**SISTEMA REPRODUTIVO E POTENCIAL PARA O
MELHORAMENTO GENÉTICO DE UMA POPULAÇÃO DE
MELANCIA *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai.**

MARIA ALDETE JUSTINIANO DA FONSECA FERREIRA

Engenheira Agrônoma

Orientador: Prof. Dr. **ROLAND VENCovsky**

Tese apresentada à Escola Superior de
Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade
de São Paulo, para obtenção do título de
Doutor em Agronomia, Área de Concentração:
Genética e Melhoramento de Plantas

PIRACICABA

Estado de São Paulo - Brasil
Julho - 2000

ERRATA

Página	Linha	Onde se lê	Leia-se
6	1	estigma é receptivo antes de o grão-de-pólen tornar-se viável	grão-de-pólen viável antes de o estigma tornar-se receptivo
6	1-2	grão-de-pólen viável antes de o estigma tornar-se receptivo	estigma é receptivo antes de o grão-de-pólen tornar-se viável
6	26	quantifica	relaciona-se
16	25 e 30	andromoicismo	andromonoicismo
26	7, 8 e 9	0,1	1,0
27	31	intenso	comum
45	10	Vertissolo	Latossolo
52	14	50	41
65	equação 36	$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_{PL}^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{y} \dots 1}^2}} \quad (36)$	$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_{PL}^2}{\hat{\sigma}_{\bar{y} \dots 1}^2} \quad (36)$

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - Campus "Luiz de Queiroz"/USP

Ferreira, Maria Aldete Justiniano da Fonseca

Sistema reprodutivo e potencial para o melhoramento genético de uma população de melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai. / Maria Aldete Justiniano da Fonseca Ferreira. - - Piracicaba, 2000.

148 p. : il.

Tese (doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2000.
Bibliografia.

1. Depressão endogâmica 2. Genética de população 3. Genética quantitativa 4. Melancia 5. Melhoramento genético vegetal 6. Parâmetro genético 7. Reprodução sexual l. Título

CDD 635.615

"Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte - O autor"

Aos meus grandes mestres

Manoel Abílio de Queiróz

Leila Trevisan Braz

Roland Vencovsky

Alicerces da minha vida profissional

Exemplos de competência, seriedade, justiça e sobretudo de amizade

A vocês, esse fruto resultante dos conhecimentos transmitidos

Ofereço

“Plante sementes de bondade e de amor,

mas não se preocupe com os resultados futuros.

Lance as sementes ao solo,

e deixe que frutifiquem de acordo com as possibilidades do terreno.

Aguarde o tempo...”

Às crianças

Esperanças de um futuro melhor

Ao povo nordestino

Sinônimo de coragem, perseverança e força

Dedico

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar ao grande criador, Deus, por ter permitido a minha existência e pela força transmitida em todos os momentos da minha vida.

À minha família, em especial aos meus pais, pelo amor, carinho, respeito, incentivo e pelos grandes ensinamentos da vida e da alma.

À Coordenação do Curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) que possibilitaram a realização do curso e, com isso, aprofundar meus conhecimentos.

Ao professor Roland Vencovsky pela inestimável orientação, amizade e pelo modo simples e prazeroso de transmitir seus conhecimentos. Minha gratidão pela dedicação esmerada à essa pesquisa.

Ao Dr. Manoel Abílio de Queiróz, o primeiro orientador profissional e, com certeza, um grande conselheiro. Minha amizade, gratidão e afeto, extensivos à sua família, pela receptividade sempre calorosa e por compreender as horas dedicadas ao ensino e à pesquisa.

Aos grandes amigos e colegas João Batista Duarte e Alexandre Siqueira Guedes Coelho, pela relevante ajuda nas análises estatísticas e genéticas desse trabalho. O apoio e sobretudo a amizade foram importantes para a conclusão desse estudo.

Aos funcionários da Embrapa Semi-Árido, principalmente aos da Estação Experimental de Bebedouro e aos bolsistas Rita Mércia Estigarribia Borges e Flávio de França Souza, pelo auxílio e tempo dedicado à essa pesquisa.

À professora Maria Lúcia Carneiro Vieira por disponibilizar as instalações do Laboratório de Cultura de Tecidos e Biologia Molecular (ESALQ/USP) e pela ajuda e apoio na execução da parte laboratorial desse trabalho. Agradeço também aos colegas pelos momentos compartilhados, principalmente ao Carlos Alberto de Oliveira, a Luciana Rossini Pinto e ao Rainério Meireles da Silva pelos conhecimentos transmitidos.

Aos professores do Depto. de Genética, especialmente aos professores Natal Antonio Vello e Antônio Augusto Domingos Coelho, orientadores nas monitorias e transmissores de importantes conhecimentos.

A todos os funcionários do Depto. de Genética, em especial, a Adriana Maria R. U. Bussi, Antonio César Gonzales, Antonio de P. Gorga, Aparecida Elisabete dos Santos, Cândida Vanderleia de Oliveira, Carlos Roberto Macedônio, Carmem Maria F. de S. Piloto, Elisabete Aparecida L. Rodrigues, Fernando Leopoldino, Maidia Maria Thomaziello, Neuza Maria S. Rocha, Sarah Eliani Carvalho, Sérgio Roberto de Oliveira, Silvana Cristina N. de Oliveira, Silvana Gregório e Waldir Próspero, pela ajuda amiga quando foi preciso.

A todos os colegas e sobretudo aos “verdadeiros amigos” aqui conquistados, pelos inesquecíveis momentos compartilhados, pelo apoio e incentivo. Aos pequeninos Ana Júlia, Pedro e Guilherme, fontes de esperança, inocência e carinho.

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE FIGURAS	V
LISTA DE TABELAS.....	VII
RESUMO	XII
SUMMARY	XIV
1. INTRODUÇÃO	01
2. REVISÃO DE LITERATURA	05
2.1. Sistema reprodutivo, estrutura genética de populações e suas implicações no melhoramento genético de plantas	05
2.1.1. Métodos de estimação da taxa de fecundação cruzada	10
2.1.2. Biologia floral e sistema reprodutivo de cucurbitáceas	14
2.2. Variabilidade, parâmetros genéticos e melhoramento de cucurbitáceas	17
2.3. Melhoramento genético em populações com sistema misto de reprodução	28
2.3.1. Variância genética e covariâncias entre parentes	29
2.3.2. Métodos de seleção e progressos genéticos	34
2.3.3. Limitações na estimação de parâmetros genéticos e no melhoramento de populações com sistema misto de reprodução	41
2.4. Depressão endogâmica e importância no melhoramento genético de plantas	43
3. MATERIAL E MÉTODOS	45
3.1. Material vegetal	45
3.1.1. Origem e características morfológicas das populações genitoras	45
3.1.2. Obtenção de sementes F_1	46
3.1.3. Obtenção da população segregante PCS (P14 x Crimson Sweet)	47
3.1.4. Obtenção das progêies de polinização livre (PL) e autofecundadas (AF)	47
3.1.5. Avaliações das plantas maternas (PM), progêies de polinização livre (PL) e autofecundadas (AF)	48

3.2. Estimativa da taxa de fecundação cruzada	50
3.2.1. Obtenção de dados moleculares pela técnica de RAPD	50
3.2.1.1.1. Material vegetal	50
3.2.1.1.2. Extração de DNA genômico	50
3.2.1.1.3. Reações de amplificação e eletroforese.....	51
3.2.1.1.4. Triagem de iniciadores de PCR (<i>primers</i>)	52
3.2.1.1.5. Análise de dados	53
3.3. Análises estatístico-genéticas	54
3.3.1. Análise de variância	54
3.3.2. Covariâncias e correlações entre parentes.....	58
3.3.3. Depressão endogâmica observada	60
3.3.4. Triagem de progênies com potencial para o melhoramento genético	60
3.3.5. Adequação de modelo genético utilizado na estimação de componentes da variância genética em populações com sistema misto de reprodução	61
3.3.6. Progresso genético.....	65
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	68
4.1. Taxa de fecundação cruzada e coeficiente de endocruzamento da população segregante PCS	68
4.2. Análises estatístico-genéticas	74
4.2.1. Análises de variância.....	74
4.2.2. Componentes da variância, covariâncias e correlações entre parentes	81
4.2.3. Depressão endogâmica observada	85
4.2.4. Triagem de progênies com potencial para o melhoramento genético	90
4.3. Adequação de modelos genéticos utilizados na estimação de componentes da variância genética em populações com sistema misto de reprodução	99
4.4. Progresso genético	107
4.5. Considerações finais	109
5. CONCLUSÕES	112
6. ANEXOS	114
7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	131
8. APÊNDICE	147

LISTA DE FIGURAS

	Página
1. Esquema de estrutura genética de população com sistema misto de reprodução, considerando apenas quatro gerações. Os indivíduos são originados por autofecundações na proporção s e por cruzamentos na proporção $t = 1 - s$, com diferentes gerações prévias de autofecundação (g) (Wright & Cockerham, 1985).	07
2. Locos OPC04_980 (a) e OPC04_950 (b) na família PCS-20PL. Indivíduo 1: fenótipo molecular da planta matema +/- para o loco OPC04_980 e -/- para o loco OPC04_950. Indivíduo 11: resultante de fecundação cruzada com fenótipo -/- para o loco OPC04_980 e +/- para o loco OPC04_950.	53
3. Esquemas de parentesco e representação das relações entre X e Y. (1) Mãe (X_{PM}) e filha autofecundada (Y_{AF}); (2) Mãe e filha de polinização livre (Y_{PL}); (3) Irmãs autofecundadas (X_{AF} , Y_{AF}); (4) Irmãs de polinização livre (X_{PL} , Y_{PL}); (5) Irmãs autofecundadas e de polinização livre (X_{AF} , Y_{PL}) (Crisóstomo, 1989).	58
4. Médias da cor da polpa (CP) (escala de notas) e do teor de sólidos solúveis (TS) (°Brix) de frutos das progênes PL e respectivas AF. T_1 , T_2 : testemunhas. Destaque em verde das progênes selecionadas simultaneamente para CP, TS e PP. <i>C. lanatus</i> . Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.	97
5. Produção de frutos por planta (PP) (kg/planta) e peso de frutos individuais (PF) (kg) das progênes PL e respectivas AF. T_1 , T_2 : testemunhas. Destaque em verde das progênes selecionadas simultaneamente para CP, TS e PP e em preto para aquelas selecionadas com base apenas em PP. <i>C. lanatus</i> . Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.	98

6. Número de frutos por planta das progênies PL e respectivas AF. T ₁ , T ₂ : testemunhas. Destaque em verde das progênies selecionadas simultaneamente para CP, TS e PP e em preto para aquelas selecionadas com base apenas em PP. <i>C. lanatus</i> . Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.	99
Anexo A. Esquematização desde a origem das populações genitoras até a obtenção das progênies de polinização livre (PL) e autofecundadas (AF). <i>C. lanatus</i> . Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.	115
Apêndice A. Tipos de flores em melancia. Vista superior: (1A) e (1B) Flores hermafroditas, (1C) Flor feminina, (1D) Flor masculina; Vista superior de flores sem pétalas: (2A) Flor feminina, (2B) Flor hermafrodita; Vista lateral de flores sem pétalas: (3A) Flor hermafrodita, (3B) Flor feminina.	148

LISTA DE TABELAS

	Página
1. Frequências de indivíduos com (g) gerações prévias de autofecundação em populações em equilíbrio de endogamia e com diferentes taxas de autofecundação (j).	08
2. Frequências genotípicas em função dos genótipos dos genitores, com base no modelo de sistema misto de reprodução e no modelo de cruzamento biparental.	13
3. Controle genético da expressão sexual em cucurbitáceas.	15
4. Ação gênica detectada em alguns caracteres quantitativos de melancia.	20
5. Componentes quadráticos que compõem a variância genética em populações com sistema misto de reprodução.	31
6. Coeficientes dos componentes quadráticos das covariâncias entre parentes em populações com sistema misto de reprodução.	33
7. Valores simulados de componentes quadráticos com número de locos $n = 100$ para diferentes valores e distribuições de frequências alélicas (p) e graus de dominância (d).	37
8. Valores médios das características das populações genitoras, P14 e Crimson Sweet, da população segregante PCS de melancia.	46
9. Esquema de análise de variância agrupada, de acordo com a estrutura dos experimentos em faixas, modelo misto.	56
10. Coeficientes dos componentes da variância genética que participam das covariâncias entre parentes.	63

11. Coeficientes das componentes quadráticas das covariâncias, utilizadas na predição do progresso genético permanente.	67
12. Estimativas das frequências alélicas do marcador dominante (+); teste de aderência (χ^2) ao modelo de sistema misto de reprodução; estimativas da taxa de cruzamento natural baseada em todos os locos simultaneamente (t_m) e com base na média das estimativas de cada loco separadamente (t_i) e coeficiente de endocruzamento (F). <i>C. lanatus</i> . Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.	69
13. Estimativa da taxa de cruzamento natural multilocos (t_m) por família. <i>C. lanatus</i> . Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.	70
14. Resumo da análise de variância agrupada, de acordo com o delineamento em faixas e o modelo misto, dos caracteres estande final (S), produção de frutos por planta (PP), peso de fruto (PF) e número de frutos por planta (NP), com respectivas médias gerais e amplitude de variação. <i>C. lanatus</i> . Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.	76
15. Resumo da análise de variância agrupada, de acordo com o delineamento em faixas e o modelo misto, dos caracteres cor (CP) e teor de sólidos solúveis (TS) da polpa, diâmetro longitudinal (DL) e diâmetro transversal (DT) do fruto, com respectivas médias gerais e amplitude de variação. <i>C. lanatus</i> . Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.	77
16. Resumo da análise de variância agrupada, de acordo com o delineamento em faixas e o modelo misto, dos caracteres formato do fruto (FF), espessura da polpa (EP), número de sementes (NS) e peso de 100 sementes (PS) por fruto, com respectivas médias gerais e amplitude de variação. <i>C. lanatus</i> . Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.	79

17. Estimativas das variâncias genéticas entre progênes autofecundadas (σ^2_{AF}), entre progênes de polinização livre (σ^2_{PL}) e entre famílias (σ^2_p); estimativas das variâncias fenotípicas entre as médias das progênes AF ($\sigma^2_{\bar{y}_{AF}}$) e entre as médias das progênes PL ($\sigma^2_{\bar{y}_{PL}}$); estimativas dos homólogos dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias das progênes PL (b^2_m) e das correlações genéticas entre progênes AF e PL [$r_{G(AF,PL)}$], referentes a onze caracteres avaliados na população segregante PCS de melancia. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99. 82

18. Estimativas das covariâncias $Cov(PM, AF)$ e $Cov(PM, PL)$ e das correlações genético-fenotípicas $\hat{r}_{GF}(PM, AF)$ e $\hat{r}_{GF}(PM, PL)$ entre plantas maternas (PM) e filhas AF e entre PM e filhas PL, respectivamente, de onze caracteres avaliados na população segregante PCS de melancia. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99. 84

19. Médias das depressões endogâmicas observadas de onze caracteres avaliados na população segregante PCS de melancia, com respectivas amplitudes de variação. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99. 87

20. Progênes PL com potencial para o melhoramento genético, com respectivas médias e depressão endogâmica (%), em relação aos caracteres cor da polpa (CP), teor de sólidos solúveis (TS), produção de frutos por planta (PP), peso de fruto (PF) e número de frutos por planta (NP). *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99. 92

21. Progênes PL com potencial para o melhoramento genético, com respectivas médias e depressão endogâmica (%), em relação aos caracteres diâmetro longitudinal (DL) e transversal (DT) do fruto, formato do fruto (FF), espessura da polpa (EP), número de sementes (NS) e peso de 100 sementes (PS) por fruto. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99. 95

22. Estimativas dos componentes quadráticos da variância genética de onze caracteres avaliados na população segregante PCS de melancia, de acordo com o modelo genético para populações mistas, considerando a situação em que a população se encontra em equilíbrio e desequilíbrio com endogamia e $\sigma_D^2 = H^*$. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99. 102
23. Correlações lineares simples entre os valores das colunas da matriz X , composta pelos coeficientes das componentes quadráticas da variância genética, considerando a situação em que a população se encontra em equilíbrio e desequilíbrio com endogamia e respectivos valores dos quocientes entre os maiores e menores autovalores da referida matriz (λ_1/λ_4). *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99. 106
24. Estimativas do progresso genético imediato conforme metodologia de Resende et al. (1995), considerando seleção e recombinação de progênies PL e do progresso genético permanente de acordo Wright & Cockerham (1986), considerando seleção entre progênies PL, com recombinação de sementes remanescentes PL ou AF, em relação a onze caracteres avaliados na população segregante PCS de melancia. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99. 108
- Anexo B. Médias ajustadas das progênies PL referentes aos caracteres produção por planta (PP), peso de fruto (PF), número de frutos por planta (NP), cor (CP) e teor de sólidos solúveis (TS) da polpa, avaliadas na população segregante PCS de melancia. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99. 116
- Anexo C. Médias ajustadas das progênies PL referentes aos caracteres diâmetro longitudinal (DL), diâmetro transversal (DT) e formato (FF) do fruto, espessura da polpa (EP), número de sementes (NS) e peso de 100 sementes (PS) por fruto, avaliadas na população segregante PCS de melancia. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99. 118

Anexo D. Médias ajustadas das progênes AF referentes aos caracteres produção por planta (PP), peso de fruto (PF), número de frutos por planta (NP), cor (CP) e teor de sólidos solúveis (TS) da polpa, avaliadas na população segregante PCS de melancia. <i>C. lanatus</i> . Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.	120
Anexo E. Médias ajustadas das progênes AF referentes aos caracteres diâmetro longitudinal (DL), diâmetro transversal (DT) e formato (FF) do fruto, espessura da polpa (EP), número de sementes (NS) e peso de 100 sementes (PS) por fruto, avaliadas na população segregante PCS de melancia. <i>C. lanatus</i> . Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.	122
Anexo F. Depressão endogâmica por progênie referentes aos caracteres peso de fruto (PF), produção por planta (PP) e número de frutos por planta (NP) avaliadas na população segregante PCS de melancia. <i>C. lanatus</i> . Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.	124
Anexo G. Depressão endogâmica por progênie referentes aos caracteres cor (CP) e teor de sólidos solúveis da polpa (TS), diâmetro longitudinal (DL) e diâmetro transversal (DT) do fruto, avaliadas na população segregante PCS de melancia. <i>C. lanatus</i> . Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.	126
Anexo H. Depressão endogâmica por progênie referentes aos caracteres formato do fruto (FF), espessura da polpa (EP), número de sementes (NS) e peso de 100 sementes (PS) por fruto, avaliadas na população segregante PCS de melancia. <i>C. lanatus</i> . Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.	128
Anexo I. Coeficientes dos componentes quadráticos da variância genética que participam das covariâncias entre parentes, de acordo com o modelo genético proposto por Coelho ³ , o qual pressupõe desequilíbrio na população de referência.	130

**SISTEMA REPRODUTIVO E POTENCIAL PARA O
MELHORAMENTO GENÉTICO DE UMA POPULAÇÃO DE
MELANCIA *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai.**

Autora: MARIA ALDETE JUSTINIANO DA FONSECA FERREIRA

Orientador: Prof. ROLAND VENCovsky

RESUMO

No Brasil a maioria das cultivares comerciais de melancia disponíveis no mercado são de origem americana e japonesa. Estas apresentam deficiências em relação a algumas características agronômicas e de frutos. Além disso são suscetíveis às principais doenças. Toma-se, pois, necessário que os programas de melhoramento, em nível nacional, visem a obtenção de cultivares que atendam às necessidades dos produtores e consumidores. Para tanto, é preciso um conhecimento prévio das populações que se pretende explorar em termos de sistema reprodutivo, variabilidade e potencial genético. Desta forma, este trabalho teve como objetivos: (a) estimar a taxa de fecundação cruzada natural e o coeficiente de endocruzamento de uma população segregante; (b) averiguar a variabilidade genética existente nessa população pela análise de progênies de polinização livre (PL) e progênies autofecundadas (AF); (c) estimar a depressão endogâmica; (d) indicar progênies com potencial genético para serem exploradas em programas de melhoramento; (e) investigar a adequação de modelos genéticos empregados na estimação dos componentes da variância genética; (f) estimar o progresso genético. A população segregante (PCS) foi obtida mediante a realização de cruzamentos entre a população P14, acesso coletado no Nordeste, e a variedade comercial Crimson Sweet. Após a população F_1 ser submetida a uma geração de reprodução natural, foram obtidas 64 progênies PL e as correspondentes progênies AF, as quais foram avaliadas em campo, em dois experimentos implantados em 1998-99, de acordo com o delineamento em faixas, com três repetições e cinco plantas por parcela. As progênies foram avaliadas em relação aos caracteres: estande final (S); produção de frutos por planta (PP); peso de frutos (PF); número de frutos por planta (NP); cor (CP) e teor de sólidos solúveis (TS) da polpa; diâmetro longitudinal (DL), diâmetro transversal (DT) e formato (FF) do fruto; espessura da polpa (EP); número de sementes (NS) e peso de 100 sementes (PS) por fruto. As estimativas da taxa de fecundação cruzada (t_c e t_m) e do coeficiente de endocruzamento (F), foram obtidas pela análise de nove locos marcadores RAPD em doze progênies PL constituídas cada uma por vinte e três indivíduos, por meio do programa MLDT (*Multilocus Estimation of Outcrossing with Dominant Markers*). De acordo

com estes parâmetros populacionais ($\hat{i}_m = 0,765 \pm 0,056$ e $\hat{F} = 0,091 \pm 0,079$), verificou-se que a população PCS pratica sistema misto de reprodução, sendo mais próxima da alogamia. Tal fato viabiliza a utilização de seleção recorrente com recombinações naturais. É preciso uma geração adicional de polinização livre para que a referida população atinja suficiente grau de aproximação ao equilíbrio com endogamia. Isso aumentará a ocorrência de novos tipos transgressivos e fará com que a população fique mais adequada para estudos quantitativos. As estimativas dos homólogos dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias das progênies PL, bem como das correlações genéticas entre estas últimas e as progênies AF, indicaram que a seleção poderá ser efetuada apenas com base nas médias fenotípicas das progênies PL. Isso facilitará a condução de um programa de seleção recorrente com esta população. A depressão endogâmica observada, em termos médios, não foi tão drástica como em populações de espécies tipicamente alógamas. Entretanto, os efeitos depressivos variaram entre as progênies, indicando a possibilidade de selecionar progênies agronomicamente boas e com pouca depressão. A maioria das progênies foi superior às testemunhas em relação aos caracteres PP, NP e PF, porém inferior em relação aos caracteres CP e TS. Mesmo assim foi possível identificar algumas progênies que agregaram, simultaneamente, caracteres desejáveis como CP vermelha, TS superior a 8°Brix e PP acima de 17 kg. Verificou-se que essa população apresenta alto potencial para o melhoramento, inclusive para obtenção de linhagens. Constatou-se não adequação dos modelos genéticos, empregados para estimação dos componentes da variância genética, aos dados experimentais obtidos. Em consequência, as estimativas destes componentes e do progresso genético ficaram viesadas. Ficou evidente a necessidade de uma melhor adaptação dos modelos genéticos disponíveis para populações com sistema misto de reprodução de modo a permitirem certo grau de desequilíbrio de endogamia. A estimação mais acurada e detalhada de parâmetros populacionais via marcadores genéticos é igualmente importante para a quantificação de parâmetros genéticos quantitativos em populações que possuem sistema reprodutivo misto.

MATING SYSTEM AND BREEDING POTENTIAL OF A SEGREGATING POPULATION OF WATERMELON

Citrullus lanatus (Thunb.) Matsum. & Nakai.

Author: MARIA ALDETE JUSTINIANO DA FONSECA FERREIRA

Adviser: Prof. ROLAND VENCovsky

SUMMARY

Most of the commercial watermelon cultivars available in Brazil are originated from the United States and Japan. In terms of agronomic performance, fruit quality and disease resistance these cultivars are not entirely satisfactory. Regional breeding programs are therefore required for improving materials in order to attend the needs of local farmers and consumers. Basic informations about the mating system, genetic variability and breeding potential of base populations are important, in this context. This work was therefore carried out having as main objectives: (a) estimating the outcrossing rate and the inbreeding coefficient of a segregating population; (b) measuring its genetic variability on the basis of maternal (PL) and selfed (AF) progeny trials; (c) estimating inbreeding depression; (d) identifying superior families with potential for a breeding program; (e) verifying the goodness-of-fit of models required for the estimation of genetic components of variance; (f) estimating genetic progress from selection. The segregating population (PCS) was derived from the cross between population P14, adapted to the Northeast of Brazil, and the commercial cultivar Crimson Sweet. Hybrid F_1 plants were allowed to reproduce naturally in an isolated plot. Derived plants (F_2) were again open pollinated. A set of 64 PL families and the corresponding AF families was sampled and evaluated in 1998-99, in two split block experiments, with three replications and five plants per plot. Two check treatments were randomly allocated within each incomplete block. The following traits were measured: final plot stand (S); fruit yield per plant (PP); fruit weight (PF); number of fruits per plant (NP); color (CP) and content of soluble solids (TS) of the flesh; longitudinal (DL) and transversal (DT) fruit diameter; fruit shape (FF); flesh thickness (EP); number of seeds per fruit (NS) and weight of 100 seeds (PS). For estimation of the outcrossing rate (t_i and t_m) and the inbreeding coefficient (F) a set of 12 PL families, each represented by 23 offspring, was sampled, and the genotyping done for nine RAPD marker loci. The MLDT (Multilocus Estimation of Outcrossing with Dominant Markers) program was used. Values $\hat{t}_m = 0,765 \pm 0,056$ and $\hat{F} = 0,091 \pm 0,079$ obtained, indicated that population PCS practices a

mixed mating system but is very close to allogamy and is therefore adequate for recurrent selection, not requiring hand pollinations for recombination. Results also indicated that one additional generation of open pollination would have been necessary to bring this population closer to inbreeding equilibrium, to increase its degree of recombination and to permit the use of genetic models with more reliability for estimation of genetic components of variance. Estimates of homologues of the coefficient of heritability, on a PL progeny mean basis, as well as of the genetic correlation between PL and AF means, suggested that recurrent selection for improving this population can be carried out solely on the basis of PL progeny means and thus simplifying the evaluation and selection procedures. Inbreeding depression was detected for all traits but at levels not as pronounced as generally found for broad base panmictic materials. Observed depression varied among families, indicating that superior families can be selected showing good agronomic performances and low depression. Most families were superior to the commercial checks for traits PP, NP and PF but inferior for traits CP and TS. Nevertheless, a group of families could be identified bearing a favorable combination of important traits, such as fruits with red flesh (CP), TS higher than 8°Brix and fruit weight (PP) greater than 17 kg. PCS population was found having high potential for breeding not only through recurrent selection but also for extraction of inbred lines. Genetic models, available for mixed mating systems, were not adequate for estimating genetic components of variance. Consequently, estimates of these components as well as of genetic progresses were biased. The development of quantitative genetic models allowing a certain degree of disequilibrium, with respect to inbreeding, under a mixed mating systems, would be interesting to accommodate the reality of many breeding programs. Studies of this type, which are highly depended upon estimates of genetic variances or covariances, require also very accurate estimates of all population parameters furnished by molecular markers.

