-chave: *Cucumis melo* L., Dialélico, Griffing, BLUP.

CHAPTER 1

Diallel analysis of fruit yield and quality in yellow melon

ABSTRACT

The diallel crossbreeding systems indicate the best hybrids and assist in the choice of parents to be used in hybridization programs. The aim of this study was to evaluate the performance of commercial melon hybrids and their hybrid combinations, using two models of diallel analysis. Manual crosses were performed between seven simple hybrids, A1, A2, A3, A4, A5, A6 and A7, forming twenty-one hybrid combinations. The trials were conducted in randomized blocks with three repetitions, in the years 2017 and 2018, in the cities of Baraúna and Mossoró, in Rio Grande do Norte. Twenty eight treatments were evaluated (7 hybrids + 21 hybrid combinations). The number and average weight of the fruit, productivity, thickness and soluble solids content were evaluated. The data were submitted to individual analysis of variance and joint analysis using the Snedecor F test ($\alpha = 0.05$). The joint diallel analysis was carried out according to Griffing's Method 2 and diallel analysis based on random effects, SELEGEN-REML / BLUP, model 34 was used. The parents A4 and A6 had the highest positive values for the largest number of characters. Being the parent A4 for average fruit weight, pulp thickness and soluble solids content, and parent A6 for fruit number and productivity. The hybrid combinations A4 x A7 and A1 x A6, presented the best performances of specific combining ability. In addition, at least one of the parents had a higher overall combining ability.

Keywords: *Cucumis melo* L., Diallel, Griffing, BLUP

1 INTRODUÇÃO

O melão (*Cucumis melo*, $2n = 2x = 24$) é uma das principais cucurbitáceas cultivadas em todo o mundo. O Brasil é o maior produtor sul-americano e o décimo segundo exportador (FAO, 2019). A maior concentração da produção brasileira se concentra no semiárido, especialmente no Agropolo denominado Assu-Jaguaribe, que abrange os Estados do Rio Grande do Norte e do Ceará (IBGE, 2017).

Uma das razões para o sucesso da cultura do meloeiro deve-se ao uso de sementes melhoradas, em especial, híbridas. O principal tipo de melão híbrido utilizado é o amarelo, correspondendo a aproximadamente 60% da área cultivada (NUNES et al., 2016). As principais vantagens do uso de híbridos é a elevada produtividade ($> 25 \text{ t ha}^{-1}$), maior qualidade ($> 11^\circ\text{Brix}$) e, sobretudo, a uniformidade do produto, uma das mais importantes exigências do mercado externo.

Em programas de melhoramento, que envolvam hibridação, a análise dialélica é a metodologia mais empregada na escolha dos genitores (VIANA, 2007).

Existem várias metodologias de análise de tabelas dialélicas, sendo a proposta de Griffing (1956) uma das mais utilizadas (LIMA et al., 2003). Ao analisar uma tabela dialélica, uma das decisões a ser tomada pelo pesquisador é sobre a natureza do efeito de genitores. Os modelos podem ser analisados como mistos, fixos ou aleatório, geralmente são assumidos como fixos para simplificar os cálculos (RESENDE, 1999). No entanto, considera-los mistos pode-se distorcer as avaliações (HENDERSON, 1975).

Modelos mistos para a análise dialélica tem sido utilizados para diversas culturas como eucalipto (ROCHA et al., 2007), feijão (BALDISSERA et al., 2012), mamoeiro (VIVAS et al., 2014; CARDOSO et al., 2017), pinhão manso (LAVIOLA et al., 2018), milho (BUZINARO et al., 2018) trigo (VALÉRIO et al., 2009) e pimentão (CHAGAS et al., 2019). Todavia, não há relatos deste tipo de análise em meloeiro. Além disso, são escassos os trabalhos que comparem os resultados de uma análise dialélica considerando o efeito de genitores como fixo ou aleatório.

Diante dessas considerações, o objetivo deste estudo foi avaliar o desempenho de híbridos comerciais de meloeiro do tipo amarelo e seus respectivos cruzamentos de acordo com dois modelos de análise dialélica: Griffing (fixo) e BLUP (aleatório).

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Localização e Caracterização das áreas experimentais

O experimento I foi conduzido de setembro a novembro de 2017 em Baraúna-RN (5° de latitude Sul, 37° de longitude Oeste e 109 metros de altitude). O experimento II foi conduzido de agosto a outubro de 2018 na Fazenda Experimental Rafael Fernandes (5° 03' de latitude sul, 37°24' de longitude oeste e altitude de 70 m), no distrito de Alagoinha, município de Mossoró-RN. Segundo Thornthwaite, o clima da região é semiárido e, de acordo com Köppen, é BSh, seco e muito quente, com duas estações climáticas: uma seca, que vai geralmente de junho a janeiro e uma chuvosa, de fevereiro a maio (ALVARES et al., 2013). Os solos das áreas experimentais foram classificados como Argissolo Vermelho-Amarelo Equivalente Eutrófico (EMBRAPA, 2013).

2.2 Genitores

Foram utilizadas sete linhagens de melão amarelo como genitores (Figura 1). Todas as linhagens são do tipo do amarelo, andromonóicas, com mesocarpo branco. Os referidos genitores foram utilizados cruzados dois a dois em um total de 21 combinações híbridas.



Figura 1. Aspectos externos e internos das linhagens de melão amarelo utilizadas como genitoras no dialélio para obtenção de híbridos. Mossoró-RN, UFERSA, 2020.

2.2 Detalhes experimentais

As duas áreas experimentais foram preparadas com uma aração e duas gradagens, seguido de sulcamento em linhas, espaçadas de 2 m e com profundidade de 0,30 m, onde foi realizada a adubação de fundação com base na análise do solo e recomendação para a região para meloeiro. Os camalhões foram construídos sobre os sulcos de adubação com 0,20 m de altura e 0,60 m de largura. Sobre os camalhões foi instalado o sistema de irrigação, constituído por uma mangueira com gotejadores do tipo autocompensante, com vazão média de 1,5 Lh⁻¹, espaçados de 0,30 m e com distância de dois metros entre as linhas. Em seguida, os camalhões foram cobertos com filme plástico de coloração preto/preto.

As irrigações foram realizadas diariamente com as lâminas de água determinadas com base na evapotranspiração da cultura. Durante todo o ciclo da cultura foi usada uma lâmina de 387 mm. As adubações de cobertura foram feitas via fertirrigação dois dias após o transplântio com doses variáveis de acordo com os estádios fenológicos da cultura. As fontes dos adubos utilizadas foram Ureia, MAP e cloreto de potássio.

A semeadura foi feita em bandejas de poliestireno expandido com 200 células composta por substrato comercial Polifértil®. Quando as plântulas atingiram a primeira folha verdadeira expandida (14 dias) foram transplantadas para as parcelas na área experimental. O controle fitossanitário e os demais tratamentos culturais foram realizados de acordo com as recomendações técnicas adotadas na região para o meloeiro (OLIVEIRA et al., 2019). A colheita dos frutos foi realizada entre o período de 58 a 64 dia após o transplântio (DAT) em função da maturação dos frutos.

Os genitores e suas 21 combinações híbridas, obtidas no esquema dialelo sem recíprocos, foram avaliados em condições de campo em dois experimentos conduzidos em blocos casualizados com três repetições. A parcela foi constituída por uma linha de 6,0 m, no espaçamento de 2,0 x 0,4 m.

2.3 Caracteres avaliados

Foram avaliados os seguintes caracteres relacionados à produção e qualidade de frutos:

- a) Número de frutos (NF): expresso pela contagem do total de frutos produzidos na parcela;
- b) Peso médio do fruto (PMF): expresso em g, obtida pela média do peso de cinco frutos amostrados individualmente, para cada parcela;

- c) Produtividade (PRO): estimada em (t ha⁻¹) obtida multiplicando o peso médio dos frutos pelo número de frutos contabilizados da parcela;
- d) Espessura do mesocarpo (EPO): expressa em mm, correspondente a espessura média do pericarpo de cinco frutos de cada parcela, sendo tomadas duas medidas por fruto, por meio de uma régua graduada;
- e) Teor de sólidos solúveis (SST): foi retirada uma amostra de aproximadamente 2/3 da espessura da polpa na região equatorial do fruto, no sentido da cavidade. A amostra foi pressionada manualmente até que uma parte do suco fosse depositada em um refratômetro digital (Digital Refractometer Palette 100), expresso em °Brix, representa a média do extrato de cinco frutos de cada parcela.

Para as análises da espessura de polpa bem como para sólidos solúveis, foram amostrados ao acaso oito frutos por parcela.

2.4 Análise Estatística

O modelo estatístico associado à análise dialélica, em delineamento em blocos ao acaso, em vários ambientes, com uma observação por parcela e genitores não aparentados (modelo 34 do software SELEGEN-REML/BLUP), foi o seguinte:

$$y = X\tau + Za + Wif + Tf + Sia + e$$

Em que y é vetor de dados observados; τ é o vetor dos efeitos fixos (repetição-ambiente) somados à média geral associados à matriz de incidência X ; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais assumidos aleatórios [$\square\text{NID}(0, \sigma_a^2)$] associados com a matriz de incidência Z ; if é o vetor dos efeitos da interação dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos com locais assumidos como aleatórios [$\square\text{NID}(0, \sigma_{axl}^2)$] associados à matriz W ; f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos assumidos aleatórios [$\square\text{NID}(0, \sigma_f^2)$] associados com a matriz de incidência T ; ia é o vetor dos efeitos da interação dos efeitos genéticos aditivos com locais assumidos aleatórios [$\square\text{NID}(0, \sigma_{axl}^2)$] associados com a matriz de incidência S ; e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

A variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$), variância de dominância ($\hat{\sigma}_d^2$), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_{fen}^2$), herdabilidade no sentido restrito (\hat{h}_a^2), herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_g^2) foram obtidas através das seguintes equações: $\hat{\sigma}_a^2 = 4\hat{\sigma}_{gpc}^2$, $\hat{\sigma}_d^2 = 4\hat{\sigma}_{cec}^2$, $\hat{\sigma}_{fen}^2 = \hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_d^2 + \hat{\sigma}_{axl}^2 +$

$\hat{\sigma}_{axl}^2 + \hat{\sigma}_e^2$, $\hat{h}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_{fen}^2}$ e $\hat{h}_g^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_d^2}{\hat{\sigma}_{fen}^2}$. Em que em que $\hat{\sigma}_{cgc}^2$ é a variância da capacidade geral de combinação, $\hat{\sigma}_{cec}^2$ é a variância da capacidade específica de combinação e σ_e^2 é a variância residual. Em que $\hat{\sigma}_{axl}^2$ é a variância da interação do efeito aditivo com locais e $\hat{\sigma}_{axl}^2$ é a variância do efeito de dominância com locais.