1. INTRODUÇÃO

A família *Cucurbitaceae* é um grupo vegetal que habita principalmente as regiões tropicais do mundo e é formada por 118 gêneros e mais ou menos 825 espécies. Os membros deste grupo caracterizam-se por apresentarem, entre outras peculiaridades, hábito rasteiro, flores unissexuais, com alguns casos de bissexualidade, cuja polinização é efetuada por insetos e que apresentam grandes diversidades estruturais nos ovários ínferos das flores femininas e perfeitas, os quais dão origem às mais diversas e interessantes formas de frutos. Esta família apresenta grande importância do ponto de vista nutricional, cultural e, em alguns casos, econômica. Várias espécies cultivadas e silvestres representam parte fundamental da dieta e outros aspectos da vida humana em todo o mundo (Saade, 1995).

O grupo que compreende as espécies cultivadas de valor econômico desta família é constituído pelos gêneros: *Citrullus* – melancia (*C. lanatus*); *Cucumis* – melão (*C. melo*), maxixe (*C. anguria*) e pepino (*C. sativus*); *Cucurbita* – abóbora (*C. moschata*), abobrinha (*C. pepo*) e moranga (*C. maxima*); *Sechium* – chuchu (*S. edule*). As espécies *Lagenaria siceraria*, *Luffa acutangula* e *Mormodica charantia*, respectivamente denominadas cabaça, bucha e melão-de-são-caetano, apesar de apresentarem menor expressão econômica, são cultivadas em algumas áreas de agricultura tradicional. De acordo com Queiróz¹, a bucha vem sendo cultivada no estado de São Paulo, com a finalidade de fornecer ao mercado esponja orgânica.

Segundo Saade (1995), os gêneros nativos da América mais importantes do ponto de vista nutricional, cultural e econômico são: *Cucurbita* com cinco espécies cultivadas, ou seja, *C. argyrosperma* e *C. ficifolia*, além das três citadas anteriormente; *Sechium* com duas espécies cultivadas – *S. edule* e *S. tacaco*; *Cyclanthera* com uma espécie cultivada – *C. pedata* e *Sicana* com uma espécie cultivada – *S. odorifera*.

¹ Queiróz, M.A. de. (Embrapa Semi-Árido). Comunicação pessoal, 2000.

Segundo Queiróz (1993), no Nordeste brasileiro são encontradas espécies dos gêneros *Citrullus*, *Cucumis*, *Cucurbita*, *Lagenaria* e *Luffa*, as quais foram introduzidas há muitos anos e são cultivadas até hoje na agricultura de sequeiro em pequenos estabelecimentos agrícolas, originando inúmeras populações tradicionais.

No gênero *Citrullus* estão incluídas quatro espécies diplóides ($2n = 22$), isto é, *C. lanatus*, a espécie cultivada e de larga distribuição mundial e *C. lanatus* var. *citroides*, uma forma selvagem encontrada no sul da África e que é cultivada para alimentação animal; *C. colocynthis*, espécie perene e com frutos amargos, encontrada no Norte e Sudoeste da África e na Ásia; *C. ecirrhosus*, também perene, apresentando polpa branca e amarga e encontrada no deserto da Namíbia; *C. rehmi*, anual e também encontrada no deserto da Namíbia, habitando principalmente superfícies pedregosas e areno-pedregosas e muito similar a *C. ecirrhosus* (Jeffrey, Zamir e Winter citados por Assis, 1999; Mohr, 1986).

A melancia cultivada que tem como centro de origem a África, apresenta grande distribuição em todo o mundo e é considerada cosmopolita. Vem sendo cultivada desde os tempos pré-históricos, como revelam as pinturas encontradas no Egito e consta também na antiga literatura árabe, em sânscrito e espanhol. Nas Américas, foi inicialmente introduzida nos Estados Unidos, em 1629, trazida pelos colonizadores europeus (Mohr, 1986).

No Brasil, a melancia foi introduzida em duas épocas distintas e em regiões diferentes, sendo que a primeira delas se deu durante o Brasil Colônia, há cerca de 350 anos, por escravos africanos, no Nordeste (Romão, 1995). Posteriormente, na década de 50, foi introduzida no Estado de São Paulo; contudo, dessa vez foram trazidas variedades americanas e japonesas (Costa & Pinto, 1977).

Essa espécie destaca-se entre as principais cucurbitáceas cultivadas no Brasil. Em 1990 a produção nacional foi de 794.580 toneladas, sendo exportadas 1.017 toneladas de frutos e em 1993, 5.048 toneladas (Camargo Filho et al., 1995). Os principais estados produtores são Maranhão, Bahia, Piauí, São Paulo, Goiás, Santa Catarina e Pernambuco, porém o Nordeste é responsável por 55,6% da produção nacional (IBGE, 1991).

A produtividade média brasileira é de 30 t/ha e a área colhida em 1996 foi de 88.047 ha, estando 51% desta área na região Nordeste e cerca de 40% nos Estados da Bahia, Maranhão e Pernambuco (IBGE, 1998).

Outros estados respondem por uma parcela menor da produção nacional, como por exemplo Minas Gerais, cuja produção foi de 1.334 toneladas em 1991, insuficiente para atender à própria demanda interna, que é suprida pelas produções dos estados de Goiás, Bahia e São Paulo (Miranda & Silva, 1994).

Em Roraima, acontece situação semelhante, apesar de a melancia ser a fruta mais consumida no Estado, com consumo semanal de 11,38 kg por família. O volume de importação do produto vindo da Venezuela atingiu, em 1995, 122.445 kg. A área plantada nesse estado é cerca de 101,80 ha, com produtividade de 14,4 t/ha e com predomínio do cultivo da variedade Charleston Gray (Oliveira, 1998).

As cultivares e híbridos de melancia disponíveis no mercado brasileiro são, na sua grande maioria, de origem americana e suscetíveis às principais doenças. Entre as cultivares, podem-se encontrar sementes de Charleston Gray, Crimson Sweet, Fairfax, Omaru Yamato e Yamato Sato, as duas últimas de origem japonesa. Destas, a responsável por maior área cultivada, é a Crimson Sweet, acarretando no fornecimento de praticamente apenas uma cultivar para o mercado consumidor. Dentre os híbridos têm-se o JetStream, Madera, Mirage, Tiffany e Rubi, somente este último desenvolvido no Brasil (Castellane & Cortez, 1995; Leonel et al., 1998).

Diante deste quadro, fica evidente a importância do desenvolvimento de programas de melhoramento genético nacional, que tenham como objetivo a obtenção de cultivares resistentes às principais doenças, bem como a melhoria na qualidade dos frutos, visando suprir o mercado produtor e consumidor, os quais estão cada vez mais exigentes.

Em relação às características de fruto, percebe-se que a preferência do mercado consumidor tem se alterado nos últimos anos, especialmente nos centros urbanos, ocorrendo um aumento na procura por frutos menores, que possam ser consumidos mais rapidamente, facilitando o transporte e possibilitando o incremento na exportação. Aliada a este caráter, outros são igualmente importantes, como a cor da polpa, o teor de sólidos solúveis, a firmeza da polpa e o número de sementes por fruto. Frutos sem sementes também fazem parte da preferência de um seleto grupo de consumidores.

A Embrapa Semi-Árido, uma das poucas instituições brasileiras que desenvolve pesquisas com esta espécie, apresenta um trabalho amplo, cujos objetivos abrangem desde a área de recursos genéticos até a obtenção de variedades e híbridos, que supram as exigências do mercado interno e externo.

Por outro lado, para a condução eficiente de programas de melhoramento, é preciso o conhecimento prévio das populações que se pretende explorar, em termos de sistema reprodutivo, variabilidade e potencial genético.

Assim sendo, este trabalho, com base em uma população segregante, obtida a partir de cruzamento interpopulacional, teve como objetivos principais:

- (a) Verificar o sistema reprodutivo desta população;
- (b) Averiguar a variabilidade genética da população, pela análise genética de progênies de polinização livre e progênies autofecundadas;
- (c) Estimar a depressão endogâmica;
- (d) Indicar progênies com potencial para o melhoramento genético de acordo com os caracteres de maior importância econômica;
- (e) Investigar a adequação de modelos genéticos, por meio de estimativas de covariâncias genéticas entre parentes e componentes da variância genética;
- (f) Estimar o progresso genético com base em alguns esquemas seletivos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Sistema reprodutivo, estrutura genética de populações e suas implicações no melhoramento genético de plantas

As espécies são caracterizadas, dentre outros aspectos, pelo seu sistema reprodutivo, ou seja, pelo modo como a informação genética é transferida de uma geração a outra. Na transmissão da informação genética entre gerações de uma população que se reproduz sexuadamente, uma amostra de alelos é passada dos pais para os filhos e um novo grupo de genótipos é formado. Portanto, o sistema reprodutivo da população parental determina o modelo pelo qual os gametas unidos em pares formam o novo arranjo de genótipos na geração filial. Assim, a informação sobre o sistema reprodutivo é essencial para o entendimento de como as frequências gênicas e genotípicas são distribuídas ao longo das gerações (Clegg, 1980).

Considerando a reprodução sexual, as espécies são classificadas de acordo com seu sistema reprodutivo em: (a) Espécies autógamas, que se reproduzem preferencialmente por autofecundações naturais, podendo apresentar até 5% de cruzamentos naturais; (b) Espécies mistas ou intermediárias, que se reproduzem tanto por autofecundações quanto por cruzamentos naturais, sendo que estas taxas variam de 5% a 95%; (c) Espécies alógamas, que se reproduzem via cruzamentos naturais e eventualmente por autofecundações naturais e cuja taxa pode chegar até 5%.

O modo de reprodução das espécies é, na maioria dos casos, determinado pela expressão sexual. Entretanto, outros mecanismos também influenciam no sistema reprodutivo como por exemplo: Cleistogamia, em que o estigma é receptivo e o grão-de-pólen é viável, antes da abertura da flor; Chasmogamia, com receptividade do estigma e a viabilidade do grão-de-pólen durante a abertura da flor; Protandria, em que o

estigma é receptivo antes do grão-de-pólen tornar-se viável; Protoginia, quando o grão-de-pólen é viável antes do estigma tornar-se receptivo; Autoincompatibilidade, mecanismo que impede a ocorrência de autofecundação; Macho-esterilidade, mecanismo de controle genético nuclear-citoplasmático que impede a formação de grãos-de-pólen viáveis (Allard, 1960; Ramalho et al., 1990).

Destes, os dois primeiros favorecem a ocorrência de autofecundações naturais, ao passo que os demais promovem a efetivação de cruzamentos naturais. A autoincompatibilidade e a macho-esterilidade são, geralmente, utilizadas em programas de melhoramento que visam a obtenção de híbridos comerciais, principalmente em espécies autógamas e naquelas em que é difícil o controle manual da polinização.

Em grupos de plantas hermafroditas (plantas com apenas flores perfeitas), monóicas (plantas com flores masculinas e femininas), andromonóicas (plantas com flores masculinas e perfeitas), ginomonóicas (plantas com flores femininas e perfeitas) e trimonóicas (plantas com flores masculinas, femininas e perfeitas), que não são influenciados pelos mecanismos que promovem a alogamia, podem ocorrer alterações nas taxas de cruzamentos naturais e aumento da endogamia, favorecendo o modo de reprodução misto.

Em termos de estrutura genética, nas populações autógamas que apresentam taxa de endogamia (F) igual a 1, as plantas são totalmente homozigóticas para um ou outro alelo. Nas populações com sistema misto de reprodução as plantas possuem diferentes taxas de endogamia. Supondo o loco A , com dois alelos (A , a), tais populações apresentam frequências $p^2 + pqF$ para os homozigotos AA , $q^2 + pqF$ para os homozigotos aa e $2pq(1-F)$ para os heterozigotos. Nas populações alógamas em equilíbrio de Hardy-Weinberg, cujas plantas não apresentam endogamia, ou seja, $F = 0$, elas devem ser homozigóticas nas frequências p^2 ou q^2 e heterozigóticas com frequência $2pq$ (Falconer, 1989; Weir, 1996).

O coeficiente de endocruzamento (F) quantifica a homozigose existente na população e está em função da taxa de autofecundação natural (s) ou da taxa de cruzamento natural (t). Quando a população se encontra em equilíbrio de endogamia devido ao sistema reprodutivo, esse coeficiente é igual a:

$$F = \frac{s}{2-s} \quad \text{ou} \quad F = \frac{1-t}{1+t} \quad (1)$$

A expressão (1), no entanto, corresponde a um coeficiente médio da população, sendo que nas espécies com sistema misto de reprodução, as plantas apresentam diferentes coeficientes de endocruzamento mesmo se todas as plantas reproduzirem-se com a mesma taxa s . Dessa forma, populações com sistemas intermediários de reprodução, são formadas de indivíduos originados por autofecundações na proporção s e oriundos de cruzamentos na proporção $t = 1 - s$, apresentando diferentes quantidades de gerações de autofecundação na sua genealogia (g) (Figura 1).

De acordo com Wright & Cockerham (1985) a frequência dos indivíduos com g gerações de autofecundação no seu passado genético (NGA) é igual a:

$$f(NGA) = (1 - s)s^g \quad (2)$$

Figura 1. Esquema de estrutura genética de população com sistema misto de reprodução, considerando apenas quatro gerações. Os indivíduos são originados por autofecundações na proporção s e por cruzamentos na proporção $t = 1 - s$, com diferentes gerações prévias de autofecundação (g) (Wright & Cockerham, 1985).

Por exemplo, quando uma população apresenta uma taxa de autofecundação média de 0,3, cerca de 70% dos indivíduos dessa população são oriundos de cruzamentos naturais e 21% apresentam uma só geração anterior de autofecundação, sendo essa população mais próxima das alógamas. Entretanto, quando a taxa de autofecundação média é de 0,9, a frequência de indivíduos segregantes pode ser ainda alta, já que 10% são originados por cruzamentos e 9%, 8% e 7% por uma, duas e três gerações prévias de autofecundação, respectivamente. Se a população é perfeitamente intermediária, isto é, a taxa de autofecundação média é de 0,5, cerca de 87,5% dos indivíduos podem estar segregando, uma vez que 50%, 25% e 12,5% dos indivíduos são oriundos de cruzamentos, e de uma geração e duas gerações anteriores de autofecundação, respectivamente (Tabela 1).

Tabela 1. Frequências de indivíduos com (g) gerações prévias de autofecundação em populações em equilíbrio de endogamia e com diferentes taxas de autofecundação (s).

Gerações (g)	Taxas de autofecundação (s)					
	0	0,3	0,5	0,7	0,9	1
0	1	0,700	0,500	0,300	0,100	0
1	0	0,210	0,250	0,210	0,090	0
2	0	0,063	0,125	0,147	0,081	0
3	0	0,019	0,062	0,103	0,073	0
4	0	0,006	0,031	0,072	0,066	0
5	0	0,002	0,026	0,050	0,059	0

Fonte: Wright & Cockerham, 1985

Nestas espécies, as populações quando fora do equilíbrio de endogamia, não retornam ao equilíbrio após uma geração de polinização aberta, como nas espécies alógamas. Pereira et al. (1986) deduziram a fórmula que possibilita determinar o número de gerações de polinização aberta (N) necessário para que uma certa proporção (x) do equilíbrio total possível seja atingido:

$$N = \frac{\log[(1-x)s/2]}{\log(s/2)} \quad (3)$$

Na expressão 3, a proporção x é mensurada com base na homoziguidade existente na primeira geração de desequilíbrio (H_1), em relação ao grau de homoziguidade que se deseja atingir (H_N) e à homoziguidade existente na geração de equilíbrio (H_∞), ou seja:

$$x = \frac{H_1 - H_N}{H_1 - H_\infty} \quad (4)$$

Obviamente, quanto mais próximas das alógamas ($s < 0,1$), menores números de gerações de reproduções ao acaso serão necessários para que sejam atingidas determinadas proporções de alterações. O contrário ocorre quando as espécies são mais próximas das autógammas ($s > 0,9$). Já as populações com s intermediários necessitarão de números intermediários de gerações de polinização aberta para atingirem certas proporções de alteração. Para atingir 90% das alterações são necessárias aproximadamente duas gerações de polinização aberta quando $0,1 \leq s \leq 0,3$; três gerações quando $0,5 \leq s \leq 0,7$ e quatro gerações quando $0,7 < s \leq 0,9$. Segundo Pereira (1986), os números de gerações de polinização aberta necessários para que sejam atingidas pelo menos 90% das alterações até o equilíbrio, de acordo com as taxas de autofecundação, estão sendo considerados no melhoramento de algodão.

Mediante as considerações expostas, fica evidenciada a necessidade do conhecimento do sistema reprodutivo para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético, já que a endogamia e os acasalamentos ao acaso influenciam diferentemente na estrutura genética das populações. Além disso, a endogamia pode causar depressão endogâmica em caracteres de importância econômica, reduzir a variabilidade genética dentro das famílias e aumentar a variabilidade entre as famílias (Allard, 1960).

O conhecimento da endogamia é importante também em estudos que visam estimar os componentes da variância genética, pois, geralmente nas populações quase alógamas ($t \cong 0,90$ a $0,95$), é assumido que os indivíduos dentro das famílias são meios-irmãos. Todavia, na presença de endogamia o grau de parentesco entre esses indivíduos deve ser maior que o esperado sob alogamia. Estimativas incorretas de parâmetros genéticos podem ser obtidas, caso o coeficiente de endocruzamento das plantas seja desconsiderado, principalmente em espécies com sistema misto de reprodução (Cockerham & Weir, 1984; Shaw & Allard, 1982; Wright & Cockerham, 1985, 1986).

2.1.1. Métodos de estimação da taxa de fecundação cruzada

As primeiras investigações sobre o sistema reprodutivo foram realizadas por meio do emprego de métodos tradicionais, os quais baseavam-se na observação de pares de cruzamentos, no comportamento dos agentes polinizadores, no modo como a polinização ocorria e levavam em conta várias características da morfologia floral observadas em experimentos conduzidos em casa-de-vegetação. Estes métodos, contudo, não forneciam estimativas diretas de parâmetros envolvidos no sistema de reprodução, como a taxa de cruzamento natural ($\hat{t}$), devido ao fato de não serem utilizados marcadores genéticos (Shaw et al., 1981).

Na década de 50, geneticistas de plantas iniciaram o uso de marcadores genéticos e modelos estatísticos elementares para determinar quantitativamente o processo de reprodução. Os marcadores genéticos inicialmente utilizados eram marcadores morfológicos. Jones citado por Shaw et al. (1981) foi o pioneiro nesse tipo de estudo. Plantando número igual de plantas de tomate homozigóticas para os caracteres nanismo e normal em fileiras alternadas, colheu sementes nas fileiras anãs (recessivas) e contou o número de plantas normais originadas destas sementes para calcular a taxa de cruzamento. Determinou o estimador de máxima verossimilhança, $\hat{t} = b/p$, onde b corresponde à frequência de filhos heterozigóticos oriundos dos genitores recessivos e p a frequência do alelo dominante na população.

Segundo Clegg (1980), os métodos de determinação do sistema reprodutivo tem se desenvolvido muito na pesquisa de populações de plantas, devido a dois fatores: (a) Advento e desenvolvimento das técnicas de marcadores bioquímicos e moleculares; (b) Desenvolvimento de métodos e modelos estatísticos mais elaborados, os quais permitem descrever detalhes da transmissão genética.

Os marcadores bioquímicos e moleculares codominantes (isoenzimas, RFLP, microsátélites) são os mais indicados para estudos com este propósito, pois possibilitam a identificação de todas as classes genotípicas diretamente de seus fenótipos moleculares. A técnica isoenzimática é a mais utilizada até o momento, em decorrência de ser uma técnica mais barata quando comparada às demais. No entanto, marcadores moleculares dominantes (RAPD, AFLP) foram empregados para cálculos de estimativas das taxas de cruzamentos,

sendo que os valores estimados foram similares aos obtidos com marcadores codominantes (Gaiotto, 1996; Gaiotto et al., 1997).

Várias metodologias utilizadas na estimação de parâmetros do sistema reprodutivo foram desenvolvidas para situações específicas, como a estimativa da taxa de cruzamento com base em um loco e nos arranjos genotípicos de famílias maternas, na qual o genótipo materno é desconhecido (Brown & Allard, Clegg et al. citados por Schoen & Clegg, 1984); estimativa de máxima verossimilhança da taxa de cruzamento e das frequências alélicas, com base em dados de vários locos (Ritland & Jain, 1981; Shaw et al., 1981); estimativa da taxa de cruzamento e das frequências alélicas usando locos marcadores com alelos nulos (Ross, 1986) e dominantes (Gaiotto, 1996; Gaiotto et al., 1997), entre outras. Estas metodologias são baseados em dois modelos genéticos: (a) Modelo de sistema misto de reprodução e (b) Modelo de cruzamentos biparentais.

No modelo de sistema misto de reprodução, os filhos de cada planta materna representam um arranjo genético derivado de óvulos que cruzam com probabilidade t com um conjunto de grãos-de-pólen com frequência gênica p , e que se autofecunda com probabilidade $s = 1 - t$. Este método impõe duas pressuposições. A primeira, que a taxa de cruzamento é constante e independente do genótipo materno e a segunda que o conjunto de pólen da população é distribuído uniformemente entre todos os óvulos das plantas mães, isto é, cada evento de cruzamento é considerado como resultado da fertilização dos óvulos por um composto de pólen, oriundo de todos os genótipos da população (Clegg, 1980; Ritland & Jain, 1981). Na Tabela 2 é possível visualizar a distribuição das progênes para este modelo, considerando um só loco dialélico. Por exemplo, uma planta mãe de genótipo A_1A_1 dará origem a progênie de genótipo A_1A_1 na probabilidade s , se autofecundada e na probabilidade tp , se cruzada. Poderá originar também progênes do tipo A_1A_2 , porém apenas por cruzamento com probabilidade tq (Schoen & Clegg, 1986).

Segundo Ennos & Clegg (1982) pode ocorrer violação da pressuposição de distribuição uniforme de pólen sobre todas as plantas mães quando, por exemplo, uma população for dividida em subpopulações que diferem em frequências genotípicas e entre as quais há fluxo de pólen limitado. Constataram que a estimativa da taxa de cruzamento é

superestimada quando a frequência gênica varia entre as subpopulações e que o grau do viés aumenta quando o valor verdadeiro de t aumenta.

Schoen & Clegg (1984) demonstraram, por simulação, que o uso do modelo de sistema misto de reprodução, em alguns casos, pode levar a estimativas incorretas dos parâmetros do sistema reprodutivo, principalmente quando as pressuposições são violadas. Em decorrência disso, propuseram um modelo alternativo denominado modelo de cruzamento biparental. Este modelo, ao contrário do anterior, pressupõe que os indivíduos oriundos de cruzamentos naturais são formados por pólen de um único genitor, isto é, que os óvulos da planta mãe são fecundados por pólen de apenas uma planta paterna (Tabela 2).

Schoen & Clegg (1986) fizeram simulações com base nestes dois modelos com o objetivo de examinar as consequências da violação das diferentes pressuposições impostas quanto à distribuição de pólen entre as plantas mãe. Os resultados demonstraram que as violações das pressuposições de ambos os modelos levam a erros de estimação das frequências genotípicas dos genitores, das variâncias dos parâmetros estimados e das distribuições das estimativas, as quais desviam da normalidade, sendo que a magnitude do viés aumenta com a taxa de cruzamento.

A escolha do modelo a ser empregado para estimação dos parâmetros do sistema reprodutivo pode ser baseada em alguns fatores como o agente polinizador (vento, insetos, etc.), a fenologia do florescimento e a maneira pela qual as sementes das famílias são obtidas (a partir de um fruto ou de mais frutos por planta). Por exemplo, em uma população grande, na qual as plantas produzem poucas flores e/ou os frutos produzem poucas sementes e em que a polinização seja efetuada pelo vento, o modelo de sistema misto de reprodução pode ser mais apropriado, pois a probabilidade de os óvulos das plantas mães serem fecundados por um conjunto de pólen composto de grãos-de-pólen de todos os indivíduos da população é maior. Já no caso das plantas que produzem muitas flores e/ou os frutos produzem muitas sementes e que o agente polinizador é um inseto, essa probabilidade é menor. Em consequência, nos eventos resultantes de fecundação cruzada devem estar envolvidos um ou poucos genótipos paternos; neste caso o modelo biparental pode ser mais adequado (Schoen & Clegg, 1986). Uma boa alternativa é estimar os parâmetros com base em dados de vários locos, ou seja, considerando mais de um loco por população.