O valor genético para cada híbrido foi predito pelo método BLUP (Best Linear Unbiased Predictors) (ROBINSON, 1991; XIANG; LIN, 2001) a partir da seguinte fórmula:

$$VG_{ij} = \mu + \frac{1}{2}a_i + \frac{1}{2}a_j + CEC_{ij}$$

Em que VG_{ij} é o valor genético do genótipo ij ; μ é a média geral; a_i é o valor genético aditivo do pai i (Capacidade Geral de Combinação); a_j é o valor genético aditivo do pai j (Capacidade Geral de Combinação); CEC_{ij} é o valor da Capacidade Específica de Combinação do cruzamento ij . Foi utilizado o teste t de Student para verificar a significância dos efeitos de CGC e CEC (GHIGEZA et al., 2014).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se efeitos significativos ($p < 0,05$) dos componentes de variância aditivo (associado à capacidade geral de combinação - CGC) e de dominância (associado à capacidade específica de combinação - CEC) no número de frutos por planta e na produtividade (Tabela 1). O componente de variância da CGC ($\hat{\sigma}_{cgc}^2 = 0,25 \hat{\sigma}_a^2$) foi superior ao componente de variância da CEC ($\hat{\sigma}_{cec}^2 = 0,25 \hat{\sigma}_d^2$) em ambos os caracteres avaliados. Também se verificou significância para o componente da interação dos efeitos de dominância com ambientes foi significativo ($p < 0,05$). A presença da interação indica comportamento diferencial das CEC em função dos ambientes. A interação observada contribuiu muito pouco para a manifestação fenotípica pois explicou apenas 17,7% para o número de frutos por planta e 13,1% da manifestação fenotípica (Tabela 1). A interação observada foi predominantemente simples, fato que facilita o processo de seleção uma vez que o ordenamento das CEC não é aletrado entre os ambientes. Napolitano et al. (2020) observaram interação significativa entre CEC e ambientes ao avaliar oito genitores de meloeiro em cinco ambientes na Itália para produtividade e sólidos solúveis.

Tabela 1. Estimativas de máxima verossimilhança restrita (REML) dos componentes de variância de caracteres relacionados à produção e qualidade de frutos obtidas na análise dialélica conjunta de linhagens de melão amarelo e seus híbridos avaliados em dois ambientes. Mossoró, RN, UFRSA, 2020.

Componente de Variância (REML)	Estimativa (Caráter)				
	NFP	PMF	PRO	EPO	SST
$\hat{\sigma}_a^2$	3,235**	0,079*	5,780**	0,511*	0,829**
$\hat{\sigma}_d^2$	2,252**	0,001 ^{ns}	2,053**	0,126 ^{ns}	0,004 ^{ns}
$\hat{\sigma}_{axl}^2$	0,024 ^{ns}	0,002 ^{ns}	0,111 ^{ns}	0,046 ^{ns}	0,008 ^{ns}
$\hat{\sigma}_{daxl}^2$	1,853*	0,003 ^{ns}	1,834*	0,007 ^{ns}	0,008 ^{ns}
$\hat{\sigma}_e^2$	3,096	0,158	4,244	0,420	2,001
$\hat{\sigma}_{fen}^2$	10,460	0,240	14,021	1,111	2,850
\hat{h}_r^2	0,309	0,327	0,412	0,460	0,291
\hat{h}_a^2	1,018	0,332	0,998	0,913	0,296
CV _e (%)	13,01	20,27	8,24	14,83	13,27
Média	13,524	1,959	24,997	4,370	10,663

$\hat{\sigma}_a^2$: Variância aditiva; $\hat{\sigma}_d^2$: Variância de dominância; $\hat{\sigma}_{axl}^2$: Variância da interação dos efeitos aditivos e ambientes; $\hat{\sigma}_{daxl}^2$: Variância da interação entre efeitos de dominância e ambientes; $\hat{\sigma}_e^2$: Variância residual. $\hat{\sigma}_{fen}^2$: Variância fenotípica. \hat{h}_r^2 : herdabilidade no sentido restrito; \hat{h}_a^2 : herdabilidade no sentido amplo. **, *: Significativo a $p \leq 0,01$ ou $0,05$ pelo teste da razão de máxima verossimilhança restrita (LRT) (\square^2 , gl = 1). NFP: Número de frutos por planta, PMF: Peso médio do fruto (kg), PRO: Produtividade ($t\ ha^{-1}$), EPO: Espessura de polpa (cm), SST: Sólidos solúveis ($^{\circ}$ Brix).

Com relação ao número de frutos, os resultados da presente pesquisa corroboram com aqueles obtidos por Barros et al. (2011) e Shashikumar and Pitchaimuthu (2016). Todavia, Singh and Randhawa (1990) e Kitroongruang Poo-Swang and Tokumasu (1992) relataram apenas efeitos aditivos estavam presentes no controle genético para o número de frutos, divergindo, portanto, dos resultados apresentados.

Concernente à produtividade, Lippert e Legg (1972), Kalb e Davis (1984b) e Abadia et al. (1985) concluíram que o rendimento é controlado por efeitos aditivos e não aditivos, predominantemente pelo componente quadrático da CEC. No entanto, Feyzian et al. (2009) e Napolitano et al. (2020) também observaram ação gênica aditiva e não aditiva, mas com predominância da CGC.

Para os caracteres peso médio de frutos, espessura da polpa e sólidos solúveis, constatou-se efeito significativo apenas da variância aditiva (CGC) ($p < 0,05$) (Tabela 1). Com

relação ao peso médio de frutos, ao contrário do presente estudo, Lippert; Legg (1972), Kalb; Davis (1984a), Singh; Randhawa (1990), Feyzian et al. (2009), Barros et al. (2011), Pouyesh et al. (2017); Shashikumar; Pitchaimuthu (2016) e Cavalcante Neto et al. (2020) verificaram efeitos aditivos e não aditivos.

Com relação à espessura da polpa, Barros et al. (2011) e Pouyesh et al. (2017) observaram os mesmos resultados do presente trabalho, quais sejam, efeitos aditivos e não aditivos significativos. Entretanto, nos trabalhos realizados por Kalb and Davis (1984a), Singh and Randhawa (1990) e Kitroongruang, Poo-Swang and Tokumasu (1992) não foram detectados efeitos aditivos e não aditivos significativos.

Para sólidos solúveis existem controvérsias em relação ao controle genético, Cuarteiro, Abadia and Nuez (1985), Kalb and Davis (1984a), Singh and Randhawa (1990), Barros et al. (2011) e Shashikumar and Pitchaimuthu (2016) constataram presença de efeitos aditivos e não aditivos; enquanto Lippert and Legg (1972), Monforte et al. (2005) e Napolitano et al. (2020) detectaram apenas efeito aditivo significativo.

As capacidades geral (CGC) e específica de combinação CGC dependem da frequência alélica dos genitores envolvidos no dialelo e do nível de dominância do caráter. Com efeito, resultados discrepantes entre trabalhos dependem, especialmente, do grupo de genitores utilizado nos experimentos. Em adição, o efeito das condições ambientais e o método de análise podem influenciar nas estimativas obtidas.

Na Figura 1 estão as estimativas dos valores genéticos aditivos (CGC) de linhagens genitoras. Para o número de frutos (NFP), produtividade (PRO), espessura da polpa (ESP) e sólidos solúveis (SST) destacou-se a linhagem AL-01 com as maiores estimativas de CGC, seguida da linhagem AL-02. As menores estimativas foram observadas para as linhagens AL-06 e AL-07. Todavia, para peso médio do fruto (PMF), a referida linhagem apresentou o menor valor, indicando que contribuiu deste caráter. As linhagens de melhor desempenho foram AL-06 e AL-07.



Figura 2. Estimativa dos valores genéticos aditivos (CGC) de linhagens genitoras obtidas em análise dialélica de para seis caracteres avaliados em melão amarelo em dois anos. Mossoró, RN, UFERSA, 2020. NFP: Número de frutos por planta, PMF: Peso médio do fruto (kg), PRO: Produtividade ($t\ ha^{-1}$), EPO: Espessura de polpa (cm), SST: Sólidos solúveis ($^{\circ}$ Brix).

A capacidade geral de combinação (CGC) informar a frequência de alelos que aumentam ou diminuem a expressão de um caráter. Genitores com maiores ou menores estimativas da CGC possuem mais alelos favoráveis para determinada característica. Quando o interessante for a maior média para o caráter, então valores elevados e positivos de CGC indicam maior frequência de alelos favoráveis. Por outro lado, quando a menor média da característica for benéfica para o genótipo, valores elevados e negativos são os desejados. Assim sendo, os genitores AL-1 e AL-02 são aqueles com maior frequência de alelos favoráveis para os caracteres número de frutos por planta, produtividade, espessura da polpa e sólidos solúveis. Genitores com maior CGC contribuem para obtenção de populações segregantes com maior média de linhagens derivadas (OLIVEIRA et al., 1996, FERREIRA

et al., 2004). As linhagens AL-06 e AL-07 são aquelas com maior frequência de alelos favoráveis para aumentar o peso médio dos frutos.

Em melão do tipo amarelo, é interessante frutos com tamanho médio a grande (1500 a 2500 g), no caso dos mercados externo e interno, respectivamente.

Serão apresentadas estimativas das capacidades específica de combinação (CEC) apenas para os caracteres nos quais foram constatados efeitos não aditivos significativos (Figuras 3 e 4). Nas estimativas das capacidades específicas de combinação dos cruzamentos, verificou-se que a maior estimativa foi observada no cruzamento AL-01 e AL-02, seguida da combinação AL-02 x AL-03. As estimativas dos cruzamentos envolvendo a linhagem AL-01 foram todas negativas, com exceção daquela observada na combinação com AL-02. Por outro lado, as combinações envolvendo a linhagem AL-02 foram todas negativas. Para a produtividade, o comportamento das capacidades específicas foi o mesmo observado para os número de frutos por planta (Figura 3).