Tabela 2. Frequências genótípicas em função dos genótipos dos genitores, com base no modelo de sistema misto de reprodução e no modelo de cruzamento biparental.

Genótipos dos genitores	Genótipos das filhas		
	A_1A_1	A_1A_2	A_2A_2
Modelo de sistema misto de reprodução			
A_1A_1	$s + tp$	tq	0
A_1A_2	$\frac{s}{4} + \frac{tp}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{s}{4} + \frac{tq}{2}$
A_2A_2	0	tp	$s + tq$
Modelo de cruzamento biparental			
$A_1A_1 \times A_1A_1$	1	0	0
$A_1A_1 \times A_1A_2$	$s + \frac{t}{2}$	$\frac{t}{2}$	0
$A_1A_1 \times A_2A_2$	s	t	0
$A_1A_2 \times A_1A_1$	$\frac{s}{4} + \frac{t}{2}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{s}{4}$
$A_1A_2 \times A_1A_2$	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{1}{4}$
$A_1A_2 \times A_2A_2$	$\frac{s}{4}$	$\frac{1}{2}$	$\frac{s}{4} + \frac{t}{2}$
$A_2A_2 \times A_1A_1$	0	t	s
$A_2A_2 \times A_1A_2$	0	$\frac{t}{2}$	$s + \frac{t}{2}$
$A_2A_2 \times A_2A_2$	0	0	1

Fonte: Schoen & Clegg, 1986

Shaw et al. (1981) propuseram a estimação da taxa de cruzamento por meio de dados de vários locos simultaneamente (t_m multilocus). O método é baseado no arranjo de famílias e no emprego de marcadores genéticos codominantes. Ritland & Jain (1981) e Ritland (1990) também propuseram metodologias e programas computacionais para estimações de parâmetros populacionais e do sistema reprodutivo com base em dados de vários locos simultaneamente, empregando-se tanto marcadores genéticos codominantes quanto dominantes. As estimativas da taxa de cruzamento com base em vários locos simultaneamente (t_m multilocus), bem como as baseadas na média das estimativas de cada loco separadamente (t , single locus), além da estimativa do coeficiente de endocruzamento (F), são obtidas por máxima verossimilhança. Também são fornecidas estimativas de t_m para cada família e inferido o genótipo materno.

2.1.2. Biologia floral e sistema reprodutivo de cucurbitáceas

Diferentes tipos de expressão sexual têm sido relatados nas cucurbitáceas. A expressão sexual está sob controle genético, mas é facilmente influenciada por condições climáticas e reguladores de crescimento (Tabela 3) (Robinson et al., 1976).

De todas as cucurbitáceas de importância econômica, o pepino é que apresenta maior variabilidade na expressão sexual, pois, normalmente, ocorrem plantas andromonóicas, andróicas (plantas com somente flores masculinas), ginóicas (plantas com apenas flores femininas), hermafroditas, monóicas e trimonóicas. No melão, a maioria das populações americanas é andromonóica, enquanto que a maioria das populações da Ásia e Índia é monóica, ocorrendo também outras formas de expressão sexual. A melancia e a abóbora apresentam menor variabilidade, sendo que na melancia ocorrem plantas monóicas e andromonóicas, ao passo que na abóbora a maioria das cultivares é monóica (Robinson et al., 1976).

Em bucha (*Luffa acutangula*), a expressão sexual é semelhante à do pepino, ocorrendo plantas monóicas, andromonóicas, ginóicas/ginomonóicas e hermafroditas na proporção de 9:3:3:1 em população F₂ oriunda do cruzamento entre plantas monóicas e hermafroditas (Singh citado por Singh et al., 1996).

A cabaça (*Lagenaria siceraria*), é considerada estritamente monóica, entretanto uma variante andromonóica foi encontrada em uma população segregante, sendo a herança semelhante àquela que ocorre em melancia, ou seja andromonocismo recessivo para monocismo (Singh et al., 1996).

Existem outros genes que afetam a estrutura e fertilidade das flores em cucurbitáceas, como genes que controlam a macho-esterilidade em abóbora, melancia, melão e pepino, e a partenocarpia em pepino (Hexun et al., 1998; Malepszy & Niemirowicz-Szczytt, 1991; Robinson et al., 1976; Zhang et al., 1996).

A expressão sexual em cucurbitáceas é facilmente influenciada por fatores abióticos. Em melancia, a formação de flores femininas é afetada pela temperatura, fotoperíodo e nutrição. Em condições de alta temperatura, dias longos e excesso de nitrogênio, ocorre produção de poucas flores femininas, enquanto que em condições de baixa temperatura e pouca luminosidade, ocorre aborto de flores femininas e baixa taxa de

pegamento de frutos (Sugiyama, 1998). Em pepino, sob condições de dias curtos, baixa temperatura, excesso de nitrogênio e umidade abundante, ocorre aumento na produção de flores femininas, ao passo que com altas temperaturas e condições desfavoráveis de cultivo, a produção de flores femininas diminui (Malepszy & Niemirowicz-Szczytt, 1991).

Tabela 3. Controle genético da expressão sexual em cucurbitáceas.

Expressão Sexual	Gene	Controle Genético Descrição
Abóbora		
Andróica	<i>a</i>	Produz somente flores masculinas. Mutante de <i>C. pepo</i> ⁵
Monóica		Maioria das cultivares são monóicas ¹²
Melancia		
Andromonóica	<i>a</i>	Recessivo para monoícia ⁹
Monóica	<i>A</i>	Dominante para monoícia ⁹
Melão		
Andromonóica	<i>a</i>	Maioria das flores masculinas, poucas flores perfeitas; interage com <i>g</i> ⁹
Andróica	<i>ab</i>	Efeito pleiotrópico sobre a expressão sexual, são convertidas plantas andromonóicas em andróicas ¹
Ginóicas		Resultante de efeitos ambientais em plantas ginomonóicas ⁷
Ginomonóica	<i>g</i>	Maioria das flores femininas, poucas flores perfeitas ⁷
Hermafrodita		Resultante da interação entre os genes <i>a</i> e <i>g</i> , plantas <i>ag</i> produzem exclusivamente flores perfeitas ⁷
Monóica	<i>A</i>	Dominante sobre <i>a</i> ⁹
Trimonóica		Genes complementares que interagem com <i>a</i> e <i>g</i> ³
Pepino		
Andromonóica	<i>m</i>	Plantas são andromonóicas se <i>m</i> +; ++ monóicas; + <i>F</i> ginóicas; <i>mF</i> hermafroditas ⁹
Andróica	<i>a</i>	Produz flores estaminadas se recessivo para <i>F</i> ⁶
Ginóica	<i>F</i>	Alto nível de expressão sexual feminina. Interage com <i>a</i> e <i>M</i> ; modificado por condições ambientais e "background" genético ^{2, 4, 8, 10, 11}
	<i>gy*</i>	Intensifica a expressão sexual feminina. Gene recessivo em relação a <i>F</i> ⁶
	<i>In-F</i>	Aumenta a expressão sexual feminina de plantas <i>F</i> ³
Hermafrodita		Resultante da interação entre os genes <i>m</i> e <i>F</i> ¹²
Monóica	<i>M</i>	Dominante em relação a <i>m</i> ⁹
Trimonóica	<i>Tr</i>	Produz flores masculinas, perfeitas e femininas, nessa sequência durante o desenvolvimento da planta ³

Foster, 1967 ¹; Galun, 1961 ²; Kubicki, 1969 ³; Kubicki, 1965 ⁴; Kubicki, 1972 ⁵; Kubicki, 1974 ⁶; Poole & Grimball, 1939 ⁷; Poole, 1944 ⁸; Rosa, 1928 ⁹; Shiffriss, 1961 ¹⁰; Tkachenko, 1935 ¹¹ citados por Robinson et al., 1976 ¹².

Em relação ao sistema reprodutivo, as cucurbitáceas são consideradas alógamas apesar da ampla variabilidade para expressão sexual e considerável influência ambiental na expressão da mesma. Robinson et al. (1976) relatam que os diferentes tipos de expressão sexual influenciam a taxa de cruzamento natural, ocorrendo tanto cruzamentos quanto autofecundações naturais em pepino e melão.

Allard (1960) relata que em cucurbitáceas, embora sejam monóicas e alógamas, as populações apresentam estruturas mais similares às autógamas do que às alógamas. Isto se deve ao fato de ocuparem grande espaço físico, produzirem frutos grandes e muitas sementes por fruto, acarretando em propagação por meio de poucas sementes, isto é, poucos indivíduos, o que favorece a ocorrência de cruzamentos entre parentes e consequentemente a endogamia.

Kohn & Biardi (1995) estimaram a taxa de cruzamento natural em duas populações de *Cucurbita foetidissima*, cucurbitácea perene e de ocorrência natural nos desertos do sudoeste dos Estados Unidos e nordeste do México. Nas populações estudadas ocorreram dois tipos de expressão sexual: plantas monóicas e plantas ginóicas, as quais compreenderam 32% dos indivíduos nessas populações. As taxas de autofecundação naturais com base em vários locos (s_m) nas plantas monóicas foram similares nas duas populações, sendo em média de 73%. Nas plantas ginóicas, ocorreu uma diferença não significativa nas estimativas de s_m das duas populações, sendo de 40,7% na primeira e de 11,9% na segunda população. Essas estimativas caracterizam um sistema reprodutivo misto ou intermediário entre as autógamas e alógamas.

Mohr (1986) afirma que nas populações andromonóicas de melancia, as flores hermafroditas são visitadas por insetos, ocorrendo polinização eficiente e que por esta razão as flores hermafroditas não favorecem a autopolinização e, em consequência, o andromonocismo não apresenta vantagem em relação ao monocismo quanto à manutenção de linhagens puras. Assim, o autor considera a melancia como uma espécie alógama.

Ferreira et al. (1995 a), ao avaliarem as populações Crimson Sweet, Charleston Gray, New Hampshire Midget, B9, B13, P14 e M7, em casa-de-vegetação, verificaram altas porcentagens de autofecundação naturais nas populações B9 e P14, as quais apresentaram plantas com flores masculinas e hermafroditas, caracterizando andromonocismo. Nas populações Crimson Sweet e New H. Midget as plantas apresentaram flores masculinas,

92% e 97% de flores femininas e 8% e 3% de flores hermafroditas, respectivamente, evidenciando que estas populações são predominantemente monóicas ou trimonóicas, uma vez que apresentaram os três tipos de flores. Nas populações Charleston Gray, B13 e M7 as plantas apresentaram flores masculinas e femininas, tratando-se, portanto, de populações monóicas.

Diante do exposto, mesmo em condições de campo e na presença de insetos polinizadores, acredita-se que é possível a ocorrência de autofecundações naturais em populações andromonóicas de melancia e, a depender das taxas de autofecundações naturais, essas populações podem apresentar um sistema misto de reprodução.

2.2. Variabilidade, parâmetros genéticos e melhoramento de cucurbitáceas

As cucurbitáceas apresentam grande variabilidade genética tanto em relação às características da planta (expressão sexual, cor de flores, hábito de crescimento, coloração e formato de folhas, nanismo, resistência a doenças e pragas, entre outras), como para as características de fruto (peso e formato dos frutos, cor da casca, cor e teor de sólidos solúveis da polpa, cor e tamanho das sementes, etc) (Lopes, 1982; Mohr, 1986; Robinson et al., 1976; Saade, 1995).

Também tem sido constatada variabilidade isoenzimática e ao nível de DNA. Em melancia alguns estudos relatam a variação de sistemas enzimáticos em diferentes tecidos da planta, assim como em diferentes cultivares e acessos de germoplasma (Assis, 1994, 1999; Cao & Zhao, 1994; Navot & Zamir, 1986; Navot et al., 1990; Romão et al., 1992; Zamir et al., 1984; Wang & Zhang, 1988).

Ao nível de DNA, Lee et al. (1996) demonstraram a aplicabilidade da técnica de RAPD em estudos de diversidade genética e discriminação de acessos de germoplasma de melancia, bem como determinaram um grupo de ligação entre o caráter doçura da polpa e marcadores RAPD. Levi et al. (2000) também constataram a aplicabilidade da técnica de RAPD em um estudo de diversidade genética envolvendo 34 acessos introduzidos (PIs) e cinco cultivares comerciais. O primeiro grupo consistiu de três subgrupos, sendo que no primeiro ficaram agrupadas as cinco cultivares comerciais, no segundo os acessos de *C.*

lanatus var. *lanatus* e no terceiro alguns acessos de *C. lanatus* var. *lanatus* que possuem genes de *C. lanatus* var. *citroides*. No segundo agrupamento ficaram alocados os acessos de *C. lanatus* var. *citroides* e no terceiro os de *C. colocythis*.

Estudos de populações tradicionais de melancia coletadas no Nordeste do Brasil, considerado como centro de diversidade (Romão, 1995), têm demonstrado a existência de grande variabilidade para diversos caracteres tais como o formato de grãos de pólen; cor da casca; cor e espessura da polpa; tamanho e formato do fruto; número, cor e peso de sementes; teor de sólidos solúveis; expressão sexual, precocidade, prolificidade e resistência a doenças (Assis, 1994, 1999; Borges et al., 1999; Dias et al., 1989, 1996; Ferreira, 1996; Ferreira et al., 1995 a, b, 1999 a, b; Ferreira & Queiróz, 1994; Queiróz, 1992, 1993; Queiróz et al., 1994, 1996, 1997, 1998, 1999 a, b; Romão, 1995).

Segundo Romão (1995) essa variabilidade genética deve-se à grande amplitude de germoplasma trazido de diferentes partes da África, a forma de cultivo sem o emprego de insumos modernos, a seleção de sementes para o próximo plantio de acordo com o critério e necessidade de cada produtor, a diversidade edafoclimática e aos processos de migração e fluxo gênico que vêm ocorrendo há muitos anos.

Contudo, observa-se grande risco de extinção das populações tradicionais e em consequência de muitos genes úteis para programas de melhoramento. Isto em decorrência da forma atual de manejo dos recursos naturais, aliada às freqüentes secas, inundações devidas à construção de barragens, êxodo rural e fomento à utilização de sementes de variedades melhoradas (Queiróz, 1993).

Com a finalidade de amenizar este problema, a Embrapa Semi-Árido iniciou em 1985 a coleta de germoplasma nos estados da Bahia, Piauí e Pernambuco, e desde então outras expedições de coleta têm sido realizadas (Costa, 1992; Moura & Queiróz, 1997; Queiróz, 1993; Ramos & Queiróz, 1992).

Objetivando possibilitar o emprego desse germoplasma em programas de melhoramento, uma equipe multidisciplinar desta mesma instituição, desenvolve trabalhos de caracterização, multiplicação, conservação e avaliação, com outras pesquisas mais aplicadas ao melhoramento genético. Algumas fontes de resistência foram detectadas em relação ao oídio, micosferela e viroses (Araújo et al., 1987, 1989; Araújo & Souza, 1988; Borges, 1996; Dias et al., 1989, 1996; Dias & Queiróz, 1992; Queiróz et al., 1994; Souza et

al., 1988). O programa de melhoramento visa a obtenção de híbridos que apresentem resistência às principais doenças, assim como precocidade, prolificidade, frutos pequenos, com alto teor de sólidos solúveis, polpa vermelha e número reduzido de sementes. Trabalhos vêm sendo desenvolvidos também, com a finalidade de obter melancias triplóides, sem sementes (Souza et al., 1999).

Em relação aos estudos de ação gênica dos principais caracteres, algumas pesquisas têm sido desenvolvidas tanto no Brasil quanto no exterior. Rhodes & Zhang (1995) fornecem relação de genes que controlam alguns caracteres qualitativos.

Hojo (1989) e Sitolim (1998) estudando a herança de viroses em melancia, verificaram que a resistência ao vírus PRSV-w e WMV-2 é controlada por dois genes recessivos. Provvidenti (1991) detectou que a herança da resistência a ZYMV também é recessiva, porém, monogênica.

Quanto a caracteres quantitativos, foi verificada a presença de efeitos gênicos aditivos em relação ao número de dias para o florescimento feminino, produção de frutos, peso e número de frutos, diâmetro longitudinal de frutos, cor e espessura da polpa, teor de sólidos solúveis e peso de 100 sementes (Brar & Sidhu, 1977; Brar & Sukhija, 1977; Ferreira, 1996; Gill & Kumar, 1988; Partap et al., 1984; Sachan & Nath, 1976; Sidhu et al., 1977a; Vashistha et al., 1984) (Tabela 4). Entretanto, a existência de efeitos gênicos não aditivos também foi detectada para o número de dias para o florescimento feminino, produção de frutos, peso e número de frutos, teor de sólidos solúveis e peso de sementes (Brar & Sidhu, 1977; Dyutin & Prosvirnin, 1979; Ferreira, 1996; Gill & Kumar, 1988; Partap et al., 1984; Sachan & Nath, 1976; Sharma & Choudhury, 1988 a,b; Sidhu et al., 1977b).

Os caracteres dias para colheita, peso da polpa por fruto, diâmetro transversal de frutos e número de sementes por fruto, também apresentaram efeitos gênicos não aditivos (Brar & Sidhu, 1977; Brar & Sukhija, 1977; Dyutin & Prosvirnin, 1979; Ferreira, 1996; Sidhu et al., 1977a) (Tabela 4).

Quanto a estudos de herdabilidade e progresso genético pouco tem sido realizado. Foram detectadas altas estimativas de herdabilidade para alguns caracteres de planta e de fruto, tais como: comprimento do ramo principal, número de ramos secundários por planta, nó no qual nasceu a primeira flor feminina, número de dias para 50% do

florescimento feminino, proporção da expressão sexual, peso de frutos, número de frutos por planta, teor de sólidos solúveis, número de sementes por quilo de polpa e também por fruto e peso de 100 sementes. Todavia, em relação ao número de dias para a primeira colheita e a produção de frutos por planta foram constatadas baixas estimativas de herdabilidade. Quanto ao progresso genético esperado, estimativas superiores a 12% por ciclo de seleção foram mensuradas para esses caracteres, exceto para o número de dias para 50% do florescimento feminino (ganho genético esperado de 4,8%) (Prasad et al., 1988; Rajendran & Thamburaj, 1994; Thakur & Nandpuri, 1974; Vashistha et al., 1983). Em contraste com os resultados citados anteriormente, Sidhu et al. (1977a), observaram baixas estimativas de herdabilidade para os caracteres número de ramos secundários por planta e teor de sólidos solúveis, assim como para a produção de frutos por planta.

Tabela 4. Ação gênica detectada em alguns caracteres quantitativos de melancia.

Caracteres	Ação gênica
Florescimento feminino	não aditiva ^{1, 4} aditiva ^{5, 6, 7}
Dias para colheita	não aditiva ¹ aditiva ^{2, 5, 6}
Produção de frutos	não aditiva ^{7, 10} aditiva ^{1, 4, 12}
Número de frutos	não aditiva ^{5, 6, 7, 8, 10} aditiva ^{1, 4, 6, 7, 10}
Peso de frutos	não aditiva ^{5, 8, 12} aditiva ¹⁰
Peso da polpa por fruto	não aditiva ¹⁰ aditiva ⁴
Diâmetro longitudinal de frutos	aditiva ⁴ não aditiva ⁴
Diâmetro transversal de frutos	não aditiva ⁴ aditiva ⁴
Cor e espessura da polpa	aditiva ^{1, 2, 4, 7} não aditiva ^{9, 11}
Teor de sólidos solúveis	não aditiva ^{9, 11} aditiva ^{1, 3, 4}
Número de sementes	aditiva ³ não aditiva ^{4, 10}
Peso de sementes	não aditiva ³ aditiva ^{4, 10}
Peso de 100 sementes	aditiva ^{4, 10}

¹Brar & Sidhu, 1977; ²Brar & Sukhija, 1977; ³Dyutin & Prosvimin, 1979; ⁴Ferreira, 1996; ⁵Gill & Kumar, 1988; ⁶Partap et al., 1984; ⁷Sachan & Nath, 1976; Sharma & Choudhury, 1988 a⁸; b⁹; Sidhu et al., 1977 a¹⁰; b¹¹; ¹²Vashistha et al., 1984.

Em se tratando das espécies de *Cucurbita*, foi observada grande variabilidade genética nas populações de abóboras e jerimums coletadas no Nordeste do Brasil, em relação às características de fruto, como por exemplo a cor da polpa, cavidade interna, tamanho e formato do fruto e cor da casca (Queiróz, 1993).

Com o objetivo de caracterizar morfologicamente acessos do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Semi-Árido, Ramos (1996) avaliou vinte e dois descritores e também verificou a existência de grande variabilidade genética. Alguns acessos, além disso, mostraram caracteres específicos, tais como precocidade, maior teor de sólidos solúveis, maior espessura da polpa, maior e menor peso de frutos e alto teor de matéria seca, os quais podem integrar estratégias de melhoramento.

Frota et al. (1998), ao avaliarem a produção e qualidade de frutos de linhagens de jerimum caboclo e jerimum de leite, selecionadas de populações nordestinas, verificaram diferenças significativas para o número de frutos por planta, relação de forma, espessura da polpa e matéria seca. Quanto ao peso médio de frutos, produtividade, rendimento de polpa, teor de sólidos solúveis, coloração da epiderme e da polpa, não foram observadas diferenças significativas; apesar disso, as linhagens apresentaram variabilidade para esses caracteres.

Com o objetivo de demonstrar o papel de raças locais como fonte de germoplasma para o melhoramento visando resistência a fatores bióticos e abióticos, Labrada et al. (1998) avaliaram 34 raças de *C. moschata* de diferentes origens cubanas. Observaram alta variabilidade genética e indicaram o emprego desse germoplasma em programas de melhoramento.

A investigação sobre a ação gênica em caracteres de importância agrônômica e econômica, tem sido realizada em algumas espécies de *Cucurbita*. Em relação aos caracteres comprimento do ramo principal, número de ramos laterais, dias para o florescimento masculino e feminino, dias para maturidade dos frutos, formato do fruto e teor de sólidos solúveis, foi observada a existência de ação gênica não aditiva, ao passo que nos caracteres peso de 100 sementes e tamanho, largura e cavidade interna do fruto, foi verificada a presença de ação gênica aditiva. Todos esses caracteres, exceto o número de ramos laterais e o número de dias para o florescimento masculino e feminino, apresentaram altas estimativas de herdabilidade, assim como a produção de frutos por planta, número e peso de frutos, espessura da polpa, teor de betacaroteno e número de sementes. Foram constatadas,

também, ~~altas~~ estimativas do progresso genético esperado para os caracteres comprimento do ramo principal, produção de frutos por planta, número e peso de frutos, teor de sólidos solúveis e de betacaroteno e número de sementes (Doijode & Sulladmrth, 1985; Doijode & Sulladmath, 1986, 1988; Hassan et al., 1984; Kumaran et al., 1997; Rana et al., 1986).

Maluf et al. (1985), verificaram que a resistência ao vírus WMV-1 em abóbora é controlada por genes com ação predominantemente aditiva e que as herdabilidades no sentido amplo na geração F_2 foram de 0,69; 0,67 e 0,58 para 14, 21 e 28 dias após a inoculação. As herdabilidades no sentido amplo e no sentido restrito foram similares devido à predominância de ação gênica aditiva. As estimativas do ganho genético variaram de 41,9% a 38,1%, quando considerada seleção massal praticada antes do florescimento de plantas com altos níveis de resistência. A hipótese de controle monogênico não foi rejeitada pelo teste de χ^2 .

Com o objetivo de estudar a herança da resistência ao vírus ZYMV, Paran et al. (1989) estudaram as gerações segregantes oriundas do cruzamento entre *Cucurbita maxima* e *C. ecuadorensis*. Verificaram que o efeito gênico aditivo apresentou maior contribuição para a resistência e que a herdabilidade no sentido restrito foi de 0,91. Constataram que a seleção empregando o método ELISA e a seleção visual, apresentaram alta correlação positiva (0,76), demonstrando a eficiência deste primeiro método nas avaliações para resistência ao vírus.

Foram estudadas características de fruto no cruzamento entre *C. pepo* cv. eskandarany e *C. moschata*. O caráter fruto curto de *C. pepo* foi parcialmente dominante sobre fruto longo em *C. moschata* e as herdabilidades no sentido amplo e restrito para comprimento do fruto foram de 0,8 e 0,5, respectivamente. O número de genes controlando cada caráter foi de um a dois para peso de frutos, 14 para comprimento do fruto, 6 para largura do fruto e um para formato do fruto e peso de sementes (Hassan et al., 1984).

Em melão, maior contribuição de efeitos gênicos aditivos foi detectada para os caracteres peso de frutos, teor de sólidos solúveis, textura da polpa, quantidade de polpa, espessura da casca e cavidade interna. Entretanto, foi observada também a presença de efeitos gênicos não aditivos para o peso de frutos e o teor de sólidos solúveis, bem como

para o formato do fruto. Estimativas moderadas a altas de herdabilidade foram detectadas para esses caracteres, assim como para o número de frutos por ramo, espessura da polpa e produção de frutos por ramo, indicando que genótipos superiores podem ser selecionados com base no fenótipo (Kalb & Davis, 1984; Lopes, 1991; Vijay, 1987). Estimativas moderadamente altas de herdabilidade têm sido relatadas para características de fruto de melão (Davis et al. e Lippert & Legg citados por Kalb & Davis, 1984).