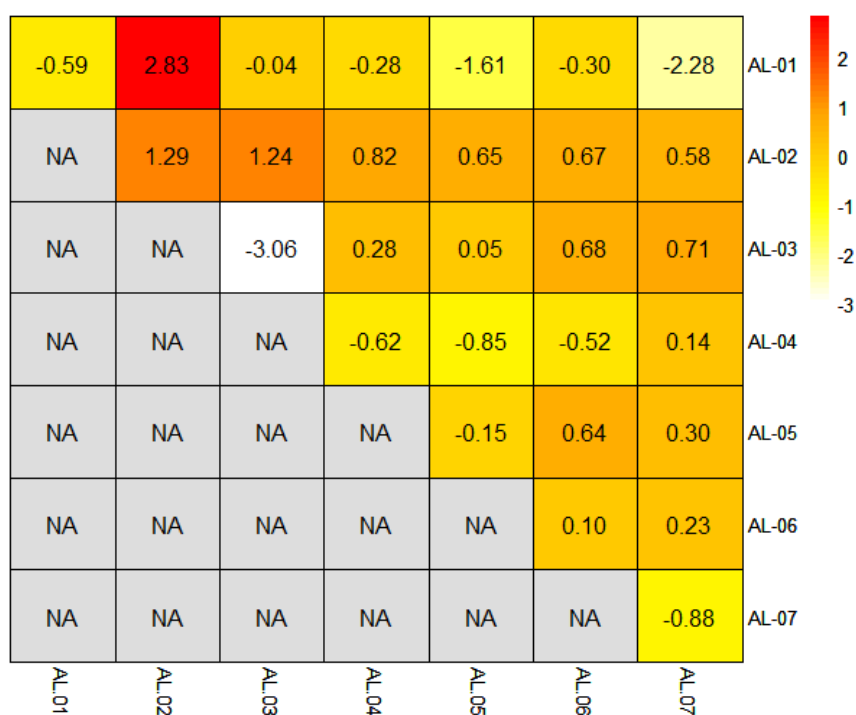


Figura 3. Estimativa das capacidades específica de combinação (CEC) de sete linhagens e seus híbridos para o número de frutos por planta. Mossoró, RN, UFERSA, 2020.

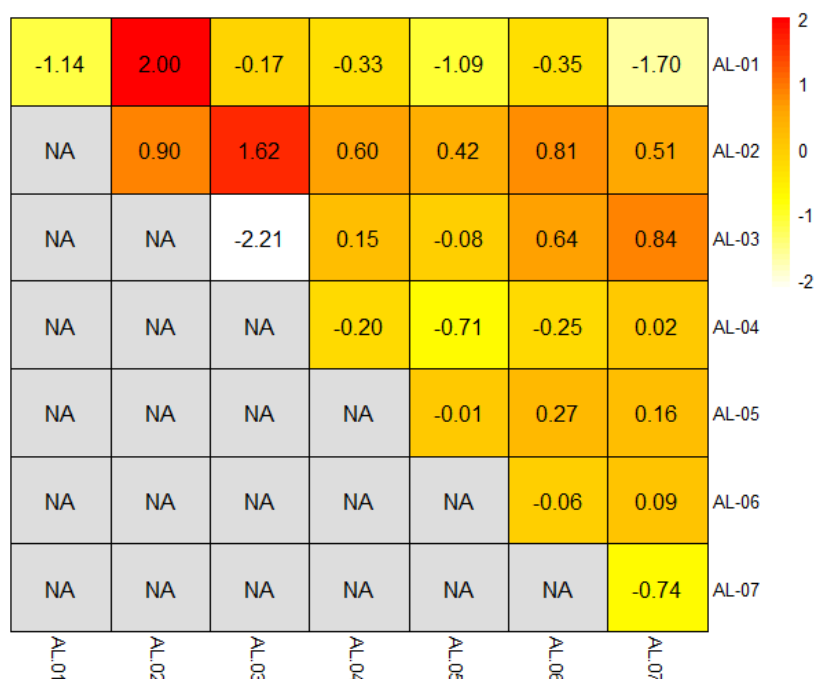


Figura 4. Estimativa das capacidades específicas de combinação (CEC) de sete linhagens e seus híbridos para o número de frutos por planta. Mossoró, RN, UFERSA, 2020.

A magnitude da capacidade combinatória específica (CEC) indica o grau de complementação dos pais de uma cruz. Uma CEC significativa indica desempenho heterogêneo dos genitores. Nesse caso, não é possível prever o desempenho dos genitores com base apenas na CGC. A estimativa da capacidade específica é importante para identificar os cruzamentos nos quais a heterose foi manifestada. Isso ocorre por há uma estreita relação entre a heterose e a capacidade específica de combinação (BARROS et al., 2011; CAVALCANTE NETO et al., 2020). Tanto a heterose como a CEC dependem da dominância do caráter e da frequência alélica dos genitores envolvidos no cruzamento (FALCONER; MACKAY, 2006). Nesse sentido, o destaque dos cruzamentos mais promissores para heterose segue o mesmo do observado para a capacidade específica de combinação (Figuras 3 e 4).

Ao realizar a escolha de genitores ou híbridos em cruzamentos dialélicos, o melhorista deve selecionar aquele cruzamento com elevada capacidade específica de combinação (CEC) e que pelo menos um dos genitores tenha elevada estimativa da capacidade geral de combinação (VENCOVSKY; CRUZ, 1989; HASANUZZAMAN et al., 2012). O objetivo é unir grande variabilidade (divergência genética e heterose) e alta frequência de alelos favoráveis nas populações segregantes (CAVALCANTE NETO et al.; 2020). Essas características permitem a obtenção de linhagens com bom desempenho. Além disso, a média do cruzamento e dos próprios genitores são importantes para a escolha da melhor combinação

híbrida. Nesse sentido, os melhores cruzamentos, levando-se em conta todas as características nas quais se observou efeitos de dominância (ou efeitos não aditivos), os cruzamentos que contemplam as condições sugeridas por Cruz; Vencovsky (1989) são AL-01 x AL-02 e AL-02 x AL-03.

Os cruzamentos citados reúnem as principais características levadas em consideração no momento da seleção. O número de frutos por planta está dentro do padrão aceitável para o mercado exportador e a produtividade permite que o produtor tenha lucro com o cultivo dessa cucurbitácea ($>25 \text{ t ha}^{-1}$). O tamanho de fruto aceitável pelo mercado externo e interno, boa espessura da polpa, e elevado teor de sólidos solúveis (12°Brix) (Tabela 2).

Tabela 2. Valores genotípicos de sete linhagens de melão amarelo (genitores) e os seus cruzamentos avaliados em dois anos. Mossoró, RN, UFERSA, 2020

Tratamento	Valor genotípico (Caráter)				
	NFP	PMF	PRO	EPO	SST
AL-01	1,77	1,45	27,78	6,14	11,94
AL-02	1,81	1,63	28,48	5,30	11,54
AL-03	1,44	2,05	24,48	4,65	10,92
AL-04	1,37	2,08	24,19	4,36	10,89
AL-05	1,42	2,11	23,86	3,88	10,13
AL-06	1,52	2,01	24,35	4,07	10,23
AL-07	1,41	2,17	23,24	3,47	9,74
AL-01 x AL-02	1,28	1,80	23,83	4,66	11,16
AL-01 x AL-03	1,43	2,01	23,93	4,18	10,58
AL-01 x AL-04	1,54	1,98	25,17	4,36	10,31
AL-01 x AL-05	1,48	2,11	24,46	3,91	10,49
AL-01 x AL-06	1,25	2,20	22,29	4,02	10,03
AL-01 x AL-07	1,14	2,15	20,69	3,63	9,44
AL-02 x AL-03	1,74	1,77	28,75	4,57	11,41
AL-02 x AL-04	1,73	1,73	27,53	4,85	11,44
AL-02 x AL-05	1,74	1,73	27,30	4,29	11,09
AL-02 x AL-06	1,66	1,83	27,13	5,12	10,99
AL-02 x AL-07	1,64	1,80	26,40	4,81	10,69
AL-03 x AL-04	1,24	2,14	22,87	4,18	10,46
AL-03 x AL-05	1,41	2,02	24,10	3,90	10,94
AL-03 x AL-06	1,57	1,91	25,65	4,50	11,05
AL-03 x AL-07	1,55	2,00	25,41	4,42	10,60
AL-04 x AL-05	1,45	2,05	24,53	3,95	10,56
AL-04 x AL-06	1,41	2,11	24,06	4,02	10,17
AL-04 x AL-07	1,44	2,08	23,93	4,11	10,20
AL-05 x AL-06	1,58	1,94	25,93	4,53	11,03
AL-05 x AL-07	1,71	1,91	26,34	4,51	10,69
AL-06 x AL-07	1,37	2,08	23,24	3,99	9,83

NFP: Número de frutos por planta, PMF: Peso médio do fruto (kg), PRO: Produtividade (t ha⁻¹), EPO: Espessura de polpa (cm), SST: Sólidos solúveis (°Brix).

4 CONCLUSÕES

- Efeitos aditivos e não aditivos estão envolvidos na herança dos caracteres número de frutos e produtividade, enquanto há somente efeitos aditivos envolvidos nos caracteres peso médio dos frutos, espessura da polpa e sólidos solúveis.

- As combinações AL-01 x AL-02 e AL-02 x AL-03, apresentaram os melhores desempenhos de capacidade específica de combinação. Além disso, pelo menos um dos genitores apresentou maior capacidade geral de combinação.

REFERÊNCIAS

ALVARES et al. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**. v. 22, p. 711-728, 2013.

AMORIM, E.P.; SOUZA J.C. Híbridos de milho inter e intrapopulacionais a partir de populações S_o de híbridos simples comerciais. **Revista Bragantia**, Campinas, v.64, n.3, p 561-567, 2005.

ARAÚJO, J.L.et al. Partição de nutrientes na parte aérea do meloeiro 'Goldex' fertirrigado. **Revista Agro@mbiente On-line**, v. 10, n. 4, p. 299-308, outubro-dezembro, 2016.

BALDISSERA, J. N. C. et al. Using the best linear unbiased predictor (blup) for predicting hybrid beans. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 28, n. 3, p. 395-403, 2012.

BUZINARO, R. et al. Diallel mixed-model analyses to select superior maize parental lines for *Azospirillum brasilense* and nitrogen-use efficiency. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, p. 382-389, 2018

CAMPBELL, B. T.; JONES, M. A. Assessment of genotype x environment interactions for yield and fiber quality in cotton performance trials. **Euphytica**, v. 144, p. 69-78, 2005.

CARDOSO, D. L. et al. Diallel mixed-model analysis of papaya fruit deformities. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 47, n. 05, p. 1-4, 2017.

CAVALCANTE NETO, J.G. et al. Potential of parents and hybrids experimental of the yellow melon. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.50, n.2, 2020.