Lopes (1991), ao estudar cinco cultivares de melão, verificou que a formação de gomos foi dominante sobre a não formação; o rendilhamento de frutos apresentou dominância parcial; a coloração verde da casca foi dominante sobre a amarela nos cruzamentos dentro do grupo botânico *inodorus*, amarela foi dominante sobre o verde nos cruzamentos entre o grupo *inodorus* e o *reticulatus* ou *cantalupensis* e a coloração alaranjada da polpa apresentou dominância sobre a branca.

Paiva et al. (1998) estimaram a variabilidade genética, herdabilidade e correlação entre oito características de planta e de fruto, em 29 linhagens de melão obtidas por autofecundações dos grupos *reticulatus*, *cantalupensis*, *inodorus* e *mormodica*. Os valores mais altos de variação fenotípica e genotípica foram observados para a porcentagem de frutos produzidos até 70 dias (concentração) e para o número de dias da polinização até a maturação do fruto (maturidade). As herdabilidades foram superiores a 0,8 para o número de dias da semeadura até a colheita do primeiro fruto (frutificação), maturidade e peso médio do fruto. As estimativas das correlações genotípicas e fenotípicas foram inferiores a 0,5, exceto para os caracteres frutificação x número de frutos e concentração x número de frutos.

O pepino é uma das espécies de cucurbitáceas que é mais estudada do ponto de vista genético e do melhoramento. Na literatura são relatados estudos que envolvem desde a investigação da base genética de caracteres qualitativos até a avaliação de processos de seleção recorrente. Seleção recorrente usando progênies de meios-irmãos, irmãos germanos e autofecundadas têm sido eficientes em melhorar a produção de pepino (Cramer & Wehner, 1998 a,b; Cramer & Wehner, 1999; Nienhuis & Lower, 1988; Paiva, 1996; Wehner & Cramer, 1996 a, b). Nas demais espécies desta família são praticamente inexistentes estudos que tratam de seleção recorrente.

A herdabilidade tem sido averiguada em relação a alguns caracteres de pepino, como por exemplo para a resistência a *Rhizoctonia solani* (0,24), dias para a colheita (0,68), produção de frutos por planta (0,32), peso de frutos (0,58 a 0,63), número de frutos tipo extra (0,48), número de frutos tipo um (0,38), número de frutos tipo dois (0,20), número total de frutos (0,19) e peso de sementes (0,26 a 0,56). (Globerson et al., 1987; Owens et al., 1985; Paiva, 1997; Sloane et al., 1985). Sloane et al. (1985) também verificaram que a estimativa do ganho esperado para resistência a *Rhizoctonia solani* com base na seleção recorrente fenotípica, com e sem controle dos pais, foi respectivamente de 3,6% e 1,6%.

Com o objetivo de comparar a eficiência da seleção recorrente no aumento do número de frutos por planta e observar se respostas correlacionadas causaram mudanças em outros caracteres como a produção de frutos, florescimento e qualidade do fruto, Nienhuis & Lower (1988) obtiveram duas populações de pepino, uma ginóica sintética (GS) e outra semi-exótica (HSE). A seleção recorrente com base em progênes autofecundadas apresentou resposta direta e indireta no aumento do número de frutos, enquanto que a seleção recorrente de irmãos germanos não apresentou resposta no incremento deste caráter. A seleção de progênes autofecundadas teve o dobro de eficiência do que a seleção de irmãos germanos para o aumento do caráter. Respostas correlacionadas influenciaram no aumento do número de dias para a colheita na população GS e na redução da porcentagem de plantas ginóicas e flores femininas na população HSE.

Segundo Paiva (1996), a produção comercial de pepino na região tropical úmida da Amazônia é limitada pela alta incidência de doenças, altas temperaturas do ar e fotoperíodos curtos. Com o intuito de aumentar a produção e a adaptação dessa olerícola na referida região, foram conduzidos 3 ciclos de seleção recorrente entre famílias de meios-irmãos de uma população resultante de inter cruzamentos entre cultivares e híbridos comerciais com tipos locais. Na comparação entre o primeiro e o último ciclo de seleção foi verificado ganho positivo de até 138,1% para o número de frutos por planta e de 94,3% para a produção de frutos por planta. A maioria das progênes apresentou valor alto para o número de frutos por planta, superando significativamente as médias de duas testemunhas comerciais. Os resultados obtidos indicaram que a seleção recorrente com progênes de meios-irmãos foi eficiente para melhorar o número e a produção de frutos, além de

melhorar o período produtivo, proporcionando maior sobrevivência, mesmo sem aplicação de fungicidas.

Com a finalidade de **avaliar** o ganho genético para o formato do fruto e a produção de frutos em nove ciclos de seleção recorrente entre progênies de meios-irmãos de pepino, Wehner & Cramer (1996 a) avaliaram a produção total (número de frutos por parcela), produção precoce (número de frutos na primeira colheita por parcela), produção comercial (número de frutos com características comerciais por parcela), formato do fruto e um índice obtido pela combinação dos caracteres de produção com respectivos pesos. Verificaram que a produção precoce e o formato do fruto apresentaram maiores ganhos genéticos nas três populações (média de 65% e 14% respectivamente), enquanto que a produção comercial não apresentou ganho. Em um estudo similar Wehner & Cramer (1996 b), verificaram ganhos genéticos em todas esses caracteres.

Cramer & Wehner (1998 a) verificaram que a seleção recorrente entre progênies de meios-irmãos de pepino promoveu incremento no número de frutos comerciais (ganho de 34%) e na produção precoce (ganho de 50%), porém não ocorreu aumento no número de frutos por parcela e os caracteres número de ramos por planta e a porcentagem de flores femininas mantiveram-se constantes nos diferentes ciclos de seleção. Em relação às correlações entre caracteres de produção, 43% das correlações foram baixas nos diferentes ciclos de seleção, 21% foram altas e moderadamente altas e outras foram baixas inicialmente, aumentando com a seleção. Em geral, a produção comercial foi positivamente correlacionada com a produção total e a produção precoce. De todos os componentes estudados, apenas a proporção de flores femininas foi indicada para ser utilizada na seleção indireta visando a produção de frutos.

Ao investigar o desempenho de híbridos de pepino para o formato de frutos e a produção de frutos em populações submetidas a seleção recorrente com base em progênies de meios-irmãos, utilizando uma cultivar comercial como testadora, Cramer & Wehner (1998 b) verificaram que a maioria das populações foi superior ao testador em relação a estes caracteres. As duas melhores plantas F_1 foram selecionadas, originando 11 progênies, as quais foram comparadas com mais duas cultivares comerciais. Algumas progênies foram superiores aos testadores para produção total, produção precoce, produção comercial e formato de fruto.

Cramer & Wehner (1999) ao estudarem o desempenho de híbridos de pepino, obtidos de linhagens endogâmicas, empregando um testador comum, verificaram que não houve incremento para a maioria dos caracteres de produção durante os ciclos de seleção. Entretanto, em alguns casos foram observados ganhos para a produção e o formato do fruto, apesar de a maioria dos casos não ter apresentado média superior ao do testador.

Em *Luffa cylindrica*, Prasad et al. (1984) observaram estimativas altas de herdabilidade para o comprimento do internódio (0,9), número de flores masculinas (0,1) e femininas (0,1) por ramo, período de florescimento (0,1), comprimento do fruto (0,9), diâmetro do fruto (0,9) e produção por planta (0,1). O máximo de ganho genético esperado foi detectado para o número de flores masculinas e femininas e o número de frutos por planta.

Sahni et al. (1987), ao estudarem populações de *Luffa acutangula*, verificaram que as diferenças entre as variâncias genotípicas e fenotípicas foram muito baixas para os caracteres número de frutos por ramo, peso de frutos, número de flores femininas por ramo e número do nó no qual nasceu a primeira flor feminina, indicando que esses caracteres podem ser melhorados através de esquemas simples de seleção. Todos esses caracteres, bem como o comprimento do ramo principal, o número de dias para o aparecimento da primeira flor masculina e feminina, o número de ramos secundários, o número de sementes por fruto, o peso de 100 sementes e a produção de frutos, apresentaram altas estimativas de herdabilidade e ganho genético esperado, ao passo que os caracteres diâmetro e comprimento do fruto apresentaram baixas estimativas (Sahni et al., 1987; Varalakshmi et al., 1995).

Em *Lagenaria siceraria*, Sirohi et al. (1986) verificaram que componentes devidos à dominância foram superiores aos componentes aditivos nos caracteres comprimento do ramo principal, dias para a primeira colheita, número de frutos por planta, peso de frutos e produção total por planta, ocorrendo o inverso para o número de dias para o aparecimento da primeira flor masculina e feminina, comprimento e diâmetro do fruto. As estimativas de herdabilidade no sentido restrito foram altas para o número de dias para o aparecimento da primeira flor masculina e feminina, comprimento e diâmetro do fruto, número de frutos por planta e peso de frutos. Já Pitchaimuthu & Sirohi (1997) verificaram maior contribuição de efeitos devidos à dominância e à interação dominância x dominância em características

de fruto, como peso, formato e produção total por planta, indicando que o melhoramento para a produção pode ser feito através de programas de seleção recorrente e hibridização.

Em *Mormodica charantia* a variância genética aditiva foi menor que a devida a dominância para os caracteres comprimento do ramo principal, número de dias para o florescimento feminino, dias para colheita, número de frutos por planta e produção por planta, sendo observado o contrário para o comprimento, o diâmetro e o peso do fruto. As estimativas de herdabilidade no sentido restrito foram moderadamente altas (cerca de 0,5) para o comprimento do ramo principal, número de frutos por planta, comprimento e diâmetro do fruto e peso do fruto (Mishra et al., 1998).

Segundo Yokoyama (1987), a base genética do germoplasma de maxixe coletado no Brasil é bastante estreita, sugerindo a utilização de germoplasma exótico para ampliação desta base. Por outro lado, Paiva (1994) verificou que existe variabilidade suficiente em progênes que apresentam frutos com epiderme sem espículos para ser explorada em programas de melhoramento, detectando altas herdabilidades para o número e produção de frutos.

Paiva (1994), ao avaliar os caracteres comprimento longitudinal do fruto, diâmetro do fruto, espessura da polpa, peso de frutos, número de frutos por planta e produção de frutos por planta, em maxixe, verificou que a contribuição da variância genética entre progênes de meios-irmãos na variância fenotípica total foi baixa apenas para o comprimento longitudinal do fruto, enquanto que para os demais caracteres esta contribuição ultrapassou 40%. Os valores de herdabilidade variaram de 0,2 para o comprimento longitudinal do fruto a 0,7 para a espessura da polpa. O ganho esperado com a seleção de 20% das melhores progênes variou de 1,9% para o comprimento longitudinal do fruto a 20,9% para o número de frutos. As características de fruto (comprimento, diâmetro e espessura da polpa), entretanto, apresentaram baixos ganhos genéticos.

Diante da revisão bibliográfica efetuada, verifica-se que as cucurbitáceas, apesar da grande variabilidade genética e importância sócio-econômica que detêm, são ainda pouco estudadas em termos genéticos e do melhoramento, especialmente em nível nacional.

Sabe-se que na região Nordeste do Brasil existe ampla variabilidade genética em algumas espécies dessa família, inclusive sendo considerada como centro de diversidade, como no caso da melancia. Nessa região é intenso o cultivo de populações tradicionais de

abóboras, buchas, cabaças, jerimuns, maxixes, melancias, melões e morangas, o que favorece a ampliação da variabilidade.

O resgate contínuo desse germoplasma, assim como sua conservação e avaliação em relação aos caracteres de importância econômica, bem como o desenvolvimento de programas de pré-melhoramento e melhoramento genético, é iminentemente necessário, já que a maioria das cultivares disponíveis no mercado brasileiro foi desenvolvida no exterior, assim como as pesquisas. É preciso, contudo, intensificar a investigação do controle genético e da herdabilidade dos principais caracteres e, também, da eficiência de diferentes processos seletivos sobre esses caracteres.

Quanto à coleta, conservação e avaliação de germoplasma, a Embrapa Semi-Árido já desenvolveu ações nesse sentido, tendo sido coletados 867 acessos de abóboras (*Cucurbita moschata*, *C. maxima* e *C. anguria*), 608 de melancias, 115 de melões e 10 de cabaças. Na Embrapa Hortaliças também existe um Banco Ativo de Germoplasma, onde constam diversos acessos de abóboras e melancias. Porém, novas expedições de coleta deverão ser realizadas com o objetivo de abranger outras regiões do Nordeste brasileiro (Queiróz, 1998).

As técnicas de marcadores bioquímicos e moleculares constituem grandes aliadas, uma vez que podem auxiliar nos estudos de estrutura e variabilidade genética de populações, na caracterização e avaliação de germoplasma, na formação de coleções nucleares e na identificação de grupos heteróticos.

2.3. Melhoramento genético em populações com sistema misto de reprodução

O melhoramento genético tem como objetivo final a obtenção de cultivar melhorada que seja superior às existentes em relação aos principais caracteres de interesse, em um menor tempo e com custo mínimo. Métodos de seleção são empregados para esse fim; porém, durante o processo seletivo o melhorista precisa identificar quais populações são as mais favoráveis para atingir suas metas.

As populações podem ser estudadas em relação às suas propriedades intrínsecas através de parâmetros genéticos que envolvem média, variância genética, coeficientes de herdabilidade e correlações genéticas entre caracteres de interesse, bem como pelo estudo

do potencial da população *per se* e em cruzamentos. Nesses estudos são distinguidas as proporções das estimativas que são devidas a causas genéticas e não genéticas. Da fração genética são identificadas as proporções decorrentes de fatores gênicos aditivos, dominantes e epistáticos. A decomposição da variância genética, considerando diferentes níveis de endogamia, tem sido realizada por meio de medidas de parentesco e de covariâncias entre parentes.

2.3.1. Variância genética e covariâncias entre parentes

Os primeiros estudos de decomposição da variância genética foram realizados para populações alógamas, sem considerar diferentes níveis de endogamia (Fisher, Wright, Cockerham, Kempthorne citados por Fernandes, 1990). Esses conceitos podiam ser aplicados em espécies com sistema misto de reprodução, caso fossem consideradas algumas restrições, como por exemplo a frequência dos genes segregantes igual a 0,5 ou a inexistência de efeitos devidos à dominância (Cockerham, 1983). O desenvolvimento de modelos genéticos considerando indivíduos aparentados e qualquer frequência alélica, nível de endogamia e parentesco foi, inicialmente, realizado por Harris (1964).

Ghai (1982), um dos pioneiros na pesquisa de uma metodologia para examinar populações com sistema misto de reprodução, analisou a variância de indivíduos e as covariâncias entre parentes em uma população diplóide em equilíbrio de endogamia, variando as taxas de autofecundação. Deduziu a expressão da variância genética, decompondo-a em aditiva e dominante; as covariâncias entre o genitor e seus filhos; entre irmãos germanos e entre meios-irmãos. Analisou o efeito do sistema misto de reprodução sobre a variância aditiva e dominante, considerando dominância completa e parcial. No caso de dominância completa, quando a proporção de indivíduos recessivos é inicialmente $\frac{1}{4}$ ou menos ($p_2 \leq 0,5$, sendo p_2 a frequência do alelo que diminui a expressão do caráter), este autor verificou que a variância aditiva aumenta com o aumento da taxa de autofecundação na população. Quando indivíduos recessivos e dominantes são igualmente frequentes na população inicial ($p_2=0,5$), a variância aditiva diminui com o aumento da taxa de autofecundação até 50% e depois aumenta. Quando há um excesso de indivíduos recessivos na população, ou seja quando $p_2=0,5$, a variância aditiva diminui com o aumento

da taxa de autofecundação. A variância de dominância é simétrica quando $p_1=p_2=0,5$. Para valores baixos ($p_2 \leq 0,5$) e altos ($p_2 \geq 0,9$), a variância de dominância aumenta inicialmente, mas diminui quando a taxa de autofecundação é maior ou igual a 0,5. Para $p_2=0,5$ a variância de dominância diminui com o aumento da taxa de autofecundação.

O modelo desenvolvido por Ghai (1982) sofreu algumas críticas por parte de Cockerham & Weir (1984) em relação ao fato de o modelo ser limitado a um loco com dois alelos, a taxa de autofecundação ser constante, não considerar as consequências da variação na taxa de endogamia sobre as variâncias e covariâncias e não determinar as relações entre as covariâncias e o ganho permanente.

Desta forma, Cockerham & Weir (1984) desenvolveram um modelo mais completo, que considera qualquer número de locos e alelos e variação na taxa de endogamia entre indivíduos dentro da população, excluindo, contudo, a epistasia e a ligação gênica. Além disto, analisaram os componentes das covariâncias determinados por Ghai (1982) em termos de um modelo mais geral. Com base no modelo $G_{ijk} = a_{ij} + a_{ik} + d_{ik}^j$, que representa o efeito genético (G_{ijk}) de um loco i que possui os alelos j e k , de um indivíduo não endógamo, e onde os termos a referem-se aos efeitos aditivos e d ao efeito de dominância, foram determinados os componentes quadráticos que compõem a variância genética de uma população (Tabela 5). Considerando estes componentes quadráticos, a variância genética total é igual a:

$$\sigma_G^2 = (1+F)\sigma_A^2 + (1-F)\sigma_D^2 + 4FD_1 + FD_2^* + F(1-F)H^* + (\tilde{F}-F^2)(H^2-H^*) \quad (5)$$

sendo:

F = coeficiente de endogamia de Wright (Expressão 1)

Quando $F = 0$, no caso das espécies alógamas $\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2$

No caso das espécies autógamias, quando $F = 1$, tem-se $\sigma_G^2 = 2\sigma_A^2 + 4D_1 + D_2^*$

σ_A^2 = variância aditiva;

σ_D^2 = variância de dominância;

D_1 = covariância entre efeitos aditivos e de dominância nos homozigotos;

D_2^* = variância dos efeitos de dominância dos homozigotos;

H^* = soma dos quadrados da depressão endogâmica de cada loco;

H^2 = quadrado da soma da depressão endogâmica de cada loco;

$\tilde{F} = \frac{F(1+2F)}{2+F}$ = coeficiente de endogamia conjunto para dois locos.

Tabela 5. Componentes quadráticos que compõem a variância genética em populações com sistema misto de reprodução.

Componentes da variância genética	Componentes quadráticos	
	Um loco	Vários locos
Variância aditiva	$2\sigma_{ai}^2 = 2\sum_j p_{ji}a_{ji}^2$	$\sigma_A^2 = \sum_i 2\sigma_{ai}^2$
Variância de dominância	$\sigma_{di}^2 = \sum_j \sum_k p_{ji}p_{ki}(d_{ji}^j)^2$	$\sigma_D^2 = \sum_i \sigma_{di}^2$
Depressão endogâmica	$h_i = \sum_j p_{ji}d_{ji}^j$	$H^2 = \left(\sum_i h_i\right)^2$ $H^* = \sum_i h_i^2$
Covariância a_j e d_j^j	$d_{1i} = \sum_j p_{ji}a_{ji}d_{ji}^j$	$D_1 = \sum_i d_{1i}$
Variância d_j^j	$d_{2i} = \sum_j p_{ji}(d_{ji}^j)^2$	$D_2 = \sum_i d_{2i}$

p_{ji} = frequência do alelo j no loco i

Fonte: Cockerham & Weir, 1984

Na ausência de alelos múltiplos, a variância de dominância torna-se igual à soma dos quadrados da depressão endogâmica de cada loco, isto é $\sigma_D^2 = H^*$. A presença das componentes D_1 , D_2^* e H^* depende da existência de indivíduos endogâmicos na população, e destas, apenas D_1 pode ser negativa a depender das frequências gênicas (p) e dos efeitos de dominância (d), já que corresponde a uma covariância entre efeitos aditivos e de dominância nos homozigotos. Quando $p = 0,5$ as componentes D_1 e D_2^* são iguais a

zero; quando $p < 0,5$, ou seja, em populações pouco melhoradas, a componente D_1 tende a ser negativa e por conseguinte quando $p > 0,5$ a componente D_1 é positiva, isto quando a dominância é positiva.

Cockerham & Weir (1984) propõem a obtenção de quatro tipos de progênes na população em estudo e a avaliação das progênes e das plantas mães, a fim de que seja possível a obtenção das estimativas dos componentes quadráticos. Assim, com esses dados é possível obter as covariâncias: C_1 = covariância entre pais e filhos cruzados; C_2 = covariância entre pais e filhos autofecundados; C_3 = covariância entre irmãos autofecundados; C_4 = covariância entre irmãos autofecundados e cruzados; C_5 = covariância entre irmãos germanos e C_6 = covariância entre meios-irmãos. Após a obtenção das medidas de parentesco em função do coeficiente de endogamia (F) e as substituições dos coeficientes estimados nas expressões das covariâncias entre parentes, foram obtidas as expressões das covariâncias, as quais se encontram na Tabela 6.

De posse das seis covariâncias e do valor do coeficiente F , torna-se possível estimar as componentes que compõem a variância genética, sendo:

$$\hat{\sigma}_A^2 = \left(\frac{4}{1+F} \right) \hat{C}_6 \quad (6)$$

$$\hat{\sigma}_D^2 = \left[\frac{4}{(1+F)^2} \right] (\hat{C}_5 - 2\hat{C}_6) \quad (7)$$

$$\hat{D}_1 = \left(\frac{4}{1+7F} \right) (\hat{C}_1 + \hat{C}_4 - 4\hat{C}_6) \quad (8)$$

O componente H^2 não pode ser estimado diretamente, sendo mensurado a partir das médias das progênes obtidas por cruzamento e das obtidas por autofecundação, então:

$$\hat{H} = \left(\frac{2}{1+F} \right) (m_o - m_s) \quad (9)$$

$$\hat{H}^2 = \hat{H}^2 - \left[\frac{4}{(1+F)^2} \right] (\sigma_{mo}^2 + \sigma_{ms}^2) \quad (10)$$

A expressão 9 fornece o efeito da depressão endogâmica total, sendo que $(m_o - m_s)$ corresponde à depressão endogâmica observada, ao passo que a expressão 10 corresponde a uma estimativa não tendenciosa de H^2 e σ_{mo}^2 e σ_{ms}^2 são as variâncias de erros experimentais das médias das progênies cruzadas e autofecundadas, respectivamente. As componentes $\hat{D}_2^*$ e $\hat{H}^*$ são estimadas ajustando-se as covariâncias $\hat{C}_2$ e $\hat{C}_3$ para os quatro componentes já estimados.

Tabela 6. Coeficientes dos componentes quadráticos das covariâncias entre parentes em populações com sistema misto de reprodução.

Covariância	σ_A^2	σ_D^2	D_1	D_2^*	H^*	$H^2 - H^*$
C_1	$\frac{1}{2}(1+F)$	0	F	0	0	0
C_2	$1+F$	$\frac{1}{2}(1-F)$	$\frac{1}{2}(1+7F)$	F	$\frac{1}{2}[F(1-F)]$	$\frac{F(1-F^2)}{2(2+F)}$
C_3	$1+F$	$\frac{1}{4}(1-F)^2$	$1+3F$	$\frac{1}{8}(1+7F)$	$\frac{1}{4}[F(1-F)]$	$\frac{F(1-F^2)}{4(2+F)}$
C_4	$\frac{1}{2}(1+F)$	0	$\frac{1}{4}(1+3F)$	0	0	0
C_5	$\frac{1}{2}(1+F)$	$\left[\frac{1}{2}(1+F)\right]^2$	0	0	0	0
C_6	$\frac{1}{4}(1+F)$	0	0	0	0	0

Fonte: Cockerham & Weir, 1984

Cockerham & Weir (1984) argumentam, ainda, que todos os componentes quadráticos são necessários para expressar as variâncias e covariâncias entre parentes e que estes componentes são essenciais na avaliação e escolha das estratégias de seleção. Consideram, também, as dificuldades existentes para avaliação de plantas mães e obtenção simultânea de progênies autofecundadas e cruzadas, principalmente porque cruzamentos controlados geralmente afetam o comportamento das plantas mães.

2.3.2. Métodos de seleção e progressos genéticos

As espécies que apresentam sistema misto de reprodução, normalmente, têm sido consideradas, em programas de melhoramento de populações, como autógamas ou alógamas, a depender de a taxa de autofecundação ou de cruzamento ser mais próxima de uma categoria ou de outra. O fator decisivo, nesse caso, é a taxa de cruzamento natural, fenômeno necessário para promover a recombinação. Além disso existe uma série de limitações, entre elas a indisponibilidade, até há pouco tempo atrás, de expressões que fornecessem estimativas de progressos genéticos, levando-se em conta a endogamia existente entre os indivíduos.

Na década de 80, Wright & Cockerham (1985, 1986) e Pereira (1989) deram um grande impulso no aprimoramento de estimativas de progressos genéticos que podem ser aplicadas a essas espécies, sendo que Crisóstomo (1989) fez aplicação prática em algodão. Na década de 90, Resende et al. (1995) também realizaram estudos visando estimativas de componentes genéticos e de progresso genético.

Vale ressaltar que, em decorrência de as espécies com sistema misto de reprodução demorarem mais do que uma geração de polinização aberta para retomarem ao equilíbrio, existem dois tipos de ganho genético pela seleção: (a) Ganho imediato, que equivale ao progresso na geração imediatamente após a geração de seleção; (b) Ganho permanente, que corresponde ao progresso atingido quando a população selecionada retorna ao equilíbrio. Segundo Wright & Cockerham (1985) o ganho permanente, que é retido pelos descendentes distantes, é mais importante que o ganho imediato, o qual pode ser perdido com o avanço das gerações.

Existe também o ganho transiente, o qual equivale à porção do ganho imediato que é perdida, sendo estimada pela diferença entre as covariâncias definidas para a primeira geração após a seleção e para a geração de equilíbrio. Este ganho pode surgir através de seleção de efeitos de dominância dentro de grupos de indivíduos com um coeficiente comum de endogamia (contribuições de σ_D^2 , D_1 e D_2^*), através de mudanças na média da população causada pela seleção entre grupos (H^* e H^2) e, no caso de seleção de famílias, por mudanças no sistema de obtenção das progênes. Para a maioria dos tipos de seleção, é

esperado que o ganho transiente seja positivo, contudo para seleção de famílias autofecundadas geralmente é negativo (Wright & Cockerham, 1986).

De acordo com Wright & Cockerham (1985), as respostas dos ganhos imediatos e permanentes são distintas em decorrência das contribuições diferenciadas dos componentes quadráticos da variância genética, exceto da variância aditiva. Na presença de depressão endogâmica, a seleção tende a favorecer indivíduos menos endogâmicos, implicando em descendentes que são menos endogâmicos que a média populacional. Assim, o ganho imediato é resultante, parcialmente, de mudanças que ocorrem no coeficiente de endocruzamento (F), e neste caso estão presentes os componentes da depressão endogâmica H^* e H^2 . Como o coeficiente F é afetado temporariamente, esses componentes não estão presentes nas covariâncias envolvidas no ganho permanente. A contribuição inicial da variância σ_D^2 também é devida a um efeito transiente similar resultante da seleção de heterozigotos dentro de grupos endogâmicos; em consequência essa componente também não influencia a resposta do ganho permanente. Já as componentes D_1 e D_2^* participam de modo diferenciado no ganho imediato e permanente, devido à perturbação do equilíbrio de endogamia.

Wright & Cockerham (1985) formularam as respostas esperadas, imediatas e permanentes, com a seleção massal usando as covariâncias entre parentes e os componentes quadráticos dados por Cockerham & Weir (1984). A covariância entre pais e filhos foi denominada por eles como C_p : C_{PO} = covariância entre pais e filhos oriundos de cruzamento; C_{PS} = covariância entre pais e filhos oriundos de autofecundação. Consideraram, também, dois métodos de seleção massal: (a) Seleção após a reprodução, método mais usual em culturas anuais e se caracteriza por ser o pólen oriundo de indivíduos não selecionados; (b) Seleção antes da reprodução, método mais comum em culturas perenes, nas quais os indivíduos podem ser mantidos após a avaliação e se caracteriza pelo fato de apenas os indivíduos selecionados serem reproduzidos.

Para uma avaliação detalhada, Wright & Cockerham (1985) assumiram o modelo de dois locos para avaliação dos componentes quadráticos, com vários valores de frequências alélicas (p), níveis de dominância (d) e com número de alelos (n) igual a 100. Com este modelo $H^2 = n\sigma_D^2$, podendo ser maior do que as outras componentes quando há muitos locos. A variância σ_A^2 foi maior quando $d = 1$ e $p = 0,1$ e menor quando $d = 1$ e

$p = 0,9$. Quando $p = 0,5$ a variância σ_A^2 também foi alta, independentemente do grau de dominância. Os componentes σ_D^2 , D_2^* e H^2 foram iguais quando $p = 0,1$ e $0,9$. Os maiores valores para os componentes σ_D^2 e H^2 e os menores para D_2^* , foram observados quando $p = 0,5$ e $d = 1$. A componente D_1 foi negativa quando $p < 0,5$ e positiva quando $p > 0,5$, sendo nula quando $p = 0,5$. Foram feitas também simulações considerando o modelo em que as frequências alélicas de cada loco dominante variam uniformemente de 0 a 1 (Modelo A) e para o mesmo modelo quando os efeitos de dominância de 50 locos são positivos e os outros 50 locos são negativos (Modelo B), isto foi feito apenas para remover H^2 . Foi observado que D_1 também é negativa, independentemente da depressão endogâmica (Tabela 7).

Foram obtidas também medidas do ganho permanente, considerando seleção antes da reprodução (G_{s_1}), sendo verificado que aumentos em d ou n , reduzem as proporções retidas e incrementam a depressão endogâmica. As proporções retidas diminuem quando p está entre 0,5 e 0,9 e s entre 0,5 e 0,9. A menor porcentagem de ganho permanente (35,4%) foi observada quando $d = 1$, $n = 100$, $p = 0,9$ e $s = 0,5$. Com valores baixos de p , algumas vezes as porcentagens retidas excedem 100%, implicando que a média da população aumenta durante o retorno ao equilíbrio após a seleção. Isto deve ser improvável na prática, mostrando que o modelo com frequências alélicas altas pode resultar em dados enganosos. Quando as frequências alélicas são distribuídas uniformemente (Modelo A) as proporções retidas são altas, exceto quando $s = 0,5$ e $n = 100$ (51,5%) e $s = 0,9$ e $n = 100$ (50,9%). Sem depressão endogâmica (Modelo B) as proporções retidas são altas e independentes dos valores de s e n . Resultados similares foram obtidos quando se considerou seleção realizada após a reprodução (G_{s_2}), sendo que há mais valores que excedem 100% quando a frequência alélica é baixa. O valor mínimo, com a mesma combinação dos parâmetros citada acima foi 27,6% e no Modelo A foi 44,6 e 49,6%.

Em suma, para estimar o ganho genético devido à seleção realizada após a reprodução (G_{s_2}) é necessário somente considerar que $(1 + s)/2$ dos alelos na geração descendente foram selecionados dos genitores e que esses alelos são distribuídos aleatoriamente entre os descendentes em equilíbrio, independentemente de suas condições endogâmicas. Portanto, o ganho G_{s_2} equivale a:

$$Gs_2 = \left(\frac{1+s}{2} \right) Gs_1 \quad (11)$$

De acordo com os resultados supracitados, Wright & Cockerham (1985) constataram que a magnitude do ganho pode ser transiente e não devida a mudanças no sistema de melhoramento, o que pode ser considerado uma propriedade especial das espécies com sistema misto de reprodução. Além disso, verificaram que ocorreram perdas de ganho genético durante o avanço das gerações de seleção, pois à medida que as frequências alélicas aumentam ocorre redução das proporções retidas. Outro ponto importante deve ser considerado quando a depressão endogâmica é acentuada na população. Neste caso, os indivíduos podem ser selecionados da parte menos endogâmica o que causará aumento temporário da média da população e ganhos transientes, sendo que as respostas reais poderão ser menores do que as preditas.

Tabela 7. Valores simulados de componentes quadráticos com número de locos $n = 100$ para diferentes valores e distribuições de frequências alélicas (p) e graus de dominância (d).

p	d	σ_A^2	σ_D^2	D_1	D_2^*	H^2
0,1	1,0	58,3	3,2	-25,9	23,0	324
	0,6	39,4	1,2	-12,8	8,3	117
	0,2	24,2	0,1	-3,3	0,9	13
0,5	1,0	50,0	25,0	0,0	0,0	2500
	0,6	50,0	9,0	0,0	0,0	900
	0,2	50,0	1,0	0,0	0,0	100
0,9	1,0	0,7	3,2	2,9	23,0	324
	0,6	4,9	1,2	4,5	8,3	117
	0,2	12,7	0,1	2,4	0,9	13
Modelo A		43,6	14,7	-7,1	14,2	1467
Modelo B		43,6	14,7	-7,1	14,2	0

Fonte: Wright & Cockerham, 1985

Wright & Cockerham (1986), posteriormente formularam os ganhos esperados, imediatos e permanentes, para vários tipos de seleção de famílias e testes de progênes. Foram consideradas as famílias: H = famílias de meios-irmãos; F = famílias de irmãos germanos; M = famílias maternas, oriundas de polinização livre; C = famílias oriundas de cruzamentos de pares de plantas, sem exclusão de autofecundação; S = famílias autofecundadas. A formulação do ganho esperado com a seleção, novamente, foi determinada em termos de covariância entre parentes, segundo os modelos e as pressuposições propostas por Cockerham & Weir (1984). Verificaram que a seleção baseada em progênes autofecundadas foi mais eficiente, enquanto que a baseada em progênes de meios-irmãos a menos eficiente. A seleção com base em progênes maternas foi melhor quando a taxa de autofecundação natural era alta.

Com a finalidade de simplificar os esquemas de seleção de famílias sugeridos por Wright & Cockerham (1986) foram estudados outros esquemas por Pereira (1989), com base nas famílias: H = famílias de meios-irmãos; S = famílias autofecundadas; F = famílias de irmãos germanos; M = famílias maternas; C = famílias obtidas por cruzamento, podendo ser famílias de meios-irmãos ou irmãos germanos. As expressões dos coeficientes dos componentes quadráticos foram determinados com base em Cockerham & Weir (1984). Na simulação e comparação dos resultados dos diferentes processos de seleção foi empregado o modelo proposto por Wright & Cockerham (1985,1986), acrescentando-se outros esquemas, como: (A) Obtenção e avaliação de progênes maternas e autofecundadas, com avaliação das plantas mães; (B) Obtenção e avaliação de progênes maternas, autofecundadas e de irmãos germanos; (C) Obtenção de progênes autofecundadas e de irmãos germanos, com avaliações destas e das plantas mães; (D) Obtenção e avaliação de progênes autofecundadas, de meios-irmãos e de irmãos maternos. Foram estudados, também, diferentes processos seletivos com base em famílias, sendo eles: (a) Seleção entre e dentro de famílias; (b) Seleção pelo teste de progênie; (c) Seleção massal após seleção entre famílias.

As progênes que apresentaram melhores resultados com a seleção praticada quando a unidade de seleção equívale a unidade de recombinação, foram as de meios-irmãos, maternas, irmãos germanos e autofecundadas nesta ordem. Em todas as situações estudadas, a seleção massal após a seleção entre famílias superou a seleção dentro de

famílias, possuindo este método a vantagem adicional de a recombinação ser mais eficiente e fácil. Na seleção entre progênes, as combinações que apresentaram melhores resultados foram: a seleção pela média de progênes autofecundadas e maternas com recombinação de progênes autofecundadas e a seleção de progênes autofecundadas com recombinação de progênes autofecundadas. A melhor progênie para unidade de recombinação foi a autofecundada, a segunda foi a progênie materna, porém a vantagem da primeira sobre a segunda diminuiu com o aumento de s (Pereira, 1989).

Crisóstomo (1989) ao utilizar o esquema $\mathcal{A}$ proposto por Pereira (1989), também verificou, em algodão, que ocorreu maior variância entre as progênes autofecundadas, indicando que a seleção entre estas deve ser superior à seleção entre progênes maternas. Concluiu que o emprego dos dois tipos de progênes possibilitou melhor conhecimento da estrutura genética da população e a avaliação de diferentes critérios de seleção. Verificou, ainda, que apesar de o sistema de reprodução da referida população ser do tipo misto, a mesma deve ser tratada mais à semelhança das alógamas do que das autógamias, quando se considera a exploração da variabilidade no melhoramento genético.

Resende & Vencovsky (1992) ao simularem diversas situações em *Eucalyptus*, supondo alogamia, variando as frequências alélicas (0,3 – populações pouco melhoradas; 0,5 – populações com nível intermediário de melhoramento; 0,7 – populações mais melhoradas) e diferentes graus de dominância (0,75; 1,0; 1,25; 1,5 e 1,75), estudaram o progresso genético esperado quando se emprega teste de progênes baseado em progênes de meios-irmãos e baseado em progênes autofecundadas. Observaram, em geral, que a variância aditiva diminui com o aumento das frequências alélicas, evidenciando que populações pouco melhoradas apresentam maior potencial para seleção recorrente. Apesar da alogamia, para avaliar o progresso, a componente D_1 teve de ser considerada pelos autores sempre que a seleção era baseada em progênes endogâmicas. Esta componente foi negativa quando as frequências alélicas estavam, em média, entre 0,3 e 0,5. Os resultados revelaram superioridade da seleção baseada em progênes autofecundadas em relação às de meios-irmãos em todas as situações estudadas, sendo que essa vantagem aumenta à medida que a população vai sendo melhorada. Isto devido ao fato de a componente D_1 ser negativa quando as frequências alélicas são, em média, baixas ou intermediárias.

Todavia, as populações de *Eucalyptus* apresentam sistema misto de reprodução, devendo ser tratadas como tais, já que a suposição de que famílias de polinização aberta equivalem a famílias de meios-irmãos não é necessariamente válida para essas populações.

Desta forma, Resende et al. (1995) visando determinar uma maneira de estimar, de modo aproximado, o progresso genético imediato, utilizaram o modelo genético de Cockerham & Weir (1984) e a metodologia de Wright & Cockerham (1986) para simular esse ganho, considerando diferentes frequências alélicas e graus de dominância, assim como diferentes esquemas de seleção, os quais se baseavam em famílias maternas, uma vez que a obtenção e avaliação de progênies de diferentes tipos é impraticável em espécies perenes. Assim, para estimar esse ganho, Resende et al. (1995) recomendam os coeficientes multiplicadores da variância genética entre progênies maternas $\frac{4}{(1+s)^2}$, $\frac{2(1+s)}{(1+s)^2}$, 1 e $\frac{4}{(1+s)^2} - 1$ para os seguintes esquemas de seleção praticados em ambos os sexos: para seleção individual; com teste de progênie; entre famílias maternas e dentro de famílias maternas, respectivamente. Segundo Resende², esses coeficientes estão sendo considerados em programas de melhoramento dessa espécie. Os progressos assim estimados tendem a ser conservadores.

Vale lembrar que no melhoramento de espécies alógamas são praticados ciclos de seleção recorrente sem intervalos de gerações. Neste sistema, o equilíbrio é permanentemente destruído e as covariâncias, assim como a variância populacional, são afetadas pelo desequilíbrio, implicando que as fórmulas empregadas para estimação dos progressos genéticos permanentes, no caso das populações mistas, não podem ser aplicadas a ciclos subsequentes. Portanto, a utilização de métodos de seleção recorrente em populações que possuem sistema reprodutivo misto deve ser analisada com cuidado, pois quando o coeficiente s é alto, a população é composta, em grande parte, por uma coleção de linhagens endogâmicas; então a taxa de resposta é reduzida após o primeiro ciclo e exaurida após poucos ciclos. Se a taxa s for baixa, a população conterà grande proporção de indivíduos não endogâmicos, o equilíbrio será pouco afetado e as respostas podem continuar por muitas gerações (Pereira, 1989).

² Resende, M.D.V. (Embrapa Florestas). Comunicação pessoal, 2000

2.3.3. Limitações na estimação de parâmetros genéticos e no melhoramento de populações com sistema misto de reprodução

Foi relatado, conforme a literatura, que populações alógamas, autógamas e mistas diferem em termos de estrutura genética, sendo que estas últimas são formadas por plantas com diferentes níveis de endogamia.

Uma das consequências disto é que, em estudos de esquemas de seleção recorrente em populações mistas, deve ser considerada a taxa de autofecundação (s) ou cruzamento (t) natural, a variância σ_A^2 e as componentes D_1 e D_2^* (Expressão 5), ao contrário das populações autógamas e alógamas, nas quais é levada em conta apenas a variância genética aditiva, desprezando-se, naturalmente, a epistasia.

Outra consequência é que em populações mistas o equilíbrio é atingido lentamente, surgindo dois tipos de progressos genéticos, sendo que todos os componentes da variância genética contribuem para o progresso imediato, ao passo que somente a variância σ_A^2 , D_1 e D_2^* influenciam no progresso permanente. Como a componente D_1 pode ser negativa, especialmente em populações pouco melhoradas, os progressos genéticos podem resultar em valores negativos, ainda mais se o coeficiente desta componente for superior aos dos demais componentes, exceto ao do coeficiente da variância σ_A^2 , tanto no progresso imediato quanto no permanente (Wright & Cockerham, 1985; 1986).

É apontada, também, por Crisóstomo (1989) e Pereira (1989) a existência de má conformação do sistema matricial, o que acarreta em problemas na estimação dos parâmetros genéticos em todos os esquemas estudados, incluindo o proposto por Cocherham & Weir (1984). A avaliação de adequação do sistema de estimação foi realizada por meio de testes de colinearidade entre as colunas das matrizes compostas pelos coeficientes dos componentes da variância genética, considerando diferentes valores de s . Foram detectadas correlações muito altas entre as colunas das matrizes, o que demonstrou a presença de redundância de informações e, conseqüentemente, má conformação das mesmas. As maiores correlações foram detectadas para as componentes associadas a $\sigma_A^2 \times D_1$, $\sigma_A^2 \times D_2^*$ e $D_1 \times D_2^*$.

Pereira (1989) indica simplificações que podem ser feitas no modelo sem que erros muito graves sejam cometidos na composição da variância genética, uma vez que apenas dois componentes explicaram praticamente 100% da variação em todos os casos estudados, inclusive no proposto por Cockerham & Weir (1984) e no empregado por Crisóstomo (1989). Assim, podem ser consideradas somente duas frações, uma que envolve as componentes relacionadas à dominância (σ_D^2 e H^*) e outra que agrupa as componentes associadas ao progresso genético permanente (σ_A^2 , D_1 e D_2^*).

Porém, outros fatores podem afetar as estimativas dos parâmetros genéticos, como por exemplo a avaliação de plantas mães em um ano com base em apenas uma planta e das progênes em outro ano com base em várias plantas. Isto resulta em um sistema de equações em que as covariâncias entre as mães e as filhas são menos afetadas por interações com anos, enquanto que as covariâncias entre irmãos apresentam estas interações. Além disso, a probabilidade de os dados das plantas mães conterem erros consideráveis é muito elevada, já que as avaliações são feitas com base em apenas uma planta (Crisóstomo, 1989).

Por outro lado, Crisóstomo (1989) argumenta que apesar desses problemas de estimação dos parâmetros, os esquemas proporcionam melhor conhecimento de algumas propriedades genéticas da população, principalmente aqueles que envolvem progênes com maior contraste entre coeficientes de endogamia, pois fornecem melhores informações a respeito da depressão endogâmica. Quanto aos componentes da variância genética o autor sugere a avaliação de novas estratégias e a execução de seleção recorrente no início do programa de melhoramento, a fim de aumentar a frequência de alelos favoráveis e com isso tentar minimizar possíveis valores negativos de D_1 . Ao conduzir esse tipo de seleção, deve-se levar em conta que a recombinação é mais lenta nessas espécies.

Do ponto de vista prático, populações com sistema misto de reprodução exigem maiores cuidados durante os processos de seleção e multiplicação no que diz respeito ao isolamento das estruturas florais de modo a evitar contaminação. A obtenção e, principalmente, a manutenção de cultivares homozigóticas também é muito difícil em decorrência de estas populações praticarem seu sistema reprodutivo natural após atingirem o equilíbrio, ocorrendo alterações nas frequências alélicas o que pode levar a uma diminuição da média da população, ou seja, a um retrocesso da população em relação aos

caracteres de importância econômica (Pereira, 1989). Considerando este aspecto, a depender da espécie, a obtenção de híbridos comerciais pode ser mais indicada, uma vez que as linhagens endogâmicas podem ser mantidas e multiplicadas e por conseguinte os híbridos podem ser multiplicados repetidamente. Além disso, as linhagens endogâmicas, normalmente, representam a porção elite das populações base, já que são selecionadas com base na capacidade de combinação em relação aos caracteres de interesse.

2.4. Depressão endogâmica e importância no melhoramento genético de plantas

O emprego de processos endogâmicos em programas de melhoramento promove a liberação da variabilidade e a diminuição da carga genética, podendo ser útil também na identificação de genitores com grande potencial para o melhoramento e fontes para gerar linhagens, bem como para determinar a importância dos efeitos devidos à dominância e à epistasia na expressão de um caráter. Outra grande utilização prática da endogamia consiste na obtenção de linhagens endogâmicas, empregadas na síntese de híbridos, que detêm a grande vantagem de serem multiplicadas por inúmeras gerações sem que ocorram alterações nas suas composições genéticas (Blandón, 1996; Cardoso, 1999; Vencovsky & Barriga, 1992).

A endogamia normalmente leva à ocorrência de depressão endogâmica, isto é, a uma redução do valor adaptativo de um indivíduo. Este fenômeno é resultante, principalmente, da expressão de genes deletérios (carga genética) que encontravam-se encobertos nos heterozigotos na geração anterior (Vencovsky & Barriga, 1992). Entretanto, a redução da heterozigose pode levar também à depressão endogâmica, devido à perda de interações alélicas favoráveis que envolvem dominância e/ou sobredominância, independentemente da carga genética (Hallauer & Miranda Filho, 1988).

Por outro lado, conforme Vencovsky & Barriga (1992), estimativas de depressão endogâmica podem ser utilizadas para avaliar populações quanto às suas potencialidades para o melhoramento genético, mesmo que seja de forma aproximada. Populações que apresentam médias altas e nenhuma ou pouca depressão endogâmica para os caracteres de interesse, têm grande potencial para a obtenção de linhagens superiores para síntese de futuros híbridos, bem como de populações sintéticas.

A maioria das espécies alógamas apresenta depressão em decorrência do emprego de sistemas endogâmicos, por possuir alta concentração de carga genética e heterozigosidade. As espécies autógamas, ao contrário das alógamas, não apresentam carga genética e são altamente homozigóticas, portanto, não sofrem depressão endogâmica. Nas espécies que possuem sistema misto de reprodução o efeito da depressão endogâmica é intermediário aos efeitos que ocorrem nas alógamas e autógamas e está relacionada à taxa de autofecundação natural (r).

Em populações com sistema misto de reprodução, informações a respeito da magnitude da depressão endogâmica são tão importantes quanto o conhecimento dos outros parâmetros genéticos já discutidos. Foi visto que a depressão endogâmica pode influenciar no progresso genético, inclusive provocando a ocorrência de ganhos transientes, mascarando o ganho permanente.

Nas cucurbitáceas os efeitos da depressão endogâmica não são tão acentuados quanto os que ocorrem em espécies alógamas como o milho. Em virtude de suas características botânicas (plantas rastejantes com abundância de ramos, que ocupam muito espaço e possuem frutos grandes, contendo muitas sementes), durante o processo de domesticação, as populações devem ter sido originadas de poucos indivíduos o que pode ter promovido a ocorrência de endogamia e eliminação da carga genética ao longo das gerações (Allard, 1960).

É bom frisar que, na agricultura tradicional praticada no Nordeste brasileiro, as cucurbitáceas também são propagadas com o uso de poucas sementes, ocorrendo troca de sementes entre os agricultores, dispersão de sementes pelo lobo guará e formação de bancos de sementes, que consiste na germinação de sementes dormentes remanescentes de cultivos anteriores e que dão origem a populações sub-espontâneas (Romão, 1995). O plantio de poucas sementes, resultando em populações pequenas, pode ter favorecido a ocorrência de cruzamentos entre indivíduos aparentados e, em consequência, promovido a eliminação da carga genética. Entretanto, apesar da ocorrência de cruzamentos entre indivíduos aparentados, o fluxo gênico pode ter proporcionado uma ampliação da variabilidade genética.

Na literatura há alguns relatos sobre a ocorrência de depressão endogâmica, como por exemplo em melancia (Avramescu et al., 1972), em pepino (Ratanayingyong, 1992) e em *Cucurbita foetidissima* (Kohn & Biardi, 1995). Já Rubino & Wehner (1984) e Thanati (1985) não verificaram efeitos endogâmicos em pepino.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material vegetal

As populações utilizadas neste estudo fazem parte do Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas (BAG-Cucurbitáceas) da Embrapa Semi-Árido, unidade localizada na região do Sub-Médio São Francisco, no município de Petrolina, estado de Pernambuco, a uma latitude de 09° 09" S, longitude de 40° 22" W, altitude de 365,5 m e clima semi-árido quente (BSh).

Os experimentos conduzidos em nível de campo foram implantados na Estação Experimental de Bebedouro, vinculada à Embrapa Semi-Árido, localizada no município de Petrolina e cujo solo é classificado como Vertissolo.

No Anexo A estão esquematizadas as etapas que envolvem desde a origem das populações genitoras até a obtenção das progênes de polinização livre (PL) e autofecundadas (AF), as quais são descritas abaixo.

3.1.1. Origem e características morfológicas das populações genitoras

As populações P14 e Crimson Sweet foram utilizadas como genitoras na obtenção da população base ou segregante.

A população P14 é um acesso do BAG-Cucurbitáceas que foi originado de uma planta espontânea localizada no estado de Pernambuco. Caracteriza-se por ser uma população andromonóica, tardia, muito prolífica, com frutos redondos e pequenos, cor da polpa variando de rósea a branca, baixo teor de sólidos solúveis e resistência ao oídio e à micosferela (Tabela 8).

A população Crimson Sweet é uma variedade comercial de origem americana e também faz parte do BAG-Cucurbitáceas. É uma população monóica, que apresenta ciclo intermediário, pouca prolificidade, frutos redondos e grandes, polpa de cor vermelha intensa, alto teor de sólidos solúveis, porém suscetível ao oídio e à micosferela (Tabela 8).

Esses acessos foram formados por 100 sementes originais e multiplicados por meio da autofecundação de 30 plantas de cada população, separadamente.

No Apêndice 1 podem ser visualizadas flores masculinas, femininas e hermafroditas de populações andromonóicas e monóicas de melancia.

Tabela 8. Valores médios das características das populações genitoras, P14 e Crimson Sweet, da população segregante PCS de melancia.