CHAGAS, J. T. B. et al. Estimation of genetic merit of diallel hybrids of sweet pepper by mixed models. **Ciência Rural**, Santa Maria v. 49, n. 8, 2019.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV. 2004, 480 p.

DAVIS, G. N.; MEINERT, U. G. H. The effect of plant spacing and fruit pruning on the fruits of P.M.R. No. 45 cantaloupe. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 87, p. 299 - 302, 1965.

EMBRAPA. (2013). Sistema Brasileiro de Classificação dos Solos. Rio de Janeiro: Embrapa solos, 412 p.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, v. 9, p.463-493, 1956.

HASANUZZAMAN, M. et al. Combining ability and heritability analysis for yield and yield contributing characters in chilli (*Capsicum annuum*) landraces. **Plant Omics Journal**, v. 5, n. 4, p.337-344, 2012.

HENDERSON, C.R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. **Biometrics**, v. 31, p. 423- 447, 1975.

IBGE 2017 - **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/censo-agropecuário/censo-agropecuário-2017>>. Acesso em: 20 dez. 2019.

KULTUR, F.; HARRISON, H.C.; STAUB, J.E. Spacing and Genotype Affect Fruit Sugar Concentration, Yield, and Fruit Size of Muskmelon. **Hortscience**, v. 36, n. 2, p. 274–278. 2001.

LAVIOLA, B.G. et al. Parental selection in diallel crosses of *Jatropha curcas* using mixed models. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 40, e35008, p. 1-7, 2018. Doi: 10.4025/actasciagron.v40i1.35008.

LIMA, P.C. et al. Somas de quadrados e hipóteses associadas ao modelo dialélico de gardner e eberhart. **Ciência e agrotecnologia**, Lavras- MG, v. 27, n. 5, p. 1113-1121, 2003.

LIPPERT, L.F.; LEGG, P.D. Diallel analyses for yield and maturity characteristics in muskmelon cultivars. **American Society Horticultural Science Journal**, 1972.

NAPOLITANO et al. Exploring Heterosis in Melon (*Cucumis melo* L.). **Plants**, v. 9, n. 282, p. 1-19, 2020. DOI: 10.3390/plants9020282

NUNES, G. H. S. et al. Divergência genética entre linhagens de melão do grupo inodorus. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 3, p. 448-456, 2011a.

NUNES, G.H.S. et al. **Melhoramento de melão**. In: NICK C; BORÉM A. melhoramento de hortaliças. UFV, ed 1º, 2016, p 464.

NUNES, G.H.S. et al. Influência de variáveis ambientais sobre a interação genótipos x ambientes em meloeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 33, n. 4, p. 1194-1199, 2011b.

POUYESH, A. et al. Genetic analysis of yield and fruit traits in Cantaloupe cultivars. **Plant Breeding**, p.1–9, 2017 DOI: 10.1111/pbr.12486

RESENDE, M. D. V. Software SELEGEN - REML/BLUP. EMBRAPA, Colombo, novembro, 2002.

RESENDE, M. D. V.; FERNANDES, J.C.S. Procedimento BLUP (melhor predição linear não viciada) individual para delineamentos experimentais aplicados ao melhoramento florestal. **Revista de Matemática e Estatística**, v. 17, p. 89-107, 1999.

ROCHA, M. G. B. et al. Seleção de genitores de *Eucalyptus grandis* e de *Eucalyptus urophylla* para produção de híbridos interespecíficos utilizando REML/BLUP e informação de divergência genética. **Revista Árvore**, v. 31, n. 6, p. 977-987, 2007.

RODRIGUES, R. et al. Combining ability and heterosis for agronomic traits in chili pepper. **Horticultura Brasileira**, v. 30, p. 226-233, 2012.

SILVA, J.M. Implicações da interação genótipos x ambientes sobre ganhos de seleção em meloeiro. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 41, p. 51-56, 2011.

SPRAGUE, G.F.; TATUM, L.A. General versus specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v. 34, n. 10, p. 923-932, 1942.

VALÉRIO, I.P. et al. Combining ability of wheat genotypes in two models of diallel analyses. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, p. 100-107, 2009.

VIANA, L.F. **Estimativas de m+a como indicadores do potencial de híbridos de milho para extração de linhagens**. 64f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento. Área de concentração: Melhoramento Vegetal.) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2007.

VIVAS, M. et al. Efficiency of circulant diallels via mixed models in the selection of papaya genotypes resistant to foliar fungal diseases. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 3, p. 4797-4804, 2014.

ZALAPA, J.E.; STAUB, J.E.; MCCREIGHT, J.D. Generation means analysis of plant architectural traits and fruit yield in melon. **Plant Breeding** 125, p. 482—487, 2006.

CAPÍTULO 2.

Estimativa de $m + a$ para híbridos de melão amarelo comercial

RESUMO

A identificação de populações promissoras, derivadas de híbridos superiores, é uma estratégia interessante para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento de meloeiro. Dentre os procedimentos que auxiliam na escolha das populações e linhagens mais promissoras, se destaca a estimativa de $m+a$ e d . O objetivo deste trabalho foi estimar a contribuição dos locos em heterozigose (d) e a contribuição dos locos em homozigose ($m+a'$) de caracteres em híbridos de melão amarelo comercial. O experimento I foi conduzido de setembro a novembro de 2017 em Baraúna e o experimento II foi conduzido de agosto a outubro de 2018 em Mossoró, no Rio Grande do Norte. Foram utilizados sete híbridos simples (F1) comerciais de melão amarelo (H1, H2, H3, H5, H4, H6, H7) e as suas autofecundações (F2), totalizando quatorze populações, avaliadas simultaneamente. O delineamento experimental utilizado foi de blocos completos casualizados em três repetições. Avaliou-se o número e peso médio do fruto, produtividade, espessura e firmeza de polpa e teor de sólidos solúveis. Foi realizado um teste da razão de verossimilhança, análise de deviance, estimativas de $m+a$ e d e correlação. Verificou-se que a contribuição dos efeitos genéticos aditivos herdados das linhagens parentais foi muito mais importante em relação à heterose para F1. Cinco dos seis caracteres avaliados apresentaram valores de $m+a'$ próximos ou superiores a 90%, variando de 87,96% para PF a 99,7% para SS. Para esses caracteres, os valores indicam que a maioria dos locos estão fixados, ou seja, que estão em homozigose. A depressão por endogamia é, em média, muito reduzida no melão amarelo para os caracteres número e peso médio do fruto, produtividade, espessura e firmeza de polpa e sólidos solúveis. Os híbridos 'H6', 'H4' e 'H5' são promissores para a extração de linhagens superiores com elevada produtividade e qualidade de frutos.

Palavras-chave: *Cucumis melo* L., melhoramento, locos, homozigose, heterozigose.

CHAPTER 2

Estimation of $m+a$ for hybrids of yellow commercial melon

ABSTRACT

The identification of promising populations, derived from superior hybrids, is an interesting strategy to increase the efficiency of the improvement programmes of melon. Among procedures that assist choosing the populations and lineages most promising, it is highlighted the estimation $m+a$ and d . The objective of this work was to predict the contribution of locus in homozygosis ($m+a$) of characters in hybrids of yellow commercial melon. The experiment I was accomplished from September to November 2017 in Baraúna and the experimente II was accomplished from August to October 2018 in Mossoró, Rio Grande do Norte State. Seven commercial simple hybrids (F1) of yellow comercial melon were used (H1, H2, H3, H5, H4, H6, H7) and their self-fertilizations (F2), totaling fourteen populations, simultaneously assessed. The experimental design was randomized complete blocks in three replications. Number and medium weight, productivity, pulp thickness, pulp firmness and soluble solids content. A likelihood ratio test, deviance analysis, estimations of $m+a$ and d and correlation were used. The contribution of additive genetic effects inherited from parental lineages was much more important than heterosis for F1. Five of six characters evaluated showed values of $m+a$ close or superior to 90%, varying from 87.96% for avering fruit weight to 99.7% for SS. For these characters, the values suggest that most locus are fixed, that is, they are in homozygosis. The slump by endogamy is, in average, very minimized in yellow melon for the characters number and fruit medium weight, pulp thickness and pulp firmness and soluble solids. The hybrids 'H6', 'H4' and 'H5' are promising for the extraction of superior lineages with high productivity and fruit quality.

Keywords: *Cucumis melo* L., improvement, locus, homozygosis, heterozygosis.

1 INTRODUÇÃO

O melão é uma das principais cucurbitáceas cultivadas no semiárido brasileiro. A maior produção está concentrada nos Estados do Rio Grande do Norte e do Ceará, que juntos respondem por mais de 95% da produção (IBGE, 2017) e por praticamente toda a exportação nacional (ALICEWEB, 2020).

Existem muitas opções de cultivares de melão amarelo no mercado, porém o híbrido simples ‘Goldex’ tem sido cultivado por mais de quinze anos pela grande maioria dos produtores em razão de sua elevada qualidade do fruto ($\text{Brix} \geq 13,0^\circ$) e excelente vida útil pós-colheita. Ainda assim, os programas de melhoramento genético, em todo o mundo, buscam continuamente a obtenção de novos híbridos, que possuam maior produtividade, maior qualidade de frutos e resistência aos principais patógenos e insetos-pragas da cultura.

Considerando que o principal tipo de cultivar de melão é o híbrido simples, uma das principais decisões por parte dos melhoristas é a escolha dos genitores para a geração de populações segregantes promissoras. No caso específico do meloeiro, a identificação de populações promissoras, derivadas de híbridos superiores, é uma estratégia interessante para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento. A referida estratégia tem sido utilizada em culturas como o milho (BISON et al., 2003).

Dentre os procedimentos que auxiliam na escolha das populações e linhagens mais promissoras, se destaca a estimativa de $m+a'$. Essa metodologia permite avaliar o potencial das populações pela estimativa de $m+a'$ em gerações precoces, facilitando a escolha das populações a serem utilizadas (VENCOVSKY, 1987; VIANA, 2007).

O desempenho da geração F_1 de um híbrido é função de $m+a'+d$, em que $m+a'$ é a contribuição dos locos em homozigose, fixados nas linhagens parentais, e d é o desvio dos heterozigotos em relação à média. Assim, $m+a'$ depende do desempenho das linhagens *per se* e d depende da divergência entre as linhagens e da existência de dominância no controle do caráter (VIANA et al., 2009). Portanto, uma população com maior valor para estimativa $m+a'$ possui maior frequência de locos com alelos favoráveis, quando comparada à outra população (ABREU, 1997).

Poucos trabalhos foram realizados com o intuito de se obter estimativas de $m+a'$ e d . Os raros artigos encontrados na literatura consultada foram desenvolvidos com as culturas do feijão (ABREU, 1997) e milho (VIANNA et al., 2009). Por outro lado, não há relatos sobre as referidas estimativas supracitadas em caracteres avaliados na cultura do melão.

Assim sendo, reconhecendo essa lacuna científica, o objetivo deste trabalho foi estimar a contribuição dos locos em homozigose ($m+a'$) e a contribuição dos locos em heterozigose (d) em melão visando a auxiliar a escolha de populações promissoras, derivadas de híbridos simples superiores.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Localização e Caracterização das áreas experimentais

O experimento I foi conduzido de setembro a novembro de 2017 em Baraúna-RN (5° de latitude Sul, 37° de longitude Oeste e 109 metros de altitude). O experimento II foi conduzido de agosto a outubro de 2018 na Fazenda Experimental Rafael Fernandes (5° 03' de latitude sul, 37°24' de longitude oeste e altitude de 70 m), no distrito de Alagoinha, município de Mossoró-RN. Segundo Thornthwaite, o clima da região é semiárido e, de acordo com Köppen, é BSh, seco e muito quente, com duas estações climáticas: uma seca, que vai geralmente de junho a janeiro, e uma chuvosa, de fevereiro a maio (ALVARES et al., 2013).

Os solos das áreas experimentais foram classificados como Argissolo Vermelho-Amarelo Equivalente Eutrófico (EMBRAPA, 2013). Para a caracterização dos solos das áreas experimentais, coletaram-se amostras de solo a profundidade de 0-20cm e se procedeu a análises químicas (Tabela 1). A condução experimental seguiu as recomendações tradicionais para a cultura no Rio Grande do Norte (NUNES et al., 2004).

2.2 Delineamento Experimental e Tratamentos

Foram utilizados sete híbridos simples (F_1) comerciais de melão amarelo (H1, H2, H3, H5, H4, H6, H7) desenvolvidos e as suas autofecundações (F_2), totalizando quatorze populações. Todas as autofecundações foram realizadas manualmente conforme método descrito em detalhes por Nunes et al. (2015).

Os ensaios foram conduzidos em blocos completos casualizados com três repetições, sendo a parcela formada por uma linha com sete plantas em um espaçamento de 2,0 x 0,40m. As sete populações das gerações F_1 e F_2 corresponderam aos quatorze tratamentos que foram avaliados simultaneamente nos dois anos.

O delineamento experimental utilizado foi de blocos completos casualizados em três repetições. Cada parcela foi constituída de sete plantas, no espaçamento de 2,0 x 0,4 m. Foram contabilizados todos os frutos da parcela e cinco frutos comercializáveis foram usados para avaliações. A condução experimental seguiu as recomendações tradicionais para a cultura do melão no Rio Grande do Norte (NUNES et al., 2011a).

2.3 Caracteres avaliados

Foram avaliados os seguintes caracteres relacionados à produção e qualidade de frutos:

- a) Número de frutos (NF): expresso pela contagem do total de frutos produzidos na parcela;
- b) Peso médio do fruto (PMF): expresso em g, obtida pela média do peso de cinco frutos amostrados individualmente, para cada parcela;
- c) Produtividade (PRO): estimada em ($t\ ha^{-1}$) obtida multiplicando o peso médio dos frutos pelo número de frutos contabilizados da parcela;
- d) Espessura do mesocarpo (EPO): expressa em mm, correspondente a espessura média do pericarpo de cinco frutos de cada parcela, sendo tomadas duas medidas por fruto, por meio de uma régua graduada;
- e) Firmeza de polpa (FP): feito o corte transversal, foram tomadas duas leituras em cada lado da polpa do fruto, na região equatorial. Foi utilizado um penetrômetro Wagner® com pluncher de ponta cônica de 8,0 mm (Fruit Pressure Tester – FT 011. MOD) para medir a resistência na polpa, os resultados foram expressos em Newton (N), representa a média de cinco frutos de cada parcela, sendo tomadas duas medidas por fruto;
- f) Teor de sólidos solúveis (SST): foi retirada uma amostra de aproximadamente 2/3 da espessura da polpa na região equatorial do fruto, no sentido da cavidade. A amostra foi pressionada manualmente até que uma parte do suco fosse depositada em um refratômetro digital (Digital Refractometer Palette 100), expresso em °Brix, representa a média do extrato de cinco frutos de cada parcela.

Para as análises da espessura e firmeza de polpa, bem como para sólidos solúveis, foram amostrados ao acaso oito frutos por parcela.

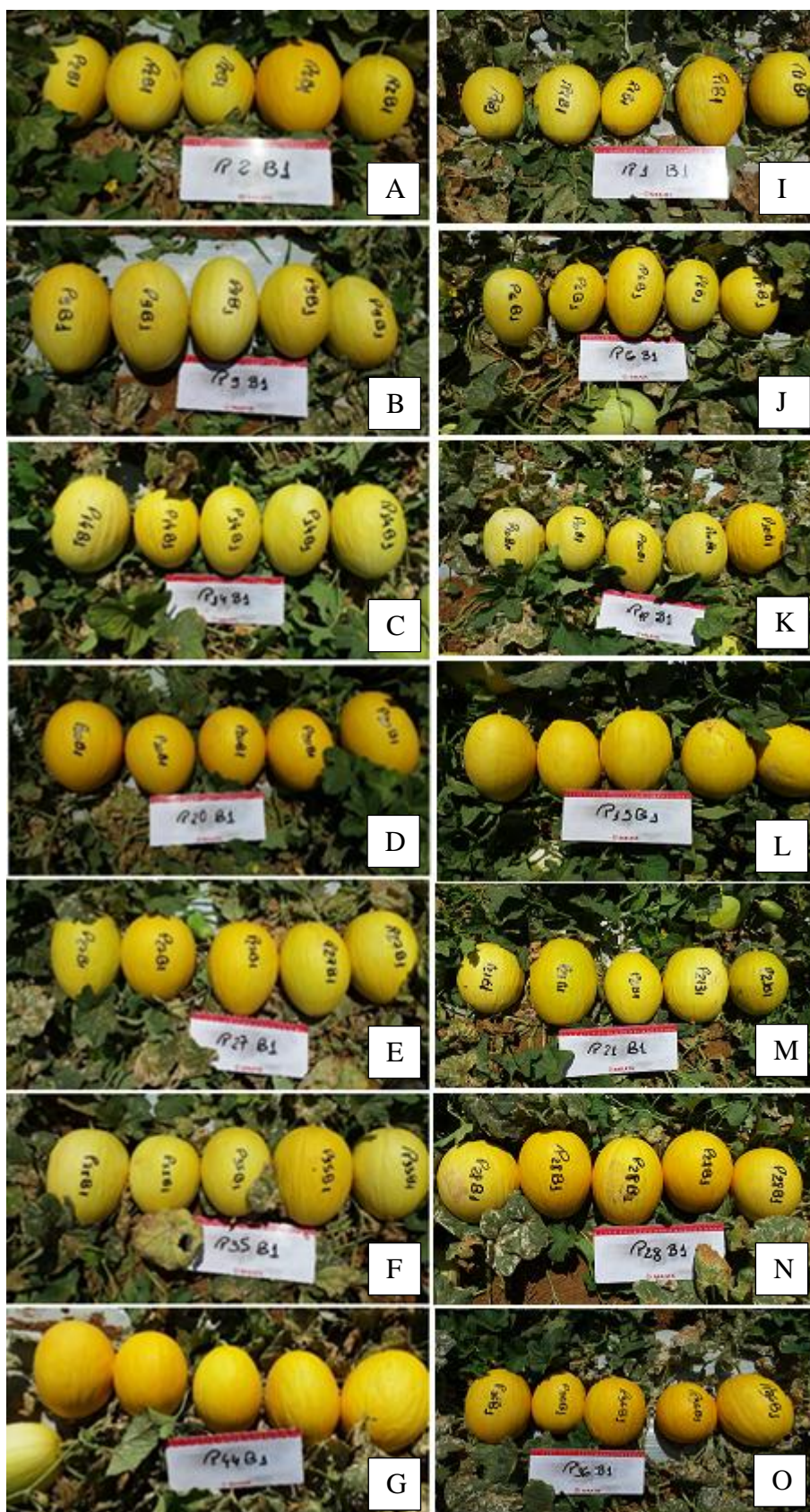


Figura 1 - Frutos dos híbridos simples geração F1: H1 (A), H2 (B), H3 (C), H5 (D), H4 (E), H6 (F), H7 (G) e respectivos frutos geração F2: H1 (I), H2 (J), H3 (K), H5 (L), H4 (M), H6 (N), H7 (O). Mossoró/Baraúna-RN. 2017-2018. Fonte: Acervo pessoal.

2.4 Análise estatística

Foi realizada a análise de Deviance para constar os efeitos de gerações (F_1 e F_2) e o efeito da interação de gerações por ano de avaliação. As Deviances foram obtidas analisando o modelo completo e, posteriormente, os modelos sem os efeitos de gerações (F_1 e F_2) e o efeito da interação de gerações por ano de avaliação. O teste de razão de máxima verossimilhança (LRT) foi realizado pela subtração da Deviance de cada um dos modelos (sem gerações e sem interação de gerações por ano) pela Deviance do modelo completo. Quando a diferença entre as duas Deviances era maior ou igual aos valores de Qui-quadrado (χ^2) tabelados com um grau de liberdade (6,23 e 3,14), o efeito testado era significativo a $p < 0,01$ ou $p < 0,05$. Os efeitos de bloco e ano foram considerados como fixos.

A obtenção de estimadores e preditores em modelos mistos foi realizada por processos iterativos. Para se iniciar o processo iterativo, foi fornecido o valor inicial para h^2 igual a 0,10, como sugerido por Resende (2007). Foram obtidas por Máxima Verossimilhança Restrita (REML) as estimativas de componentes de variância de gerações, gerações x anos, variância ambiental, variância fenotípica, herdabilidade média, coeficiente de variação ambiental e acurácia. Para calcular as estimativas dos componentes de médias $m+a'$, utilizou-se procedimento semelhante ao apresentado por Vencovsky (1987).