Características	Populações	
	P14	Crimson Sweet
Expressão sexual ¹	Andromonóica	Monóica
Ciclo da planta ²	Tardio	Intermediário
Prolificidade Média ²	10,1 frutos/planta	1,3 fruto/planta
Caracteres de fruto ²		
Formato	Redondo	Redondo
Peso	1,4 kg	8,0 kg
Cor da polpa	Rósea a branca	Vermelha intensa
Espessura da polpa	11,2 cm	19,3 cm
Teor de sólidos solúveis	5,4 °Brix	10, 8 °Brix
Número de sementes	546,2	352,8
Peso de 100 sementes	8,0 g	4,1 g

¹ Fonte: Ferreira et al. (1995a)

² Fonte: Ferreira (1996)

3.1.2. Obtenção de sementes F₁

Esta etapa foi conduzida em casa-de-vegetação, sendo que foram cultivadas 100 plantas de cada população. A semeadura foi feita em bandejas de poliestireno expandido, preenchidas com substrato e as sementes foram previamente tratadas com Benomil, na dosagem de 400 mg/200 ml de água. O transplante ocorreu 12 dias após a semeadura, sendo feito em sacos plásticos de 20 x 30 cm. A adubação consistiu de duas etapas, com as seguintes quantidades por 9 litros de solo, que correspondem a um saco plástico: (a) Fundação - 30 g de sulfato de amônia, 20 g de superfosfato simples e 0,5 g de cloreto de

potássio; (b) Cobertura - 3 g de sulfato de amônia aos 20, 35 e 50 dias após o transplântio e 0,5 g de cloreto de potássio aos 25 e 35 dias após o transplântio. As plantas foram tutoradas com varas de marneleiros e os ramos amarrados com fitas plásticas.

As polinizações foram efetuadas manualmente, planta a planta, de acordo com o esquema de cruzamentos biparentais. As flores hermafroditas do genitor P14 foram emasculadas antes da antese e todas as polinizações efetuadas foram identificadas por etiquetas. De cada fruto foram amostradas 10 sementes F_1 , as quais foram misturadas para formar o *bulk* utilizado na obtenção das sementes F_2 .

3.1.3. Obtenção da população segregante PCS (P14 x Crimson Sweet)

O *bulk* de sementes F_1 foi implantado em campo isolado de outros plantios de melancia, a fim de evitar contaminação e foi permitida a ocorrência de cruzamentos livres, com o objetivo de promover a recombinação e, conseqüentemente, ampliar a variabilidade genética.

As sementes foram previamente tratadas com Benomil, na dosagem de 400 mg/200 ml de água e a semeadura feita em bandejas de poliestireno expandido, preenchidas com substrato. O transplântio ocorreu 15 dias após a semeadura, sendo realizado ao acaso no campo. O lote de cruzamento foi constituído por 72 fileiras, com 15 plantas por fileira, no espaçamento de 2,0 x 1,5 m. A adubação por cova foi feita com as mesmas quantidades empregadas no ensaio anterior.

Foi colhido separadamente um fruto de cada planta F_1 e de cada fruto foram amostradas duas sementes F_2 , que foram misturadas para formar a população segregante PCS.

3.1.4. Obtenção das progênies de polinização livre (PL) e autofecundadas (AF)

A população base PCS, constituída de 2000 plantas F_2 , foi implantada em lote isolado, com o objetivo de evitar contaminação. O lote consistiu de 20 fileiras, com 100 plantas cada, no espaçamento de 2,0 x 2,0 m.

Por ocasião do florescimento foram amostradas ao acaso 200 plantas, sendo que de 136 plantas foram obtidas somente progênies de polinização livre (PL), enquanto que das 64 plantas restantes foram obtidas progênies PL e progênies autofecundadas (AF), totalizando 200 progênies PL e 64 progênies AF. É bom esclarecer que o objetivo era obter 200 progênies PL e suas respectivas irmãs AF, porém não foi possível obter progênies AF em 136 plantas, mesmo depois de algumas tentativas, devido à ocorrência de abortamentos. Foram avaliadas, neste trabalho, 64 progênies PL e as respectivas progênies AF. As plantas das quais foram obtidas as progênies serão denominadas, a partir de agora, como plantas maternas (PM).

3.1.5. Avaliações das plantas maternas (PM), progênies de polinização livre (PL) e autofecundadas (AF)

As avaliações das plantas maternas foram efetuadas por ocasião da obtenção das progênies PL e progênies AF, considerando-se todos os frutos produzidos nessas plantas e em relação aos mesmos caracteres que foram avaliados nas progênies, os quais são citados adiante, exceto em relação ao estande final, uma vez que essas avaliações foram baseadas em apenas uma planta.

As avaliações das progênies PL e progênies AF foram realizadas em dois experimentos, de acordo com o delineamento em faixas, ou seja, uma faixa com todas as progênies PL contígua a uma faixa com as progênies AF, sendo as subparcelas os tipos de progênies. Em cada um dos experimentos, foram avaliadas 32 progênies PL e suas respectivas irmãs AF. Cada parcela experimental foi constituída por cinco plantas, no espaçamento de 3,0 x 1,5 m. Nos dois experimentos foram incluídas duas testemunhas comuns - Híbrido Jetstream (HJ) e Variedade Crimson Sweet (VCS), a fim de aprimorar o controle local, bem como efetuar comparações entre as médias das progênies. As sementeiras e adubações foram semelhantes às efetuados nos ensaios anteriores e os tratamentos fitossanitários consistiram daqueles comumente empregados na cultura.

As progênies PL e progênies AF, assim como as plantas PM (exceto para estande) foram avaliadas em relação aos caracteres:

- (a) Estande final (S): número total de plantas no momento da colheita por subparcela ou tipo de progênie;
- (b) Produção de frutos por planta (PP) (kg/planta): obtida pela relação entre o peso total dos frutos colhidos em cada subparcela e S, no caso das progênies e peso de todos os frutos colhidos por planta materna;
- (c) Peso de fruto (PF) (kg): média do peso de dez frutos, por repetição, para cada tipo de progênie e de todos os frutos colhidos nas plantas maternas;
- (d) Número de frutos por planta (NF): obtido pela relação entre o número total de frutos colhidos em cada subparcela e S, no caso das progênies e contagem dos frutos colhidos por planta materna;
- (e) Diâmetro longitudinal de frutos (DL) (cm): média do diâmetro longitudinal de dez frutos, por repetição, para cada tipo de progênie e de todos os frutos colhidos nas plantas maternas;
- (f) Diâmetro transversal de frutos (DT) (cm): média do diâmetro transversal de dez frutos, por repetição, para cada tipo de progênie e de todos os frutos colhidos nas plantas maternas;
- (g) Formato do fruto (FF): relação entre DL e DT;
- (h) Espessura da polpa (EP) (cm): média da espessura da polpa de dez frutos, por repetição, para cada tipo de progênie e de todos os frutos colhidos nas plantas maternas;
- (i) Cor da polpa (CP): média da cor da polpa de dez frutos, por repetição, para cada tipo de progênie e de todos os frutos colhidos nas plantas maternas, avaliada de acordo com a seguinte escala:
 - 1 - vermelha intensa
 - 2 - vermelha
 - 3 - vermelha clara
 - 4 - rósea
 - 5 - branca

- (j) Teor de sólidos solúveis (TS) (°Brix): média do teor de sólidos solúveis em dez frutos, por repetição, para cada tipo de progênie e de todos os frutos colhidos nas plantas maternas;
- (k) Número de sementes por fruto (NS): média do número de sementes de dez frutos, por repetição, para cada tipo de progênie e de todos os frutos colhidos nas plantas maternas;
- (l) Peso de cem sementes por fruto (PS) (g): média do peso de 100 sementes em dez frutos, por repetição, para cada tipo de progênie e de todos os frutos colhidos nas plantas maternas.

3.2. Estimativa da taxa de fecundação cruzada

Esta etapa foi desenvolvida no Laboratório de Cultura de Tecidos e Biologia Molecular da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, ESALQ/USP.

3.2.1. Obtenção de dados moleculares pela técnica de RAPD

3.2.1.1. Material vegetal

Para obtenção dos dados moleculares pela técnica de RAPD, foram utilizadas doze famílias, amostradas ao acaso, fazendo-se a genotipagem das doze plantas maternas e de vinte e três indivíduos, oriundos de polinização livre, de cada família.

No caso do material vegetal das plantas maternas, o mesmo foi coletado no campo da Estação Experimental de Bebedouro, onde também foi realizada a extração de DNA genômico. O material consistiu de folhas definitivas jovens, coletadas 30 dias após o transplante. Os materiais vegetais dos indivíduos de cada família foram coletados a partir de plântulas cultivadas em casa-de-vegetação, na ESALQ/USP, após dez dias do aparecimento da primeira folha definitiva.

3.2.1.2. Extração de DNA genômico

Foi utilizado o protocolo de extração de DNA genômico proposto Murray & Thompson (1990), com algumas adaptações.

O tecido foliar (300 mg) de cada um dos 276 indivíduos foi macerado em N₂ líquido e transferido para tubo *eppendorf* de 2,0 ml, contendo 1 ml de Tampão CTAB mais 10 µl de β-mercaptoetanol (1%). Os tubos, devidamente fechados, foram submetidos a banho-maria (65°C) por aproximadamente 30 minutos, a partir do último tubo, sendo vertidos periodicamente por inversão, a fim de que fosse homogeneizado o material. Após a retirada do material do banho-maria, em cada tubo foi acrescentado 700 µl de clorofórmio-octanol-24:1 (672 µl de clorofórmio e 28 µl de octanol). Os tubos foram centrifugados por 15 minutos a 14000 rpm e o sobrenadante, cerca de 700 a 800 µl, foi pipetado e colocado em novos *eppendorfs* (1,5 ml), aos quais foram adicionados ¾ de isopropanol. Os tubos foram vertidos para cima e para baixo com cuidado até que fosse visualizada uma nuvem de DNA. O material foi novamente centrifugado por 15 minutos a 10000 rpm e mais uma vez foi retirado o sobrenadante. Nesta fase o *pellet* de DNA fixa-se no fundo do tubo.

Após esta etapa, foi adicionado em cada tubo 1 ml de *Wash Solution*, que ficou agindo por 20 minutos. Os tubos foram centrifugados por 10 minutos a 10000 rpm, o sobrenadante retirado e em cada tubo foi adicionado 200 µl de tampão Tris-EDTA (TE). Quando necessário, o material foi tratado com fenol-clorofórmio e RNase, a fim de que fossem eliminadas impurezas e excesso de RNA.

O DNA obtido foi quantificado em géis de agarose 0,8% (p/v) por meio da comparação visual das intensidades das bandas do DNA extraído com bandas do DNA do fago lambda com concentrações conhecidas (20 a 400 ng). Após a quantificação, o DNA foi diluído em uma concentração de 5 ng/µl, para ser utilizado nas reações de amplificação.

3.2.1.3. Reações de amplificação e eletroforese

Foi empregado o protocolo de Vieira et al. (1997), com algumas modificações. A reação teve um volume total de 25 µl e os reagentes foram misturados na forma de coquetel, separadamente do DNA genômico. Cada reação continha tampão PCR (10 mM Tris-HCl pH 8,3 e 50 mM KCl); 3,0 mM de MgCl₂; 0,2 mM de dNTPs; 0,25 mM de *primer*; 35 ng de DNA genômico; 2 unidades de Taq DNA polimerase e água milliQ estéril.

Em cada reação foi adicionado óleo mineral, para evitar evaporação durante o processo de PCR. O programa utilizado no termociclador, consistiu de 5 minutos a 94°C para desnaturação inicial do DNA, seguido por 45 ciclos de amplificação, sendo que cada ciclo foi composto por 1 minuto a 94°C (desnaturação do DNA), 1 minuto a 35°C (anelamento do *primer*) e 2 minutos a 72°C (amplificação do DNA). Por fim teve um ciclo final de extensão com duração de 6 minutos a 72°C.

Os produtos da amplificação foram separados por eletroforese em gel de agarose 1,5 % (p/v), usando tampão TEB pH 8,0 (0,09M de Tris; 0,09M de Ácido Bórico e 2 mM de EDTA), a uma tensão constante de 3 V/cm. Os géis foram corados com 10 µl de Brometo de Etídio (10mg/ml) diluídos em 100 ml de TEB e foram documentados sob luz ultravioleta (Gel-Doc 2.000 - BIO RAD).

3.2.1.4. Triagem de iniciadores de PCR (*primers*)

Para a triagem de *primers* informativos foram efetuadas reações de amplificação em oito plantas maternas. Foram testados 50 *primers* (*Operon Technologies*) de 10 pares de base, sendo 4 *primers* do kit A (OPA-03, 05, 13 e 19), 18 do kit B (OPB-01 a OPB-20, excluindo B09 e B11) e 19 do kit C (OPC-01 a OPC-20, com exceção do OPC-10). Considerando todos os *primers* testados, 31,7% não apresentaram amplificação satisfatória, 48,8% foram monomórficos e 19,5% polimórficos. Para este trabalho, foram selecionados 16 locos RAPD, a partir de 4 *primers* (OP-B02, B14, C04 e C16).

Os *primers* foram selecionados de acordo com a quantidade e qualidade de bandas polimórficas apresentadas, facilidade de interpretação como presente e ausente e repetibilidade das bandas, com o objetivo de minimizar potenciais erros de interpretação no registro de dados.

Além disso, foram selecionados os locos RAPD mais informativos, isto é, aqueles em que a maioria das plantas maternas apresentaram ausência de bandas (-/-). Isto porque uma mãe homozigótica recessiva (-/-), quando apresenta filhas heterozigóticas (+/-), implica que essas filhas foram oriundas de fecundação cruzada. Contudo, filhas que foram originadas de fecundação cruzada, mas que receberam da planta paterna outro alelo

para ausência de bandas (-), não são diretamente detectáveis (Figura 2). A frequência esperada de filhas (+/-), oriundas de uma mãe homozigótica (-/-), é fornecida por tp , sendo t a taxa de cruzamento ao acaso e p a frequência do alelo (+) no *pool* de pólen da população (Ritland & Jain, 1981; Ritland, 1990).

Figura 2. Locos OPC04_980 (a) e OPC04_950 (b) na família PCS-20PL. Indivíduo 1: fenótipo molecular da planta materna +/- para o loco OPC04_980 e -/- para o loco OPC04_950. Indivíduo 11: resultante de fecundação cruzada com fenótipo -/- para o loco OPC04_980 e +/- para o loco OPC04_950.

3.2.1.5. Análise de dados

Foi utilizado o programa *Multilocus Estimation of Outcrossing with Dominant Markers* (MLDT) (Ritland, 1990) para estimar os seguintes parâmetros populacionais:

- (a) Frequências alélicas (p_i) da população;
- (b) Taxa de cruzamento baseada em vários locos (t_m *multilocus*), que equivale a uma estimativa envolvendo todos os locos simultaneamente;
- (c) Taxa de cruzamento baseada em locos individuais (t_s *single locus*), que corresponde a uma média das estimativas de cada loco separadamente;
- (d) Coeficiente de endocruzamento (F).

A taxa de cruzamento t_m foi estimada considerando todas as famílias conjuntamente, mas também em separado de acordo com a expressão sexual das plantas maternas. As variâncias dos parâmetros foram estimadas por meio de 100 reamostragens (*bootstraps*) e para cada loco foi realizado um teste de aderência ao modelo (*goodness-of-fit*).

3.3. Análises estatístico-genéticas

3.3.1. Análise de variância

Foram realizadas análises individuais e agrupadas com os dados dos dois experimentos nos quais foram avaliadas as progênies PL e suas respectivas irmãs AF, de acordo com o esquema em faixas, sendo que uma faixa era composta pelas famílias (PL mais AF) e a outra pelos tipos de progênies. Essa análise possibilitou a estimação das variâncias entre progênies PL e entre progênies AF, bem como das covariâncias entre as progênies PL e as progênies AF. O modelo matemático para análise agrupada de acordo com a estrutura em faixas é:

$$y_{ijkl} = m + s_i + r_j(i) + p_k(i) + a_{jk}(i) + t_l(i) + b_{jl}(i) + (pt)_{kl}(i) + c_{jkl}(i) \quad (12)$$

sendo em termos gerais:

Y_{ijkl} = valor fenotípico observado no tipo de progênie l , da família k na repetição j do experimento i ;

m = média geral;

s_i = efeito do experimento, com $i = 1, 2, \dots, I$;

$r_{j(i)}$ = efeito de repetições, com $j = 1, 2, \dots, J$;

$p_{k(i)}$ = efeito de famílias, com $k = 1, 2, \dots, K$, onde se supõe $(p)_{k(i)} \sim N(0; \sigma_p^2)$;

$a_{jk(i)}$ = efeito do erro na faixa envolvendo a família k , na repetição j , do experimento i , correspondente ao resíduo a , onde se supõe $(a)_{jk(i)} \sim N(0; \sigma_a^2)$;

t_l = efeito do tipo de progênie, com $l = 1, 2, \dots, L$;

$b_{jl(i)}$ = efeito do erro na faixa correspondente ao tipo de progênie l , na repetição j , do experimento i , considerado como resíduo b , supondo-se que $(b)_{jl(i)} \sim N(0; \sigma_b^2)$;

$pt_{kl(i)}$ = efeito da interação entre famílias e tipos de progênies, onde se supõe $(pt)_{kl(i)} \sim N(0; \sigma_{pt}^2)$;

$c_{jkl(i)}$ = efeito do erro na subparcela composta pelo tipo de progênie l , da família k , na repetição j do experimento i , considerado como resíduo c , onde se supõe $(c)_{jkl(i)} \sim N(0; \sigma_c^2)$.

O esquema da análise de variância agrupada com os graus de liberdade, esperanças dos quadrados médios e teste F, conforme a estrutura dos experimentos em faixa, modelo misto, é apresentado na Tabela 9.

Tabela 9. Esquema de análise de variância agrupada, de acordo com a estrutura dos experimentos em faixas, modelo misto.

Fontes de Variação	G.L.	QM	E(QM)	F
Experimentos	I - 1	...	...	...
Repetições/Exp	I (j - 1)	...	...	...
Famílias (P)/Exp	I (K - 1)	QM ₁	$\sigma_c^2 + J\sigma_{p_i}^2 + L\sigma_a^2 + JL\sigma_p^2$	$\frac{QM_1 + QM_6}{QM_2 + QM_5}$
Resíduo a/Exp	I (j - 1)(K - 1)	QM ₂	$\sigma_c^2 + L\sigma_a^2$	QM_2/QM_6
Tipos de Progenies (T)/Exp	I (L - 1)	QM ₃	$\sigma_c^2 + J\sigma_{p_i}^2 + K\sigma_b^2 + JK\phi_i$	$\frac{QM_3 + QM_6}{QM_4 + QM_5}$
Resíduo b/Exp	I (j - 1)(L - 1)	QM ₄	$\sigma_c^2 + K\sigma_b^2$	QM_4/QM_6
Interação P x T/Exp	I (K - 1) (L - 1)	QM ₅	$\sigma_c^2 + J\sigma_{p_i}^2$	QM_5/QM_6
Resíduo c	I (j - 1) (K - 1) (L - 1)	QM ₆	σ_c^2	QM ₆
Total	IJKL - 1			
Desdobramento do efeito de famílias mais da interação P x T				
Progenies/PL	IK - 1	QM ₇	$\sigma_d^2 + J\sigma_{PL}^2$	QM_7/QM_9
Progenies/AF	IK - 1	QM ₈	$\sigma_d^2 + J\sigma_{AF}^2$	QM_8/QM_9
Resíduo combinado d	IL (j - 1) (K - 1)	QM ₉	σ_d^2	QM ₉

Os estimadores dos componentes de variância, são:

$$\hat{\sigma}_a^2 = \frac{QM_2 - QM_6}{L} \quad (13)$$

$$\hat{\sigma}_b^2 = \frac{QM_4 - QM_6}{K} \quad (14)$$

$$\hat{\sigma}_c^2 = QM_6 \quad (15)$$

$$\hat{\sigma}_d^2 = QM_9 = \frac{\hat{\sigma}_a^2 + \hat{\sigma}_c^2}{2} \quad (16)$$

$$\hat{\sigma}_{ft}^2 = \frac{QM_5 - QM_6}{J} \quad (17)$$

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{(QM_1 + QM_6) - (QM_2 + QM_5)}{JL} \quad (18)$$

$$\hat{\sigma}_{PL}^2 = \frac{QM_7 - QM_9}{J} \quad (19)$$

$$\hat{\sigma}_{AF}^2 = \frac{QM_8 - QM_9}{J} \quad (20)$$

$$\hat{\sigma}_{y..kl}^2 = \frac{QM_{y..kl}}{r} \quad (21)$$

sendo as estimaivas:

$\hat{\sigma}_a^2$ = variância do resíduo *a* ou erro experimental na faixa envolvendo as famílias;

$\hat{\sigma}_b^2$ = variância do resíduo *b* ou erro experimental na faixa correspondente aos tipos de progênie;

$\hat{\sigma}_c^2$ = variância do resíduo *c* ao nível de sub-parcelas;

$\hat{\sigma}_d^2$ = variância do resíduo *d*, resultante da combinação da variância $\hat{\sigma}_a^2$ mais $\hat{\sigma}_c^2$;

$\hat{\sigma}_{pt}^2$ = variância da interação entre famílias e tipos de progênie;

$\hat{\sigma}_p^2$ = variância genética entre as famílias;

$\hat{\sigma}_{PL}^2$ = variância genética entre progênie PL;

$\hat{\sigma}_{AF}^2$ = variância genética entre progênie AF;

$\hat{\sigma}_{y..kl}^2$ = variância fenotípica entre as médias das progênie do tipo *l*, da *k*-ésima família,

sendo *l* = 1 para progênie PL e *l* = 2 para progênie AF.

Todos os caracteres foram analisados com base nas médias, exceto o estande final. As análises estatísticas, inclusive o ajuste das médias das progênie através das médias das testemunhas, foram realizadas no sistema estatístico-computacional SAS[®] (*Statistical Analysis System*), empregando-se o PROC GLM (*Procedure for General Linear Models*).

As médias ajustadas das progênie foram classificadas de acordo com o método de agrupamento desenvolvido por Scott & Knott (1974) em relação a todos os caracteres avaliados e para cada tipo de progênie.

3.3.2. Covariâncias e correlações entre parentes

Com os dados das plantas PM e das progênies PL e progênies AF, foram obtidas as estimativas das covariâncias genéticas entre parentes, de acordo com os esquemas de acasalamentos e os diagramas esquematizados na Figura 3, ou seja:

Cov_1 = Covariância genética entre mães e filhas autofecundadas ($C_{PM,AF}$);

Cov_2 = Covariância genética entre mães e filhas de polinização livre ($C_{PM,PL}$);

Cov_3 = Covariância genética entre irmãs autofecundadas ($C_{AF,AF}$);

Cov_4 = Covariância genética entre irmãs de polinização livre ($C_{PL,PL}$);

Cov_5 = Covariância genética entre irmãs autofecundadas e de polinização livre ($C_{AF,PL}$).

Figura 3. Esquemas de parentesco e representação das relações entre X e Y. (1) Mãe (X_{PM}) e filha autofecundada (Y_{AF}); (2) Mãe e filha de polinização livre (Y_{PL}); (3) Irmãs autofecundadas (X_{AF} , Y_{AF}); (4) Irmãs de polinização livre (X_{PL} , Y_{PL}); (5) Irmãs autofecundadas e de polinização livre (X_{AF} , Y_{PL}) (Crisóstomo, 1989).

As covariâncias genéticas entre as plantas maternas e as progênes PL e progênes AF foram obtidas mediante a aplicação da seguinte fórmula:

$$Cov(y'_{.k}, y_{..kl}) = \frac{1}{n-1} \left[\sum y'_{.k} y_{..kl} - \frac{1}{n} (\sum y'_{.k}) (\sum y_{..kl}) \right] \quad (22)$$

sendo:

$y'_{.k}$ = observação fenotípica da variável y na planta materna da k -ésima família;

$y_{..kl}$ = observação fenotípica média da variável y na progênie do tipo l , da k -ésima família,

sendo $l = 1$ para progênes PL e $l = 2$ para progênes AF;

$n = 64$ = número total de plantas maternas.

As demais covariâncias foram estimadas de acordo com a análise de variância agrupada (Tabela 9), sendo que:

$Cov_3 = (C_{AF, AF})$ = Covariância genética entre irmãs autofecundadas, equivalente a variância genética entre progênes AF (Expressão 20);

$Cov_4 = (C_{PL, PL})$ = Covariância genética entre irmãs de polinização livre, correspondente a variância genética entre progênes PL (Expressão 19);

$Cov_5 = (C_{AF, PL})$ = Covariância genética entre irmãs autofecundadas e de polinização livre, igual a variância genética entre famílias (Expressão 18).

A correlação genética entre as progênes AF e as progênes PL, foi obtida da seguinte maneira:

$$r_G(AF, PL) = \frac{Cov(AF, PL)}{\sqrt{\sigma_{AF}^2 \times \sigma_{PL}^2}} \quad (23)$$

A correlação genético-fenotípica entre as plantas maternas e as progênes AF foi estimada de acordo com a fórmula:

$$r_{GF}(PM, AF) = \frac{Cov(PM, AF)}{\sqrt{\sigma_{y'_{.k}}^2 \times \sigma_{AF}^2}} \quad (24)$$

Neste caso a **variância** entre as plantas maternas $\left(\sigma_{y'_k}^2\right)$ é de natureza fenotípica e estimada da seguinte forma:

$$\sigma_{y'_k}^2 = \frac{1}{n-1} \left[\sum y'_k - \frac{1}{n} (\sum y'_k)^2 \right] \quad (25)$$

De forma semelhante foi obtida a estimativa da correlação genético-fenotípica entre as plantas maternas e progênes PL.