Considerando-se a média de $F_1 = m+a'+d$ e de $F_2 = m+a'+(1/2)d$, o contraste $2F_2-F_1$ fornece a estimativa de $m+a$, em que F_1 e F_2 são as médias das gerações F_1 e F_2 da população i ; m é a média geral, a é a contribuição dos locos em homozigose e d é a contribuição dos locos em heterozigose. A estimativa d foi obtida pela fórmula $d = 2(F_1-F_2)$. A significância foi calculada usando o teste t de Student. Foi calculada a porcentagem da contribuição dos locos em homozigose e heterozigose e foram calculadas as estimativas de correlação de Spearman entre a média da geração F_1 e a contribuição dos locos em homozigose ($m+a'$) e entre a média da geração F_1 e a contribuição dos locos em heterozigose (d).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com relação à qualidade experimental, com base nas estimativas do coeficiente de variação ambiental (CV_a), os ensaios podem ser considerados como de precisão mediana de acordo com a classificação obtida por Lima et al. (2004) para alguns caracteres de meloeiro. Por outro lado, usando como critério de qualidade experimental a acurácia seletiva, pode-se constatar, pela classificação de Rezende; Duarte (2007), alta precisão ($0,70 \leq Ac \leq 0,89$) para os caracteres NFP, PRO e FP e muito alta precisão ($0,90 \leq Ac \leq 0,99$) para o PMF e EPO (Tabela 1).

Com relação ao teor de sólidos solúveis (SST), a precisão experimental foi baixa ($0,10 \leq Ac \leq 0,40$). A acurácia seletiva mede a correlação entre o valor genotípico verdadeiro do tratamento genético e aquele estimado ou predito a partir das informações dos experimentos. O referido parâmetro tem sido preferido para avaliar a qualidade de experimentos porque não depende apenas da magnitude da variação residual e do número de repetições, como também da proporção entre as variações de natureza genética e residual associadas ao caráter em avaliação (REZENDE; DUARTE, 2007).

Tabela 1 - Resumo da análise de Deviance e estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para seis caracteres das gerações F₁ e F₂ de híbridos de melão amarelo avaliadas em dois anos. Baraúna/Mossoró-RN, UFERSA, 2017/2018.

Efeito	Deviance (Caráter)					
	NFP	PMF	PRO	EPO	FP	SST
Completo	275,97	-88,27	392,94	-66,31	8,250	143,37
Geração (G)	278,32	-78,71	398,96	-56,60	13,600	143,37
LRT (χ^2)	2,35 ^{ns}	9,56 ^{**}	6,020 ^{**}	9,710 ^{**}	5,35 ^{**}	0,00 ^{ns}
G x Ano	278,08	-88,270	393,73	-66,31	8,250	153,82
LRT (χ^2)	2,11 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,79 ^{ns}	0,00 ^{ns}	0,00 ^{ns}	10,45 ^{**}
V _{GEN}	3,56	0,05	30,08	0,08	0,09	0,02
V _{GxA}	2,37	0,00	6,11	0,00	0,00	1,16
V _{ERRO}	8,29	0,07	38,80	0,09	0,28	1,29
V _{FEN}	14,22	0,12	74,99	0,17	0,37	2,48
h ² (média)	0,58	0,82	0,76	0,84	0,65	0,03
Acurácia (A _c)	0,76	0,90	0,87	0,92	0,81	0,17
c ²	0,17	0,00	0,08	0,01	0,00	0,47
r _{loc}	0,60	0,99	0,83	0,98	0,98	0,02
CV _A (%)	22,21	13,43	26,99	6,87	14,88	10,46
Média (μ)	12,97	1,95	23,08	4,34	3,55	10,88

** : Significativo pelo teste de verossimilhança (LRT) ($p < 0,05$). NFP: número de frutos, PMF: peso médio dos frutos (kg), PRO: produtividade (mg ha^{-1}), EPO: espessura da polpa (cm), FP: firmeza da polpa (kgf) e SST: sólidos solúveis (%).

A análise de deviance evidenciou diferença significativa de acordo com o teste de verossimilhança (LRT) ($p < 0,01$) entre gerações para peso médio do fruto (PMF), produtividade (PRO), espessura da polpa (EPO) e firmeza da polpa (FP) (Tabela 1). Esse resultado evidencia a presença de heterogeneidade entre os tratamentos avaliados (gerações F₁ e F₂).

Com relação à interação entre gerações e ano (G x A), verificou-se significância apenas para SST ($p < 0,001$). A presença de interação genótipos x ambiente indica comportamento diferencial dos genótipos em função da variação ambiental. Considerando a estimativa do coeficiente de determinação (c^2), constata-se que praticamente 50% da variância fenotípica foram explicados pela interação G x A (Tabela 1).

Além disso, a maior parte dessa interação é devido ao componente complexo, uma vez que a estimativa da correlação genética entre as gerações nos dois anos foi extremamente reduzida ($r_{loc} = 0,02$), indicando alteração no ordenamento das médias dos tratamentos (gerações F₁ e F₂) nos anos de avaliação.

A presença da interação G x A para SST é muito comum em análises conjuntas com meloeiro (NUNES et al., 2006; NUNES et al., 2011; ARAGÃO et al., 2015 OLIVEIRA et al., 2019). Por outro lado, a ausência de interação para os demais caracteres indica que o comportamento dos tratamentos nos dois anos de avaliação, em média, não se alterou, sendo essa uma situação favorável para o melhorista na medida em que facilita a seleção dos genótipos (SILVA et al., 2017).

De acordo com as médias genotípicas das gerações F₁ e F₂ dos híbridos, observou-se, principalmente para NFP, PMF e PRO, maior variação das médias genotípicas, fato não verificado para os demais caracteres, em especial SS (Tabela 1). Além disso, constatou-se que os valores obtidos na geração F₁ foram superiores para todas as características avaliadas. No entanto, os valores obtidos na geração F₂ não foram muito inferiores aos da geração F₁, o que pode ser corroborado pelos baixos valores da depressão por endogamia (Tabela 2).

A maior estimativa foi observada para a produtividade (12,51%), ao passo que a menor foi observada para sólidos solúveis (0,18). A depressão por endogamia representa a redução no valor fenotípico dos indivíduos, em decorrência do aumento da homozigose e do decréscimo da heterozigose (VIANA, 2007).

A depressão por endogamia não é acentuada em cucurbitáceas. A explicação está relacionada ao processo evolutivo das espécies dessa família. Por ocuparem geralmente uma grande área em razão do seu crescimento, as populações de cucurbitáceas não eram grandes em número de indivíduos, o que levou a um maior cruzamento de aparentados (endogamia) e a seleção no sentido de eliminar os alelos deletérios da população ao longo de milhares de anos e, por conseguinte, reduzir o efeito da depressão por endogamia. Reduzida depressão por endogamia foi observada em alguns trabalhos consultados na literatura com abóbora (CARDOSO, 2004) e melão (MONFORTE et al., 2004; SILVA et al., 2011).

Tabela 2 - Médias para seis caracteres das gerações F₁ e F₂ de híbridos de melão amarelo avaliadas em dois anos. Mossoró-RN, 2017/2018.

Geração	Híbrido	Média (Caráter)					
		NF	PF	PROD	EP	FP	SS
F ₁	‘H1’	12,02	1,67	17,23	3,95	3,79	10,85
	‘H2’	14,92	1,99	28,25	4,46	3,69	10,90
	‘H3’	14,15	1,98	25,75	4,59	3,60	10,90
	‘H4’	11,92	2,24	22,84	4,64	3,40	10,91
	‘H5’	13,76	2,23	29,47	4,56	3,39	10,88
	‘H6’	13,86	1,98	25,66	4,49	3,80	10,89
	‘H7’	12,73	1,95	23,14	4,36	3,20	10,89
F ₂	‘H1’	9,99	1,51	12,00	3,69	3,61	10,82
	‘H2’	13,47	1,84	22,37	4,21	3,92	10,92
	‘H3’	12,75	1,88	21,35	4,23	3,51	10,86
	‘H4’	12,41	2,21	25,58	4,56	3,31	10,90
	‘H5’	12,99	2,05	24,10	4,32	3,52	10,86
	‘H6’	15,31	1,87	27,46	4,36	3,76	10,86
	‘H7’	11,27	1,83	17,96	4,39	3,12	10,89
	Média F ₁	13,34	2,01	24,62	4,44	3,55	10,89
	Média F ₂	12,60	1,89	21,54	4,25	3,54	10,87
	Depressão (%)	5,55	5,97	12,51	4,28	0,28	0,18

NFP: número de frutos, PMF: peso médio dos frutos (kg), PRO: produtividade (Mg ha⁻¹), EPO: espessura da polpa (cm), FP: firmeza da polpa (kgf) e SST: sólidos solúveis (%).

A magnitude da depressão por endogamia depende da variável avaliada. Assim sendo, as maiores estimativas foram observadas para a PRO enquanto as menores estimativas foram observadas para SST (Tabela 3). Isso pode ser explicado pelo fato de que cada caráter tem a sua própria herança, na qual estão envolvidos diferentes números de genes, diferentes interações alélicas e gênicas (epistasia). Além disso, por se tratar de caracteres quantitativos, há forte influência ambiental sobre a manifestação fenotípica.

Por outro lado, a depressão por endogamia também depende do híbrido simples. Esse fato pode ser comprovado pela variação na magnitude da depressão por endogamia verificada para todos os caracteres. Para PRO, por exemplo, observou-se estimativa de 30,35% (a maior

observada) e uma estimativa negativa de -12,0%, totalizando uma amplitude de 42,35% (Tabela 3).

A variação para SST foi pouco expressiva, sendo o menor valor -0,18% e o maior valor de 0,37%. A explicação mais plausível está baseada na complementariedade alélica (divergência genética) entre as linhagens que originaram cada híbrido simples e no nível de dominância/epistasia (efeito não aditivo). Com efeito, quando há menor complementação alélica entre os genitores e/ou dominância (efeito não aditivo), ocorre menor depressão por endogamia.

Quando há maior complementação alélica, há maior depressão por endogamia e redução da heterose em razão do aumento do número de locos em homozigose e redução dos locos em heterozigose (CHARLESWORTH et al., 2009).

Tabela 3 - Estimativa da depressão por endogamia para seis caracteres de híbridos de melão amarelo avaliados em dois anos. Mossoró-RN, 2017/2018.