3.3.3. Depressão endogâmica observada

A depressão endogâmica observada (*DE*) foi estimada em relação a todos os caracteres, ao nível de cada progênie, como a diferença entre as médias das progênes PL e progênes AF, e posteriormente, como desvios percentuais em relação às médias das progênes PL:

$$DE_k = \bar{y}_{..k1} - \bar{y}_{..k2} \quad (26)$$

$$DE_k (\%) = \frac{\bar{y}_{..k1} - \bar{y}_{..k2}}{\bar{y}_{..k1}} \times 100 \quad (27)$$

onde:

$\bar{y}_{..kl}$ = média da variável *y* na progênie do tipo *l*, da *k*-ésima família, sendo *l* = 1 para progênes PL ($\bar{y}_{..k1}$) e *l* = 2 para progênes AF ($\bar{y}_{..k2}$);

Posteriormente, foi obtida a depressão endogâmica ao nível populacional, através do cálculo da média aritmética das depressões observadas nas progênes autofecundadas.

3.3.4. Triagem de progênes com potencial para o melhoramento genético

De acordo com Vencovsky & Barriga (1992) quanto menor for a depressão endogâmica, menor será a participação dos locos em heterozigose na média da população original e maior será a média de determinado caráter quando a população estiver com maior grau de homozigose.

Desta maneira, se a população original apresentar caracteres desejáveis para o programa de melhoramento e se estes caracteres sofrerem pouca ou nenhuma depressão endogâmica, esta população constituirá em uma boa fonte de linhagens superiores. O mesmo raciocínio é válido ao nível de progênies individualizadas.

Assim, foi feita uma avaliação do potencial das progênies em fornecerem linhagens com caracteres desejáveis, pela comparação entre as médias das progênies e as estimativas da depressão endogâmica. O procedimento consistiu em fazer uma triagem das progênies que apresentaram baixa depressão e os seguintes caracteres:

- a) Média da produção por planta (PP) superior à média da população;
- b) Média do teor de sólidos solúveis (TS) superior a 8°Brix;
- c) Média da cor da polpa (CP) variando de vermelha clara a vermelha intensa, isto é, com média inferior a 3 conforme a escala de notas.

As progênies selecionadas foram investigadas também em relação aos demais caracteres avaliados.

3.3.5. Adequação de modelo genético utilizado na estimação de componentes da variância genética em populações com sistema misto de reprodução

Como já mencionado, Cockerham & Weir (1984) fundamentaram as bases para estimação dos componentes da variância genética em populações com sistema misto de reprodução. Entretanto, o esquema de parentesco sugerido toma-se inviável na prática, uma vez que exige a obtenção de quatro tipos de progênies e a avaliação das progênies e plantas maternas, a fim de calcular as seis covariâncias empregadas na estimação dos componentes quadráticos da variância genética. Visando simplificar e aproximar da prática de programas de melhoramento, Pereira (1989) propôs outros esquemas de parentesco, utilizando, todavia, o modelo genético de Cockerham & Weir (1984). Esse modelo pressupõe população em equilíbrio de endogamia, ausência de ligação gênica e de epistasia, bem como taxa de autofecundação (s) constante entre os indivíduos.

Nesta pesquisa foi averiguada a adequação a esse modelo genético, empregando-se o esquema de parentesco **A** sugerido por Pereira (1989). Conforme já exposto, esse esquema consiste na obtenção de progênies PL e progênies AF de uma mesma planta materna da população base, havendo a necessidade de avaliar tanto as progênies quanto as plantas maternas em relação aos caracteres de interesse, assim como estimar a taxa de autofecundação natural da população, como realizado nesse estudo.

A averiguação da adequação ao modelo foi baseada na comparação entre as estimativas das covariâncias genéticas entre parentes com as esperadas geneticamente, assim como na comparação entre as estimativas dos componentes da variância genética obtidas e aquelas simuladas por Cockerham & Weir (1984) e Pereira (1989).

Os coeficientes das covariâncias genéticas entre parentes, descritas anteriormente (item 3.3.2.), obtidos por Cockerham & Weir (1984) e Pereira (1989) podem ser visualizados na Tabela 10.

O modelo em questão pressupõe ausência de alelos múltiplos, ou seja, é assumida a presença de dois alelos por loco. Diante dessa situação, a componente H^* torna-se igual à variância de dominância, sendo, portanto, somados os coeficientes desses duas componentes (última linha da Tabela 10). Isto se faz necessário também em decorrência de essas duas componentes apresentarem coeficientes proporcionais em todas as expressões das covariâncias, o que impossibilita os cálculos destas componentes de forma isolada (Pereira, 1989).

Este sistema é formado por cinco equações compostas pelas covariâncias e pelos componentes da variância genética junto com seus coeficientes e por seis componentes genéticos, sendo impossível estimar estes componentes. Devido a isso, o componente H^2 foi estimado separadamente, levando em conta as médias das progênies PL e progênies AF, da seguinte forma:

$$\hat{H} = 2 \left(\frac{\bar{y}_{...1} - \bar{y}_{...2}}{1 - F} \right) \quad (28)$$

$$\hat{H}^2 = \hat{H}^2 - \frac{4}{(1 - F)^2} \left(\sigma_{\bar{y}_{...1}}^2 + \sigma_{\bar{y}_{...2}}^2 \right) \quad (29)$$

sendo:

$\hat{H}^2$ = estimador não tendencioso de $\hat{H}$;

$\bar{y}_{...1}$ e $\bar{y}_{...2}$ = médias da variável y nas progênes do tipo l , sendo $l = 1$ para progênes PL

$(\bar{y}_{...1})$ e $l = 2$ para progênes AF $(\bar{y}_{...2})$;

$\sigma^2_{\bar{y}_{...1}}$ e $\sigma^2_{\bar{y}_{...2}}$ = variâncias residuais da média da variável y na progênie do tipo l , sendo

$l = 1$ para progênes PL e $l = 2$ para progênes AF, obtidas de acordo com a expressão 21;

F = coeficiente de endocruzamento (Expressão 1).

Tabela 10. Coeficientes dos componentes da variância genética que participam das covariâncias entre parentes.

Componentes da variância genética	Covariâncias entre parentes				
	$C_{PM, AF}^1$	$C_{PM, PL}^2$	$C_{AF, AF}^1$	$C_{PL, PL}^2$	$C_{AF, PL}^2$
σ_A^2	$\frac{s}{2-s}$	$\frac{1+s}{2-s}$	$\frac{s}{2-s}$	$\frac{(1+s)^2}{2(2-s)}$	$\frac{1+s}{2-s}$
σ_D^2	$\frac{1-s}{2-s}$	$\frac{s(1-s)}{2(2-s)}$	$\frac{1-s}{2(2-s)}$	$\frac{s^2(1-s)}{2(2-s)}$	$\frac{s(1-s)}{2(2-s)}$
D_1	$\frac{1+3s}{2-s}$	$\frac{2s(1+s)}{(2-s)}$	$\frac{2(1+s)}{(2-s)}$	$\frac{s(1+s)^2}{(2-s)}$	$\frac{(1+3s)(1+s)}{2(2-s)}$
D_2^*	$\frac{s}{2-s}$	$\frac{s^2}{2-s}$	$\frac{1+3s}{4(2-s)}$	$\frac{s^2+3s^3}{4(2-s)}$	$\frac{s+3s^3}{4(2-s)}$
H^*	$\frac{s(1-s)}{(2-s)(4-s)}$	$\frac{s^2(1-s)}{(2-s)(4-s)}$	$\frac{s(1-s)}{2(2-s)(4-s)}$	$\frac{s^2(1-s)}{2(2-s)(4-s)}$	$\frac{s^2(1-s)}{2(2-s)(4-s)}$
H^2	$\frac{2s(1-s)}{(2-s)^2(4-s)}$	$\frac{2s(1-s)}{(2-s)^2(4-s)}$	$\frac{s(1-s)}{(2-s)^2(4-s)}$	$\frac{s^3(1-s)}{(2-s)^2(4-s)}$	$\frac{s^2(1-s)}{(2-s)^2(4-s)}$
$\sigma_D^2 = H^*$	$\frac{4(1-s)}{(2-s)(4-s)}$	$\frac{4s(1-s)}{(2-s)(4-s)}$	$\frac{4(1-s)}{2(2-s)(4-s)}$	$\frac{2s^2(1-s)}{(2-s)(4-s)}$	$\frac{2s(1-s)}{(2-s)(4-s)}$

¹ Cockerham & Weir (1984)

² Pereira (1989)

Para ajustar as estimativas das covariâncias entre parentes, após os cálculos dos componentes $\hat{H}^2$ para cada caráter avaliado, as suas estimativas foram multiplicadas pelos respectivos coeficientes das covariâncias entre parentes e subtraídas das covariâncias. Por exemplo, a participação de $\hat{H}^2$ na $(C_{AF,AF})$ foi calculada assim:

$$C_{AF,AF} - \left[\frac{s(1-s)}{(2-s)^2(4-s)} \right] \hat{H}^2 \quad (30)$$

As componentes $\sigma_A^2, \sigma_D^2, D_1$ e D_2^* foram estimadas a partir das resoluções das cinco equações normais pelo processo de quadrados mínimos, sendo as equações iguais a:

$$X'X\hat{\beta} = X'Y \quad (31)$$

onde Y é a matriz das estimativas das covariâncias entre parentes, X a matriz dos coeficientes das componentes da variância genética de acordo com o parentesco e $\hat{\beta}$ a matriz das componentes da variância genética a serem estimadas. Assim:

$$Y = \begin{bmatrix} C_{PM,AF} \\ C_{PM,PL} \\ C_{AF,AF} \\ C_{PL,PL} \\ C_{AF,PL} \end{bmatrix}; \quad X = \begin{bmatrix} \frac{2}{2-s} & \frac{4(1-s)}{(2-s)(4-s)} & \frac{1+3s}{2-s} & \frac{s}{2-s} \\ \frac{1+s}{2-s} & \frac{4s(1-s)}{(2-s)(4-s)} & \frac{2s(1+s)}{2-s} & \frac{s^2}{2-s} \\ \frac{2}{2-s} & \frac{4(1-s)}{2(2-s)(4-s)} & \frac{2(1+s)}{2-s} & \frac{1+3s}{4(2-s)} \\ \frac{(1+s)^2}{2(2-s)} & \frac{2s^2(1-s)}{(2-s)(4-s)} & \frac{s(1+s)^2}{2-s} & \frac{s^2+3s^3}{4(2-s)} \\ \frac{1+s}{2-s} & \frac{2s(1-s)}{(2-s)(4-s)} & \frac{(1+3s)(1+s)}{2(2-s)} & \frac{s+3s^2}{4(2-s)} \end{bmatrix}; \quad \hat{\beta} = \begin{bmatrix} \hat{\sigma}_A^2 \\ \hat{\sigma}_D^2 \\ \hat{D}_1 \\ \hat{D}_2^* \end{bmatrix} \quad (32)$$

$$(33)$$

$$(34)$$

3.3.6. Progresso genético

Neste estudo foi estimado o progresso genético imediato, bem como o progresso genético permanente. Em função dos resultados obtidos e conforme será exposto posteriormente, o progresso genético imediato foi estimado de acordo com a metodologia proposta por Resende et al. (1995). Já o progresso permanente foi estimado pela metodologia proposta por Wright & Cockerham (1986)

Os progressos genéticos imediatos foram estimados considerando-se seleção entre progênies PL e empregando-se simplesmente a variância genética entre progênies PL conforme deduzido por Resende et al. (1995). Assim:

$$G_{sI} = K \times \frac{\hat{\sigma}_{PL}^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{y}...1}^2}} \quad (35)$$

sendo:

K = a intensidade de seleção, sendo considerada uma intensidade de seleção de 20%, de modo que $K = 1,4$;

$$\hat{\sigma}_{PL}^2 = Cov(PL, PL);$$

$$\hat{\sigma}_{\bar{y}...kl}^2 = \text{variância fenotípica entre as médias das progênies do tipo } l, \text{ da } k\text{-ésima família,}$$

sendo $l = 1$ para progênies PL. Estimado pela expressão 21.

Estimativas aproximadas de herdabilidades ao nível de médias de progênies PL foram obtidas por meio da fórmula:

$$\hat{h}_m^2 = \frac{\hat{\sigma}_{PL}^2}{\sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{y}...1}^2}} \quad (36)$$

O progresso genético permanente (G_{sp}), considera a covariância entre a geração na qual se pratica seleção (G_0) e os seus descendentes quando a população atinge o equilíbrio (G_∞), sendo:

$$G_{sp} = K \times \frac{Cov(G_0, G_\infty)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{\bar{y}...kl}^2}} \quad (37)$$

Segundo Wright & Cockerham (1986), o coeficiente de endogamia da população em equilíbrio independe dos coeficientes dos seus ancestrais, por conseguinte a probabilidade de existirem dois alelos idênticos por descendência em um mesmo loco de um determinado indivíduo é igual a zero. Desta forma, os componentes σ_D^2 , H^* e H^2 não contribuem para o progresso genético permanente.

Na Tabela 11 constam os coeficientes das componentes quadráticas das covariâncias empregadas nas estimativas dos progressos genéticos permanentes, considerando os seguintes esquemas de seleção:

- (a) Seleção entre progênes PL com recombinação de sementes remanescentes de progênes PL e AF;
- (b) Seleção entre progênes AF com recombinação de sementes remanescentes de progênes PL e AF;

Como exemplo, considerando a estimativa do progresso genético permanente quando se pratica seleção entre progênes AF e recombinação de sementes remanescentes de progênes AF, é:

$$G_{s_{P(AF,AF)}} = K \times \frac{[2/(2-s)]\hat{\sigma}_A^2 + \left[\left(2 + 3s - s^2 \right) / (2-s)^2 \right] \bar{D}_1 + \left[s(1+s)/2(2-s)^2 \right] \hat{D}_2^*}{\hat{\sigma}_{\bar{y}...2}} \quad (38)$$

Os progressos genéticos permanentes foram obtidos da mesma maneira como explicitado na expressão 38, levando-se em conta os coeficientes dos componentes que contribuem para o ganho, assim como o processo seletivo.

Tabela 11. Coeficientes das componentes quadráticas das covariâncias, utilizadas na predição do progresso genético permanente.

$Cov(G_0, G_\infty)$	Componentes da Variância Genética		
	σ_A^2	D_1	D_2^*
Seleção entre progênes AF com recombinação de sementes remanescentes de progênes AF ou PL			
$Cov(AF, AF)^1$	$\frac{2}{2-s}$	$\frac{(2+3s-s^2)}{(2-s)^2}$	$\frac{s(1+s)}{2(2-s)^2}$
$Cov(AF, PL)^2$	$\frac{2(1+s)}{2(2-s)}$	$\frac{(1+s)(2+3s-s^2)}{2(2-s)^2}$	$\frac{s(1+s)^2}{4(2-s)^2}$
Seleção entre progênes PL com recombinação de sementes remanescentes de progênes PL ou AF			
$Cov(PL, PL)^1$	$\frac{(1+s)^2}{2(2-s)}$	$\frac{s(1+s)^2(3s-s)}{2(2-s)^2}$	$\frac{s^2(1+s)^2}{4(2-s)^2}$
$Cov(PL, AF)^2$	$\frac{1+s}{2-s}$	$\frac{s(3+2s-s^2)}{2(2-s)^2}$	$\frac{s^2(1+s)}{2(2-s)^2}$

¹ Wright & Cockerham (1986)

² Pereira (1989)

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Taxa de fecundação cruzada e coeficiente de endocruzamento da população segregante PCS

A população segregante PCS de melancia, apresentou uma proporção de 53,5% de plantas monóicas e 46,5% de plantas andromonóicas, isto em uma avaliação envolvendo 144 indivíduos.

As estimativas das frequências dos alelos dominantes “presença de bandas” (+), das ~~taxas~~ de cruzamento baseada em todos os locos simultaneamente (t_m) e com base na média das estimativas de cada loco separadamente (t_s), bem como dos coeficientes de endocruzamento (F), constam na Tabela 12. Foram obtidos três conjuntos de estimativas desses parâmetros. O primeiro, considerando todas as famílias conjuntamente para obtenção das estimativas. O segundo e terceiro, envolvendo apenas as famílias cujas mães eram andromonóicas e monóicas, respectivamente. Dos 16 locos genotipados, apenas nove apresentaram aderência ao modelo misto de reprodução (*mixed mating model*) e foram utilizados para estimar os parâmetros populacionais.

As estimativas das taxas t_s e t_m de fecundação cruzada obtidas considerando todas as famílias conjuntamente, variaram de 73,2% a 76,5%, indicando que esta população apresenta sistema misto de reprodução. Ao estimar esses parâmetros, de acordo com a expressão sexual das plantas maternas, observa-se que as taxas de cruzamento natural tendem a ser maiores nas famílias monóicas do que nas andromonóicas. Estes resultados estão em conformidade com o previsto, uma vez que em condições isoladas de casa-de-vegetação foi constatada, por Ferreira et al. (1995), a ocorrência natural de autofecundações em plantas andromonóicas da população P14. Desta forma, é esperado também que a endogamia nestes indivíduos seja maior do que em indivíduos monóicos, o que é confirmado pelas estimativas das taxas de endocruzamento.

Tabela 12. Estimativas das frequências alélicas do marcador dominante (+); teste de aderência (χ^2) ao modelo de sistema misto de reprodução; estimativas da taxa de cruzamento natural baseada em todos os locos simultaneamente (t_m) e com base na média das estimativas de cada loco separadamente (t_s) e coeficiente de endocruzamento (F). *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Locos RAPD	Frequência alélica (+)	χ^2	P
C16_1050	0,700 (0,052)	0,32	0,5716
C16_500	0,779 (0,038)	0,95	0,3297
B14_2600	0,507 (0,064)	2,17	0,1407
B14_2200	0,060 (0,014)	0,15	0,6985
B14_1400	0,508 (0,097)	0,53	0,4666
B14_1000	0,841 (0,038)	0,20	0,6547
B14_900	0,383 (0,076)	1,98	0,1594
B14_700	0,524 (0,046)	2,15	0,1426
C04_950	0,634 (0,068)	0,01	0,9203
Todas as famílias conjuntamente			
	t_m	0,765 (0,056)	
	t_s	0,732 (0,059)	
	F	0,091 (0,079)	
Famílias andromonóicas			
	t_m	0,646 (0,248)	
	t_s	0,655 (0,181)	
	F	0,414 (0,206)	
Famílias monóicas			
	t_m	0,815 (0,099)	
	t_s	0,806 (0,106)	
	F	0,075 (0,250)	

P = nível de significância dos valores de χ^2

As estimativas da taxa t_m de cruzamento natural nas famílias, demonstram que o modo de reprodução misto também foi consistente de família para família, estando coerente com o esperado pela expressão sexual, já que, em média, a fecundação cruzada foi de 62% nas famílias andromonóicas e de 78% nas famílias monóicas. Desconsideram-se as famílias

3, 9 e 10, pois nessas as estimativas da taxa t_m foram superiores ao possível, devido a erro de estimação (Tabela 13). Entretanto, de acordo com Ritland (1990) tais resultados não invalidam a estimativa média, além de serem muito comuns em pesquisas dessa natureza.

Tabela 13. Estimativa da taxa de cruzamento natural multilocos (t_m) por família. *C. lanatus*.
Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Família	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Expressão sexual ⁽¹⁾	(A)	(M)	(M)	(M)	(M)	(A)	(M)	(M)	(M)	(A)	(A)	(M)
t_m	0,80	0,83	(2,00)	0,57	0,86	0,48	0,97	0,87	(1,90)	(2,00)	0,60	0,84

(1) (A) = andromonóicas e (M) = monóicas

A estimativa da taxa de endocruzamento ($\hat{F} = 0,091$), evidencia também o sistema misto de reprodução nessa população. O coeficiente de endocruzamento, caso essa população tivesse atingido o equilíbrio de endogamia, deveria ser de $\hat{F} = (1 - \hat{i}) / (1 + \hat{i}) = 0,133$. O valor obtido foi ligeiramente inferior a esse último, o que é indicativo de um excesso de heterozigotos na população segregante investigada, em relação ao esperado no ponto de equilíbrio, num sistema misto de reprodução. Essa argumentação fica reforçada se for lembrado que o híbrido intervarietal, de onde proveio a população segregante, deveria ter sido altamente heterozigótico, já que as variedades parentais são geneticamente muito contrastantes.

Outro fator que pode estar contribuindo para esse excesso relativo de heterozigotos é uma possível seleção contra os homozigotos, em consequência de depressão endogâmica manifestada já no estágio de plântula. Realmente, se for considerado o fato de as plantas avaliadas terem sido propagadas em bandejas, para formação das mudas, a ocorrência de seleção não intencional pode torna-se forte. Aliás, foi observada variação na germinação das sementes, algumas germinando mais tardiamente do que outras, condicionando a existência de plântulas menos e mais vigorosas.

Deve-se salientar também, que a população segregante investigada ainda não atingiu suficiente grau de equilíbrio com endogamia, situação que, em verdade, só é alcançada assintoticamente, sob polinização livre. Em tal situação, sua homozigose atual deve estar aquém do valor sob equilíbrio e por isso $\hat{F} = 0,091 < 0,133$, conforme já apontado. Vale pois investigar que fração desse acréscimo (x) de homozigose deve ter sido alcançada, no contexto do procedimento proposto por Pereira et al. (1986). Considerando a situação mais extrema de diversidade entre as variedades parentais ($P14 = A_1A_1$ e $CS = A_2A_2$ num loco A qualquer), as genitoras F_2 das progênes aqui estudadas devem estar nas proporções $1/4$, $2/4$, $1/4$ para os genótipos A_1A_1 , A_1A_2 e A_2A_2 , respectivamente. Isso é válido para qualquer valor de s , no caso considerado. Admitindo o modelo de Wright para explicar as frequências genotípicas tem-se, para os genótipos A_1A_1 , A_1A_2 e A_2A_2 , os valores $p^2 + pqF$, $2pq(1 - F)$ e $q^2 + pqF$, respectivamente. No equilíbrio, com $p = q = 0,5$, como admitido, esperam-se as frequências 0,2832; 0,4335 e 0,2832, para esses genótipos, admitindo-se $\hat{s} = 1 - \hat{t}_m = 0,235$, como estimativa válida para a população nas gerações futuras. Na população investigada, no entanto, com $\hat{F} = 0,091$ essas frequências devem ser de 0,2728; 0,4545 e 0,2728 para os genótipos A_1A_1 , A_1A_2 e A_2A_2 , respectivamente. Utilizando a fração x proposta por Pereira et al. (1986) que se expressa por $x = (H_i - H_N)/(H_i - H_\infty)$ sendo H medidas de homozigose, tem-se, para o caso considerado, $H_i = 0,50$, $H_N = 0,2728 + 0,2728 = 0,5456$ e $H_\infty = 0,2832 + 0,2832 = 0,5664$, de modo que $x = 0,687$, significando que, com uma única geração de polinização livre ocorrida para gerar a população segregante matema, já foram atingidos 68,7% do acréscimo total da homozigose até o equilíbrio.

É interessante averiguar ainda, o número de gerações (N) adicional necessário para que a população PCS atinja ao menos 90% (x) da homozigose esperada no ponto de equilíbrio com endogamia. Ora, como $\hat{s} = 0,235$ e $N = \log [(1 - x)\hat{s}/2] / \log (\hat{s}/2)$ (Pereira et al., 1986), verifica-se que, pelo menos uma geração adicional de polinização livre seria suficiente para que a referida população atingisse 90% da homozigose esperada sob equilíbrio. Isso seria mais adequado para os estudos de genética quantitativa planejados para essa pesquisa, uma vez que a aproximação ao equilíbrio teria sido maior e os materiais

teriam se adequado mais aos modelos genéticos da literatura, além de aumentar a possibilidade do surgimento de indivíduos transgressivos desejáveis comercialmente, pois ocorreria também uma geração a mais de recombinação. Por outro lado, as progênes PL, obtidas a partir dessa população segregante, já atingiram 90% da homozigose esperada no equilíbrio, pois foram geradas após duas gerações de polinização livre. Portanto, uma alternativa seria compor um *bulk* de sementes das progênes PL e gerar uma nova população base e, a partir desta, obter novas famílias.

Em síntese, foi verificado que a população PCS de melancia apresenta sistema misto de reprodução, sendo que a taxa de fecundação cruzada mostrou tendência de diferir entre as famílias andromonóicas e monóicas; que apresenta excesso de heterozigotos em relação ao esperado no equilíbrio com endogamia; que apesar de não ter atingido o equilíbrio completo apresenta-se razoavelmente próximo deste, uma vez que 68,7% do acréscimo possível de homozigose foram atingidos. Além disso, pode-se inferir que, mesmo apresentando sistema misto de reprodução, essa população está, geneticamente, mais próxima de populações alógamas do que de autógamias.

Tais constatações conduzem a algumas dificuldades, mas também em algumas vantagens em termos da condução de programas de melhoramento, multiplicação de acessos de germoplasma e cultivares, assim como na estimação de componentes da variância genética.

Nas populações mistas, o grau de parentesco existente entre os indivíduos de famílias maternas deve ser maior do que o esperado sob alogamia, implicando que estimativas incorretas de parâmetros genéticos podem ser obtidas se a taxa F for considerada nula.

Portanto, torna-se essencial a determinação consistente da taxa de fecundação cruzada das populações que se pretende explorar, pois isso proporciona um melhor conhecimento da estrutura genética dessas populações. Nesse caso, o emprego de marcadores bioquímicos e moleculares constitui uma ferramenta preponderante em virtude de possibilitar a quantificação de alguns parâmetros genéticos populacionais, como por exemplo da taxa de cruzamento natural e do coeficiente de endocruzamento.