Híbrido	Depressão por endogamia (%) (Caráter)					
	NFP	PMF	PRO	EPO	FP	SST
‘H1’	16,89	9,58	30,35	6,58	4,75	0,28
‘H2’	9,72	7,54	20,81	5,61	-6,23	-0,18
‘H3’	9,89	5,05	17,09	7,84	2,50	0,37
‘H4’	-4,11	1,34	-12,00	1,72	2,65	0,09
‘H5’	5,60	8,07	18,22	5,26	-3,83	0,18
‘H6’	-10,46	5,56	-7,01	2,90	1,05	0,28
‘H7’	11,47	6,15	22,39	-0,69	2,50	0,00

NFP: número de frutos, PMF: peso médio dos frutos (kg), PRO: produtividade (Mg ha⁻¹), EPO: espessura da polpa (cm), FP: firmeza da polpa (kgf) e SST: sólidos solúveis (%).

Vale ressaltar que, mesmo havendo depressão por endogamia, as estimativas das médias das duas gerações, para a maior parte dos híbridos, em todos os caracteres, não são discrepantes (Tabela 3). Com relação ao PF, observou-se que, mesmo havendo depressão por endogamia, a média da geração F₂ de todos os híbridos está dentro do padrão de frutos de melão amarelo que podem ser exportados.

Frutos entre 0,830 a 3,5 kg podem ser comercializados, dependendo do mercado exterior final (NUNES et al., 2008). Portanto, nas duas gerações são obtidos valores médios

que permitem à comercialização, fato também verificado para as variáveis EPO, FP e SST (Tabela 2). No que diz respeito à PRO, variável com maior depressão por endogamia, estimativas de médias iguais ou superiores a 20,0 t ha⁻¹ para os híbridos ‘H2’ a ‘H6’, na geração F₂, podem ser consideradas aceitáveis.

Essa discussão é importante do ponto de vista pragmático para o produtor na medida em que os resultados apresentados podem, inicialmente, orientar o uso de sementes da geração F₂. Aliás, os produtores da região de Petrolina têm a tradição de utilizar sementes F₂ em cultivos comerciais voltados para o mercado interno, ao contrário do produtor do Agropolo que se estende desde Assu (no Rio Grande do Norte) até Jaguaribe (no Ceará), principais produtores e exportadores do Brasil.

São necessários mais estudos para se ter maior segurança na recomendação do uso de sementes F₂, uma vez que não foram estimadas as variações dentro de cada geração, a fim de se ter uma estimativa da uniformidade dos frutos. Além disso, outros aspectos devem ser levados em consideração, como o vigor da semente e a resistência aos principais patógenos e pragas, uma vez que os alelos que condicionam resistência, em sua maioria, são dominantes e os híbridos podem estar em heterozigose para o loco em questão.

A questão econômica concernente ao custo/benefício também deve ser considerada na medida em que, apesar do maior custo, pode ser mais rentável usar sementes híbridas, devido à maior uniformidade do fruto e maior preço de exportação.

As estimativas da contribuição dos locos em homozigose (m+a’) e em heterozigose (d) para os seis caracteres avaliados em cada híbrido estão na Tabela 4. Com relação a m+a’, verificou-se valores significativos, de acordo com o teste t, para todos os híbridos e caracteres avaliados. Para NFP e PRO, a maior estimativa de m+a’ foi observada para o híbrido ‘H6’, ao passo que o menor valor foi verificado para o híbrido ‘H1’. Com relação a PMF e EPO, o híbrido ‘H4’ apresentou maior m+a’ e o híbrido ‘H1’, a menor estimativa. Para FP, a maior estimativa foi observada no ‘H2’ e a menor no ‘H7’. As estimativas para sólidos solúveis foram muito semelhantes, com um destaque para o híbrido ‘H2’.

Com relação às estimativas da contribuição dos locos em heterozigose (d), constatou-se significância somente para PRO (todos os híbridos) e NFP (exceção do híbrido ‘H4’) (Tabela 4). A maior estimativa de (d) para PRO foi verificado no híbrido ‘H2’ e a menor, no híbrido ‘H4’.

Tabela 4 - Estimativas da contribuição dos locos em homozigose (m+a') e em heterozigose (d) para seis caracteres de híbridos de melão amarelo avaliadas em dois anos. Mossoró-RN, UFERSA, 2017/2018.

Híbrido	Caráter					
	NFP	PMF	PRO	EPO	FP	SST
Contribuição dos locos em homozigose (m+a')						
'H1'	7,95**	1,35**	6,76**	3,44**	3,43**	10,79**
'H2'	12,02**	1,70**	16,49**	3,96**	4,15**	10,93**
'H3'	11,35**	1,78**	16,94**	3,88**	3,42**	10,82**
'H4'	12,89**	2,19**	28,31**	4,47**	3,22**	10,88**
'H5'	12,21**	1,88**	18,73**	4,07**	3,65**	10,84**
'H6'	16,76**	1,75**	29,26**	4,24**	3,72**	10,83**
'H7'	9,81**	1,71**	12,78**	4,42**	3,04**	10,89**
Média	11,85**	1,77**	18,47**	4,07**	3,52**	10,85**
Contribuição dos locos em heterozigose (d)						
'H1'	4,07**	0,32 ^{ns}	10,48**	0,51 ^{ns}	0,36 ^{ns}	0,06 ^{ns}
'H2'	2,90**	0,30 ^{ns}	11,76**	0,50 ^{ns}	-0,45 ^{ns}	-0,03 ^{ns}
'H3'	2,80**	0,20 ^{ns}	8,80**	0,71 ^{ns}	0,19 ^{ns}	0,08 ^{ns}
'H4'	-0,97 ^{ns}	0,04 ^{ns}	-5,47**	0,18 ^{ns}	0,18 ^{ns}	0,02 ^{ns}
'H5'	1,55**	0,36 ^{ns}	10,74**	0,49 ^{ns}	-0,26 ^{ns}	0,04 ^{ns}
'H6'	-2,90**	0,23 ^{ns}	-3,60**	0,25 ^{ns}	0,08 ^{ns}	0,06 ^{ns}
'H7'	2,93**	0,24 ^{ns}	10,36**	-0,06 ^{ns}	0,16 ^{ns}	0,00 ^{ns}
Média	1,48 ^{ns}	0,24 ^{ns}	6,15**	0,37 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,03 ^{ns}

NFP: número de frutos, PMF: peso médio dos frutos (kg), PRO: produtividade (Mg ha⁻¹), EPO: espessura da polpa (cm), FP: firmeza da polpa (kgf) e SST: sólidos solúveis (%). **, *: Significativo pelo teste t de Student, respectivamente a (p<0,01) e (p<0,05).

Comparando as estimativas médias de m+a' e (d), na média dos sete híbridos, verificou-se que, em termos percentuais, a contribuição dos efeitos genéticos aditivos herdados das linhagens parentais foi muito mais importante do que a heterose para F₁ em todos os caracteres. Cinco dos seis caracteres avaliados apresentaram valores de m+a' próximos ou superiores a 90%, variando de 87,96% para PMF a 99,7% para SST (Figura 2). Para esses

caracteres, os valores indicam que a maioria dos locos estão fixados, ou seja, que estão em homozigose. Uma população com maior valor para estimativa $m+a'$ possui maior ocorrência de locos com alelos favoráveis, quando comparada a outra população (ABREU, 1997; VIANNA, 2007).

As estimativas de $m+a'$ e (d) obtidas reforçam que a expressão de heterose é muito reduzida em melão. Todavia, deve ser enfatizado que para produtividade a estimativa média devida à heterose foi praticamente 25% do híbrido F_1 . Esse fato é muito importante, pois a produtividade é um dos principais caracteres contemplados no melhoramento genético do meloeiro, juntamente com sólidos solúveis (NUNES et al., 2011; OLIVEIRA et al., 2019).

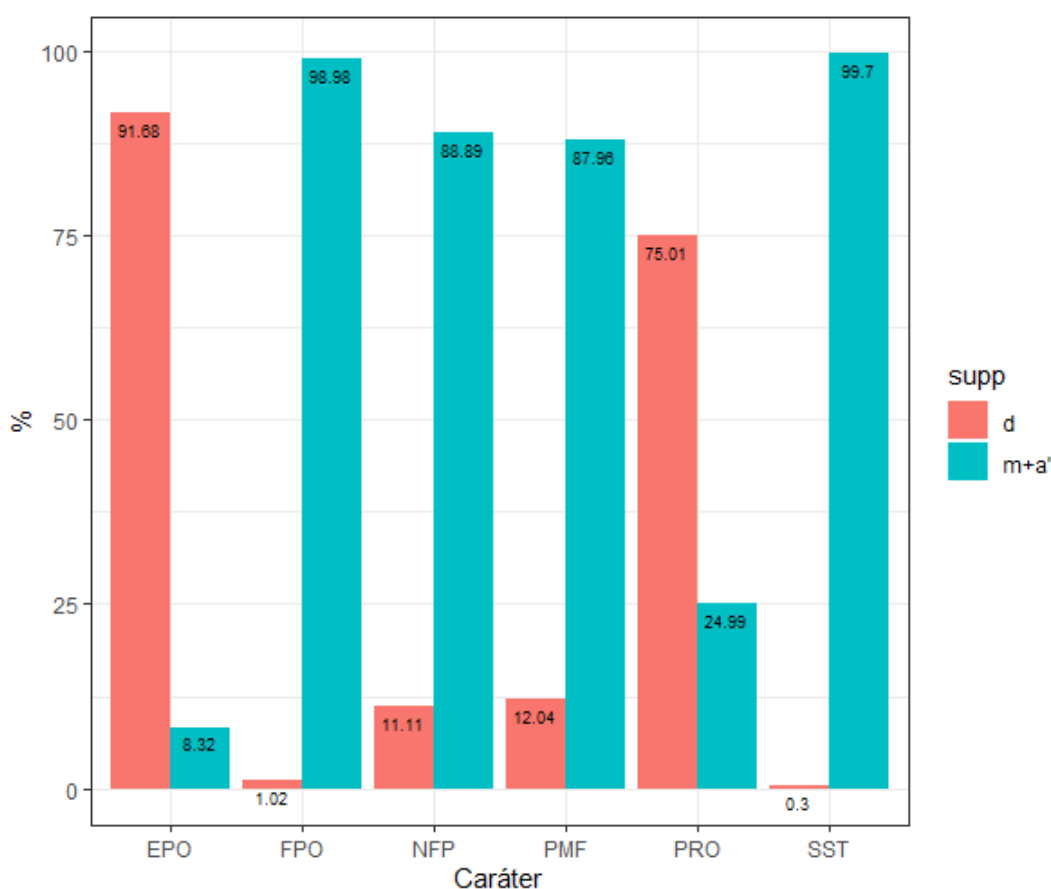


Figura 2. Porcentagens da contribuição dos locos em homozigose ($m+a'$) e em heterozigose (d) para seis caracteres de híbridos de melão amarelo avaliadas em dois anos. Mossoró-RN, UFERSA, 2017/2018. NFP: número de frutos, PMF: peso médio dos frutos (kg), PRO: produtividade (Mg ha⁻¹), EPO: espessura da polpa (cm), FP: firmeza da polpa (kgf) e SST: sólidos solúveis (%).

Essas são as primeiras estimativas dos parâmetros $m+a'$ e (d) obtidos para a cultura do meloeiro. Estimativas dos referidos parâmetros foram obtidas para padrões de espécie alógama (milho) e autógama (feijão).

As estimativas observadas no presente trabalho são opostas àquelas observadas em milho. Na referida cultura, as estimativas de (d) obtidas em híbridos simples foram superiores às estimativas de $m+a'$ para a produtividade de grãos (LIMA et al., 2000; VIANA, 2007, RESENDE, 2007).

Para o caso do feijoeiro comum, as estimativas de produtividade indicam valores inversos em relação ao milho, isto é, a contribuição dos locos em homozigose ($m+a'$) foi predominante em relação a (d). No presente estudo, as estimativas obtidas para EPO, FP e SST se assemelham àquelas do feijoeiro para a produtividade, porém, para NFP, PMF e PRO os resultados são intermediários.

Observou-se correlação positiva e significativa entre a média da geração F_1 e a contribuição dos locos em homozigose ($m+a'$), indicando que para esses caracteres é possível estabelecer que a média de F_1 está relacionada com o valor de $m+a$, ou seja, com os locos em homozigose, podendo realizar seleção para esse caractere baseado no desempenho dos híbridos (Tabela 5). No entanto, de acordo com as estimativas de correlação de Spearman entre a média da geração F_1 e a contribuição dos locos em heterozigose (d) nenhum valor apresentou significância.

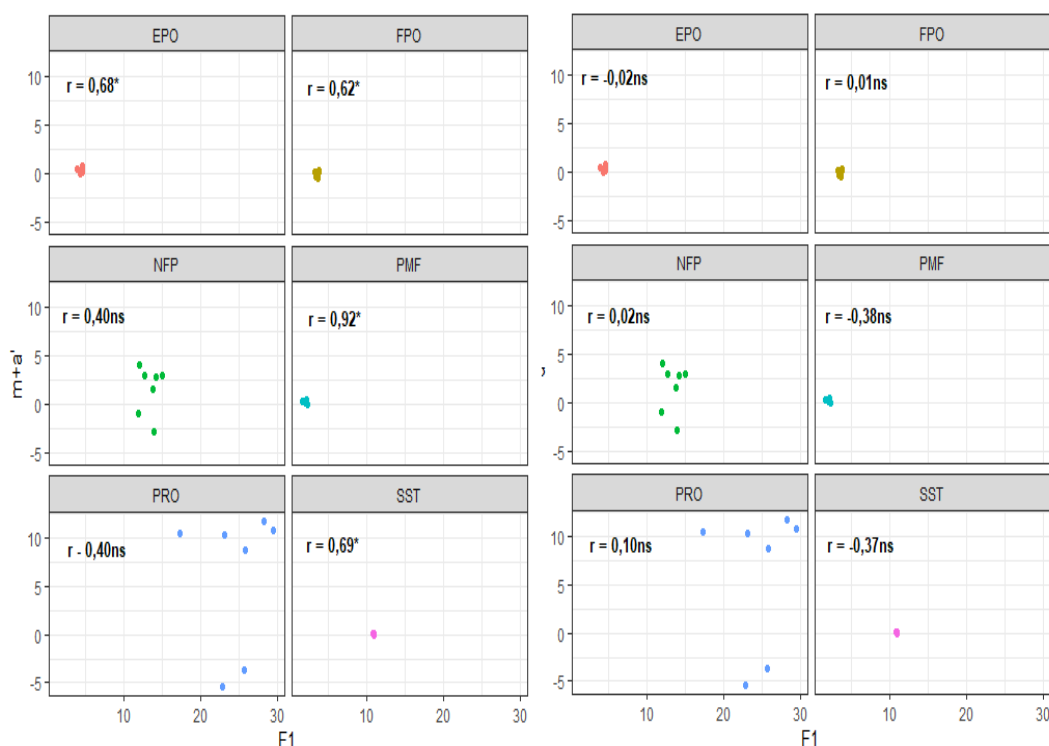


Figura 3 - Estimativas de correlação de Spearman entre a média da geração F_1 e a contribuição dos locos em homozigose ($m+a'$) e em heterozigose (d) para seis caracteres de híbridos de melão amarelo avaliadas em dois anos. Mossoró-RN, UFERSA, 2017/2018. NFP: número de frutos, PMF: peso médio dos frutos (kg), PRO: produtividade ($Mg\ ha^{-1}$), EPO: espessura da

polpa (cm), FP: firmeza da polpa (kgf) e SST: sólidos solúveis (%). ^{ns}: Não significativo e **, *: Significativo pelo teste de Mantel, respectivamente a ($p < 0,01$) e ($p < 0,05$).

Os melhoristas de melão utilizam como fonte de extração linhagens de híbridos simples de diferentes empresas de sementes. As estimativas de $m+a'$ e (d), facilmente obtidas a partir das médias das gerações F_1 e F_2 , podem auxiliar na identificação de híbridos mais promissores para extração de linhagens superiores.

Uma população com maior valor de $m+a'$ possui maior frequência de locos com alelos favoráveis, quando comparada a outra população (ABREU, 1997). Em adição, além de locos com alelos favoráveis fixados, é preciso que uma população também tenha variabilidade genética. Quanto maior a estimativa de d, maior a frequência de locos em heterozigose e, por conseguinte, maior a liberação de variabilidade (ROCHA et al., 2012).

A ausência de correlação entre a média da geração F_1 e (d) (heterose) evidencia que a escolha do híbrido de maior potencial para a extração de linhagens deve ser feita apenas com base em $m+a'$. Por consequência, considerando apenas $m+a'$, para os caracteres relacionados à produção (NF, PF e PROD), os híbridos mais promissores para a extração de linhagens foram 'H6', 'H4' e 'H5' (Tabela 5).

4 CONCLUSÕES

- No meloeiro, há uma predominante e expressiva contribuição de locos em homozigose ($m+a'$) sobre a média do híbrido F_1 para os caracteres número e peso médio de frutos, produtividade, espessura e firmeza de polpa, e sólidos solúveis;

- A depressão por endogamia é, em média, muito reduzida no melão amarelo para os caracteres número e peso médio do fruto, produtividade, espessura de polpa e sólidos solúveis;

- É possível avaliar o potencial de híbridos simples para extração de linhagens a partir das estimativas de $m+a'$ e d em meloeiro;

- Os híbridos 'H6', 'H4' e 'H5' são promissores para a extração de linhagens superiores com elevada produtividade e qualidade de frutos.

REFERÊNCIAS

ABREU, A.F.B. Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais. 79f Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 1997.

ALICE WEB - <http://aliceweb.mdic.gov.br/>, acesso em fevereiro de 2020.

ARAGAO, F. A. S. et al. Genotype x environment interaction of melon families based on fruit quality traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, p. 79-86, 2015.

BISON, O. et al. Potencial de híbridos simples de milho para extração de linhagens. *Ciência e Agrotecnologia*, v. 27, n.2, .348-355, 2003.

CARDOSO, A. I. I. Depression by inbreeding after four successive Self-pollination squash generations. **Sci. Agric.**, v. 61, n. 2, p. 224-227, 2004.

CHARLESWORTH, D.; WILLIS, J.H. The genetics of inbreeding depression. **Nature reviews Genetics**. v. 10, p. 783- 796, 2009.

EMBRAPA. Sistema Brasileiro de Classificação dos Solos. Rio de Janeiro: Embrapa solos, 1997, 412 p.

ESPÍNOLA SOBRINHO, J. Climatologia da precipitação no município de Mossoró – RN período: 1900-2010. In: Congresso Brasileiro de Agrometeorologia, 17., 2011, Guarapari. **Anais**. Guarapari: SBA/UFV, 2011.

IBGE 2017- **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/censo-agropecuario/censo-agropecuario-2017>>. Acesso em: 20 dez. 2019.

LIMA, L. L. et al. Coeficientes de variação de algumas características do meloeiro: uma proposta de classificação. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 22, n. 1, p. 14-17, 2004.

LIMA, M.W.P. et al. Procedimento para escolha de populações de milho promissoras para extração de linhagens. **Bragantia**, v. 59, n. 2, p. 153-158, 2000.

MONFORTE, A.J. Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.108, p. 750–758, 2004.

NUNES, G. H. S. et al. Correlações entre características de meloeiro. **Caatinga**, Mossoró, v. 21, p. 107-112, 2008.

NUNES, G.H.S. et al. Aspectos produtivos e de qualidade de híbridos de melão cultivados no agropolo Mossoró-Assu. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.22, n.4, p.744-747, 2004.

NUNES, G.H.S. et al. Estabilidade fenotípica de híbridos de melão-amarelo avaliados no Polo Agroindustrial Mossoró-Assu. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 9, p. 57-67, 2006.

NUNES, G.H.S. et al. Influência de variáveis ambientais sobre a interação genótipos x ambientes em meloeiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal - SP, v. 33, n. 4, p. 1194-1199, 2011.

OLIVEIRA, L. A. A. et al. Estabilidade, adaptabilidade e vida útil pós-colheita de híbridos de melão Cantaloupe. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal – SP, v. 41, n. 5, e. 418, 2019.

RESENDE, M. D. V. Software SELEGEN - REML/BLUP. EMBRAPA, Colombo, novembro, 2002.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, p. 182-194, 2007.

SILVA, J.M. C. Herança do Teor de Sacarose em Frutos de Melão. XXX Congresso Brasileiro de Agronomia, **Anais...** Fortaleza, CBA, 2017.

SILVA, J.M. Implicações da interação genótipos x ambientes sobre ganhos de seleção em meloeiro. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 41, p. 51-56, 2011.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÈGAS, G.P. (Eds.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, p.122-201, 1987.

VIANA, L.F. Estimativas de m+a como indicadores do potencial de híbridos de milho para extração de linhagens. 64f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento. Área de concentração: Melhoramento Vegetal.) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2007.

VIANA, L.F. et al. Prediction of maize (*Zea mays* L.) inbred lines means from single-crosses. **Ciência agrotecnologia**, Lavras, v. 33, Edição Especial, p. 1999-2004, 2009.