A importância da quantificação desses parâmetros em populações de melancia é mais acentuada, em decorrência do fato de a expressão sexual e conseqüentemente do sistema reprodutivo serem condicionados por fatores genéticos e também influenciados por fatores ambientais. É necessário frisar que a população PCS é oriunda do intercruzamento de uma população andromonóica e outra monóica, sendo segregante para a expressão sexual. Talvez populações estritamente andromonóicas apresentem maior taxa de autofecundação natural e, por conseguinte, possam ser mais próximas das autógamas do que das alógamas. Em populações monóicas pode ocorrer também autofecundação, porém com probabilidade menor.

Dois pontos cruciais também devem ser considerados. O primeiro, refere-se à precaução contra contaminação genética durante a execução de processos seletivos e de multiplicação de acessos e cultivares, devendo-se isolar criteriosamente as estruturas florais e efetuar emasculações nas flores hermafroditas. O segundo, consiste em se tentar evitar a ocorrência de seleção não intencional contra plântulas endogâmicas durante a produção de mudas. São necessários estudos sobre a quebra de dormência das sementes para contornar problemas na estimação de parâmetros de genética quantitativa.

Por outro lado, o fato de a população PCS se encontrar mais próxima das alógamas, reverte na vantagem de ser possível empregar métodos de seleção recorrente no melhoramento dessa população, bem como de outras que apresentem estrutura populacional semelhante. A seleção recorrente, além de aumentar a freqüência de alelos desejáveis, promove a recombinação e conseqüentemente a dissociação indesejável entre caracteres de importância econômica.

Outra grande vantagem para o melhoramento de espécies que possuem sistema misto de reprodução, consiste no fato de a ocorrência natural tanto de cruzamentos quanto de autofecundações, proporcionar, naturalmente, a recombinação e a eliminação de carga genética, o que possibilita a seleção de indivíduos segregantes para caracteres de interesse que apresentem pouca ou nenhuma depressão endogâmica. Nas espécies alógamas ocorre recombinação natural, porém a depressão endogâmica observada é muito elevada. Já nas espécies autógamas, não ocorre depressão em decorrência da endogamia, mas, por outro lado, só é possível recombinar através de polinizações artificiais.

4.2. Análises estatístico-genéticas

4.2.1. Análises de variância

Os resumos das análises de variância agrupadas, ou seja, os quadrados médios, testes F e coeficientes de variação, bem como as médias gerais e amplitudes de variação das médias por tipo de progênie, constam na Tabela 14 para os caracteres estande final (S), produção de frutos por planta (PP), peso de fruto (PF) e número de frutos (NP); na Tabela 15 para cor da polpa (CP), teor de sólidos solúveis (TS), diâmetro longitudinal (DL) e transversal (DT) do fruto; na Tabela 16 para formato do fruto (FF), espessura da polpa (EP), número de sementes (NS) e peso de 100 sementes (PS) por fruto.

No texto que segue, o termo famílias será empregado para designar o conjunto de filhas (PL e AF) de uma dada planta-mãe. O termo progênie, por sua vez, será usado para indicar filhas de um só tipo (como PL ou AF).

Foram observadas, em média, 5,6% de mortalidade nas progênies PL e 8,2% nas progênies AF. Em relação ao estande final, foi detectada significância nos efeitos relativos às famílias e tipos de progênies, ao passo que entre as progênies PL o estande não variou significativamente, ao contrário do observado entre as progênies AF. Apesar dos efeitos significativos, a competição entre as plantas, que por ventura tenha ocorrido, não comprometeu a tomada de dados, já que tanto as taxas de mortalidade quanto os coeficientes de variação foram relativamente baixos.

Em geral, houve uma boa precisão experimental para a maioria dos caracteres, principalmente nas faixas referentes aos tipos de progênies, pois os valores dos coeficientes de variação foram de moderados a baixos. No entanto, os caracteres envolvidos na produção de frutos (PP, PF e NP) apresentaram valores mais altos de coeficientes de variação, implicando em precisão experimental menor, o que pode comprometer tanto as estimativas dos componentes da variância quanto dos parâmetros genéticos. Todavia, altos valores de coeficientes de variação para essas caracteres são, até certo ponto, esperados, uma vez que são muito mais influenciados pelo ambiente do que os demais.

A fonte de variação do efeito geral de famílias acusou significância em todos os caracteres. Isso indica diferenças genéticas entre as plantas-mãe, nesse caso avaliadas através do comportamento das filhas PL e AF, conjuntamente. Em outras palavras, indica a existência de apreciável variabilidade genética e, conseqüentemente, potencial a ser explorado em um programa de melhoramento.

O contraste entre as médias das progênies PL e progênies AF, avaliado pelo efeito de tipos de progênies, foi significativo em todos os caracteres, exceto para PP, NP, FF e PS. Efeito significativo para essa fonte de variação, indica que as médias desses tipos de progênies diferiram entre si, demonstrando a ocorrência de depressão endogâmica.

Os efeitos devidos às interações entre famílias e tipos de progênies também foram significativos na maioria dos caracteres, menos para PP e NP. Depreende-se, assim, que a diferença entre progênies PL e progênies AF, ou seja a depressão por endogamia, não ocorreu com a mesma intensidade nas progênies analisadas para esses caracteres. Outra maneira de interpretar a significância dessa interação $P \times T$ é dizer que a variância genética observada entre as famílias PL e AF não foram da mesma grandeza. Para todos os caracteres foram detectados efeitos significativos tanto entre progênies PL quanto entre progênies AF, demonstrando, mais uma vez, a existência de diferenças dentro de cada tipo, que são indicativas de variabilidade genética potencial.

Principalmente para os caracteres relacionados com a produção de frutos, foi observada considerável amplitude de variação tanto entre as médias das progênies PL como entre as AF. Em relação às variáveis PP, PF e NP essas amplitudes foram de 24,5 kg/planta; 3,4 kg/fruto e 15,3 frutos/planta nas progênies PL e de 30,8 kg/planta; 4,6 kg/fruto e 12,4 frutos/planta, nas AF, respectivamente. Para os demais caracteres, a amplitude de variação entre as médias de progênies (PL e AF), foi de moderada a baixa, sendo que o caráter FF apresentou menor amplitude (0,19 nas progênies PL e 0,26 nas progênies AF) e a variável NS a maior amplitude (456,8 sementes/fruto nas progênies PL e 484,12 nas progênies AF).

As médias das progênies PL e progênies AF encontram-se nos Anexos B e D, respectivamente, para os caracteres PP, PF, NP, CP e TS e nos Anexos C e E para as variáveis DL, DT, FF, EP, NS e PS.

Tabela 14. Resumo da análise de variância agrupada, de acordo com o delineamento em faixas e o modelo misto, dos caracteres estande final (S), produção de frutos por planta (PP), peso de fruto (PF) e número de frutos por planta (NP), com respectivas médias gerais e amplitude de variação. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Fontes de Variação	G.L.	Quadrados		Médios	
		S	PP	PF	NP
Experimentos	1	0,7526	1163,8108	9,0279	3,9144
Repetições/Exp.	4	1,3620	213,9665	1,6229	91,1616
Famílias (P)/Exp.	62	0,7637 **	68,7637 **	4,3247 **	33,0839 **
Resíduo a/Exp.	124	0,4587	62,5580	0,5381	10,4325
Tipos de Progenies (T)/Exp.	2	0,9193 *	46,0351 ns	5,2116 **	58,0410 ns
Resíduo b/Exp.	4	0,0755	25,1535	0,2218	0,2861
Interação P x T	62	0,3601 ns	35,7665 ns	0,8288 **	10,0883 ns
Resíduo c/Exp.	124	0,2906	30,8680	0,4380	11,6879
Desdobramento do efeito de famílias mais da interação P x T					
Progenies/PL	63	0,4891 ns	59,7621 **	1,8789 **	23,5317 **
Progenies/AF	63	0,6322 **	61,6817 **	3,3466 **	19,1155 **
Resíduo d/Exp	248	0,3746	46,7130	0,4881	11,0602
Coefficientes de Variação					
C.V. (a) %		14,55	47,33	22,16	43,91
C.V. (b) %		5,90	30,01	14,23	7,27
C.V. (c) %		11,58	33,25	19,99	46,48
C.V. (d) %		13,15	40,90	21,12	45,22
Médias					
Progenies PL		4,72	17,18	3,15	7,89
Progenies AF		4,59	16,24	3,47	6,82
Amplitude de Variação					
Progenies PL					
Menor Valor		2,67	7,31	1,61	3,67
Maior Valor		5,00	31,79	5,00	19,00
Progenies AF					
Menor Valor		3,00	7,19	1,57	2,50
Maior Valor		5,00	38,00	6,22	14,95

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade, pelo teste F

* Significativo ao nível de 5% de probabilidade, pelo teste F

ns Não significativo ao nível de 5% de probabilidade, pelo teste F

Tabela 15. Resumo da análise de variância agrupada, de acordo com o delineamento em faixas e o modelo misto, dos caracteres cor (CP) e teor de sólidos solúveis (TS) da polpa, diâmetro longitudinal (DL) e diâmetro transversal (DT) do fruto, com respectivas médias gerais e amplitude de variação. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Fontes de Variação	G.L.	Quadrados Médios			
		CP	TS	DL	DT
Experimentos	1	16,5399	0,0709	31,3794	37,0193
Repetições/Exp.	4	0,1559	2,5850	7,2483	4,4774
Famílias (P)/Exp.	62	2,6574 **	3,9910 **	20,6618 **	11,9694 **
Resíduo a/Exp.	124	0,2109	0,3137	2,7462	1,4933
Tipos de Progenies (T)/Exp.	2	2,4236 **	3,9652 **	10,6490 *	12,9449 **
Resíduo b/Exp.	4	0,0973	0,1520	0,3502	0,5060
Interação P x T	62	0,6685 **	1,1106 **	3,3646 **	2,2351 **
Resíduo c/Exp.	124	0,2134	0,2985	0,4380	1,1410
Desdobramento do efeito de famílias mais da interação P x T					
Progenies /PL	63	1,4291 **	2,6369 **	10,0559 **	7,1038 **
Progenies /AF	63	1,8382 **	3,1614 **	14,0900 **	8,9094 **
Resíduo d/Exp.	248	0,2122	0,3061	2,2651	1,3172
Coefficientes de Variação					
C.V. (a) %		13,71	7,57	8,45	7,09
C.V. (b) %		9,31	5,27	3,02	4,13
C.V. (c) %		13,79	7,38	6,81	6,19
C.V. (d) %		13,75	7,48	7,67	6,66
Médias					
Progenies PL		3,45	7,27	19,39	16,99
Progenies AF		3,25	7,53	19,85	17,49
Amplitude de Variação					
Progenies PL					
Menor Valor		2,20	5,56	15,36	13,95
Maior Valor		4,82	8,85	22,80	19,75
Progenies AF					
Menor Valor		1,58	5,42	15,26	13,98
Maior Valor		5,00	9,93	24,73	21,57

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade, pelo teste F

* Significativo ao nível de 5% de probabilidade, pelo teste F

ns Não significativo ao nível de 5% de probabilidade, pelo teste F

Nota-se que, em relação à produção de frutos por planta (PP), a grande maioria das progênies PL teve comportamento superior ao das testemunhas (T_1 com média de 12,1 kg/planta e T_2 com média de 12,6 kg/planta). A melhor progênie PL foi a de número PL 37 com 31,8 kg/planta, que se destacou das demais pelo teste de Scott & Knott, inclusive das imediatamente abaixo desta (PL 3, 10, 11, 18 e 31). A mesma superioridade em relação às testemunhas foi observada nas progênies AF. Destacou-se a progênie AF 12 com 38,0 kg/planta, bem como as de número AF 7, 11, 14, 16 e 37.

Vale ressaltar que a testemunha T_2 pode ser considerada como cultivar padrão, já que corresponde à variedade comercial Crimson Sweet, que é a mais cultivada no Brasil. Além disso, foi empregada como um dos genitores da população segregante PCS.

Em relação à variável peso de frutos (PF), foi constatada amplitude de variação menor entre as médias, mas, mesmo assim, o teste empregado detectou diferenças significativas. Todas as progênies apresentaram pesos de fruto inferiores às testemunhas, tanto no caso das PL quanto das AF, com exceção das de número AF 12 e AF 19. Estas últimas, inclusive, diferiram das testemunhas. A maioria das progênies também foi superior às testemunhas quanto ao número de frutos por planta, com exceção da progênie AF 51, que apesar de apresentar menor valor de NP não diferiu das mesmas.

Na escala de notas utilizada nesta pesquisa, para mensurar a cor da polpa (CP), os valores menores correspondem ao vermelho mais intenso. Assim, pelas médias de progênies, nota-se que houve predomínio de material genético com coloração de branca a rósea. Verifica-se, pois, que todas as progênies foram inferiores às testemunhas no que se refere a esse caráter, com exceção apenas da progênie AF 24, que por sua vez não diferiu das testemunhas. Outras progênies AF também não diferiram das testemunhas quanto a CP, indicando haver a possibilidade de seleção mesmo diante desses resultados.

Quanto ao teor de sólidos solúveis (TS), constatou-se que todas as progênies PL foram inferiores às testemunhas, enquanto que quatro progênies AF foram superiores a T_1 e inferiores a T_2 e somente duas foram superiores a T_2 . Essas progênies todavia não apresentaram diferenças significativas em relação às testemunhas, resultado que é interessante para o melhoramento, via seleção.

Tabela 16. Resumo da análise de variância agrupada, de acordo com o delineamento em faixas e o modelo misto, dos caracteres formato do fruto (FF), espessura da polpa (EP), número de sementes (NS) e peso de 100 sementes (PS) por fruto, com respectivas médias gerais e amplitude de variação. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Fontes de Variação	G.L.	Quadrados Médios			
		FF	EP	NS	PS
Experimentos	1	0,0041	10,8626	80186,49	1,6877
Repetições/Exp.	4	0,0035	3,5360	25942,57	0,6044
Famílias (P)/Exp.	62	0,0108 **	2,6558 **	49071,49 **	7,6554 **
Resíduo a/Exp.	124	0,0014	0,3179	8966,87	0,8215
Tipos de Progenies (T)/Exp.	2	0,0051 ns	4,3183 **	133406,36 **	2,2579 ns
Resíduo b/Exp.	4	0,0003	0,2283	7257,99	0,2461
Interação P x T	62	0,0024 **	0,4766 **	10229,13 **	1,8217 **
Resíduo c/Exp.	124	0,0009	0,2294	5300,93	0,4306
Desdobramento do efeito de famílias mais da interação P x T					
Progenies /PL	63	0,0054 **	1,4771 **	25849,52 **	4,3622 **
Progenies /AF	63	0,0078 **	2,0310 **	31564,07 **	5,6002 **
Resíduo d/Exp.	248	0,0012	0,2736	7133,90	0,6261
Coefficientes de Variação					
C.V. (a) %		3,28	7,32	19,77	15,96
C.V. (b) %		4,80	6,20	17,79	8,73
C.V. (c) %		2,63	6,21	15,20	11,55
C.V. (d) %		3,05	6,79	17,64	13,82
Médias					
Progenies PL		1,14	7,56	503,27	5,69
Progenies AF		1,13	7,85	454,57	5,67
Amplitude de Variação					
Progenies PL					
Menor Valor		1,03	6,26	244,36	3,84
Maior Valor		1,22	8,97	701,20	8,27
Progenies AF					
Menor Valor		1,00	6,31	248,56	3,56
Maior Valor		1,26	10,14	732,68	9,30

** Significativo ao nível de 1% de probabilidade, pelo teste F

* Significativo ao nível de 5% de probabilidade, pelo teste F

ns Não significativo ao nível de 5% de probabilidade, pelo teste F

Para os caracteres diâmetro longitudinal (DL) e transversal (DT) de frutos, também foi observado que grande parte das progênes apresentou dimensão de fruto menor que a das testemunhas. Tais resultados são, obviamente, esperados, já que todas as progênes apresentaram pesos de fruto inferiores aos das testemunhas.

A variável formato de fruto (FF), apesar de ter tido menor amplitude de variação, mesmo assim apresentou variação genética nos materiais avaliados, sendo que 70% e 56% das progênes PL e das AF, respectivamente, apresentaram valores inferiores ao das testemunhas. É bom lembrar que valores mais próximos de 1,0 correspondem a frutos tendendo para o formato redondo, padrão desejável economicamente.

A espessura da polpa (EP) da maioria das progênes foi inferior ao observado nas testemunhas. Somente 5% e 12% das progênes PL e das AF, respectivamente, tiveram valores superiores aos destas últimas. Em relação ao número de sementes (NS), os resultados também não foram muito promissores, uma vez que apenas 3% das progênes PL e das AF apresentaram NS inferiores aos das testemunhas. Para o caráter PS, cerca de 25% das progênes tanto PL quanto AF, apresentaram pesos de 100 sementes por fruto inferiores àqueles referentes às testemunhas.

Pelos resultados obtidos, constata-se que a maioria das progênes foi superior às testemunhas, especialmente para alguns caracteres de maior importância econômica, como por exemplo PP e NP, assim como para PF no caso de se desejar frutos menores. Demonstram, ainda, que apesar de a população segregante ainda não ter atingido grau satisfatório de aproximação ao equilíbrio com endogamia, ocorreram quantidades consideráveis de recombinações, pois em muitas progênes e para alguns dos caracteres, foram detectados indivíduos transgressivos. Isso é indicativo de que o material sob estudo tem grande potencial para se praticar seleção baseada nas progênes avaliadas. O emprego de maior número de progênes, em trabalhos futuros de melhoramento deste material, certamente aumentará a ocorrência de progênes combinando vários caracteres agronomicamente favoráveis.

4.2.2. Componentes da variância, covariâncias e correlações entre parentes

Na Tabela 17 constam as estimativas referentes às variâncias entre as progêneses autofecundadas (σ^2_{AF}), entre as progêneses de polinização livre (σ^2_{PL}) e entre as famílias (σ^2_p), bem como das variâncias fenotípicas entre as médias das progêneses AF ($\sigma^2_{\bar{y}_{AF}}$) e entre as médias das progêneses PL ($\sigma^2_{\bar{y}_{PL}}$). Nesta tabela também estão inseridas as estimativas dos homólogos dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias das progêneses PL (h^2_m) e das correlações genéticas entre progêneses AF e PL [$r_{G(AF,PL)}$].

É importante ressaltar que as variâncias $\hat{\sigma}^2_{AF}$, $\hat{\sigma}^2_{PL}$ e $\hat{\sigma}^2_p$, correspondem, respectivamente, às covariâncias genéticas entre irmãs AF [$Cov_{(AF,AF)}$], entre irmãs PL [$Cov_{(PL,PL)}$] e entre irmãs AF e PL [$Cov_{(AF,PL)}$].

Na Tabela 18 podem ser visualizadas as estimativas das covariâncias entre as plantas maternas (PM) e filhas AF [$Cov_{(PM,AF)}$] e entre as plantas PM e filhas PL [$Cov_{(PM,PL)}$], assim como as correlações genético-fenotípicas entre as PM e suas respectivas filhas AF e PL [$\hat{r}_{GF}(PM,AF)$ e $\hat{r}_{GF}(PM,PL)$].

Foram considerados, aqui, os caracteres produção de frutos por planta (PP), peso de fruto (PF), número de frutos por planta (NP), cor da polpa (CP), teor de sólidos solúveis (TS), diâmetro longitudinal (DL) e transversal (DT) dos frutos, formato do fruto (FF), espessura da polpa (EP) e o número de sementes (NS) e o peso de 100 sementes (PS) por fruto.

Verificou-se que a variância $\hat{\sigma}^2_{AF}$ foi superior à variância $\hat{\sigma}^2_{PL}$, em relação a todos os caracteres, com exceção de NP. Esses resultados enquadram-se no esperado geneticamente, uma vez que o aumento da endogamia resulta em um incremento na variância genética entre as progêneses AF. Contudo, em termos de magnitude, observou-se que as diferenças entre as progêneses AF e PL não foram tão acentuadas, provavelmente em decorrência de estas últimas apresentarem algum grau de endogamia devido ao próprio sistema misto de reprodução.

Tabela 17. Estimativas das variâncias genéticas entre progênes autofecundadas (σ^2_{AF}), entre progênes de polinização livre (σ^2_{PL}) e entre famílias (σ^2_p); estimativas das variâncias fenotípicas entre as médias das progênes AF ($\sigma^2_{\bar{y}_{AF}}$) e entre as médias das progênes PL ($\sigma^2_{\bar{y}_{PL}}$); estimativas dos homólogos dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias das progênes PL (h^2_m) e das correlações genéticas entre progênes AF e PL [$r_{G(AF,PL)}$], referentes a onze caracteres avaliados na população segregante PCS de melancia. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Caracteres	Componentes da variância ⁽¹⁾					$\hat{h}^2_m$	$\hat{r}_{G(AF,PL)}$
	$\hat{\sigma}^2_{AF}$	$\hat{\sigma}^2_{PL}$	$\hat{\sigma}^2_p$	$\hat{\sigma}^2_{\bar{y}_{AF}}$	$\hat{\sigma}^2_{\bar{y}_{PL}}$		
PP	4,9896	4,3497	0,2179	20,5606	19,9207	0,22	0,05
PF	0,9529	0,4636	0,5660	1,1155	0,6263	0,74	0,85
NP	2,6851	4,1572	3,5660	6,3718	7,8439	0,53	1,07
CP	0,6105	0,4325	0,3319	0,6127	0,5032	0,86	0,64
TS	0,9542	0,5253	0,4790	1,0538	0,6274	0,84	0,68
DL	3,9416	2,5969	2,7225	4,6967	3,3520	0,77	0,85
DT	2,5909	1,3934	1,5637	2,9698	1,8325	0,76	0,82
FF	0,0023	0,0014	0,0013	0,0026	0,0017	0,78	0,75
EP	0,6207	0,2874	0,3485	0,6770	0,3787	0,76	0,82
NS	8811,3667	6517,0333	5862,7367	10521,3567	8895,0000	0,73	0,77
PS	1,6881	1,0360	0,9071	1,8334	1,2447	0,83	0,68

(1) $\hat{\sigma}^2_{AF}$, $\hat{\sigma}^2_{PL}$ e $\hat{\sigma}^2_p$ correspondem, respectivamente, as covariâncias genéticas entre irmãos AF [$Cov(AF, AF)$], entre irmãos PL [$Cov(PL, PL)$] e entre irmãos AF e PL [$Cov(AF, PL)$]

Por outro lado, as variâncias entre as famílias ($\hat{\sigma}^2_p$), que corresponde à avaliação das plantas maternas por meio do comportamento conjunto das filhas PL e AF, foram superiores às variâncias $\hat{\sigma}^2_{PL}$, apenas para os caracteres DL, DT e EP. Portanto, nas demais variáveis os valores observados discordam dos valores esperados geneticamente, já que o parentesco deve ser maior entre as famílias do que entre as progênes PL somente.

Em geral, as variâncias fenotípicas foram superiores às variâncias genéticas nos dois tipos de progênies, o que é perfeitamente esperado, já que nas variâncias fenotípicas estão incluídas as variâncias ambientais. Porém, em relação aos caracteres PP, NP e NS essa superioridade foi ainda maior, demonstrando a grande influência ambiental sobre esses caracteres, o que é comprovado também pelos altos coeficientes de variação apresentados nas Tabelas 14 e 16.

As estimativas dos homólogos dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias das progênies PL (b_m^2) foram superiores a 0,7 em todos os caracteres avaliados, exceto para PP e NP, que são justamente os mais influenciados pelas condições ambientais e que apresentam controle genético mais complexo. Desse modo, a seleção com base no fenótipo médio de progênies poderá ser eficiente, basicamente, para todos os caracteres, já que esse parâmetro representa a porção da variância fenotípica entre essas médias PL que é devida ao genótipo.

As correlações genéticas entre as progênies AF e PL também foram altas para a maioria dos caracteres avaliados (superiores a 0,6), com exceção apenas da variável PP (0,05). Isso indica que a seleção pode ser efetuada tanto com base nas progênies AF quanto nas progênies PL. Indica também a possibilidade de selecionar com base em ambos os critérios (PL e AF) simultaneamente, ou seja, de identificar progênies de mães com boa capacidade geral de combinação (manifestada em PL) e mais homozigóticas para genes favoráveis (manifestada em AF).

Em relação às covariâncias entre as plantas maternas e as progênies AF e PL, constatou-se que as estimativas estão coerentes com o esperado em termos genéticos para todos os caracteres avaliados, exceto para NP e NS, pois as covariâncias $Cov(p_M, PL)$ foram maiores do que as covariâncias $Cov(p_M, AF)$, nesses dois casos.

Com base nas correlações genético-fenotípicas entre as plantas maternas e as progênies AF e PL, pode-se ter uma idéia do quanto as filhas representam as mães e, conseqüentemente, da eficiência em se praticar seleção na população segregante baseando-se nesses dois tipos de progênies. Todavia, deve-se lembrar que as avaliações feitas nas plantas-mãe foram, logicamente, efetuadas em uma única planta e na geração anterior à geração na qual foram avaliadas as filhas, podendo ser que os erros incluídos nessas

estimativas sejam elevados em consequência desses dois fatos. Portanto, essas estimativas devem ser consideradas levando-se isso em conta. De qualquer forma, essas correlações mães-filhas são menos afetadas pela interação genótipo x ano, em comparação com as outras estimadas de dados coletados em um só ano. Observou-se que as correlações foram altas em relação aos caracteres PF, CP, TS, DL e DT, moderadas para as variáveis FF e EP e baixas para os caracteres PP, NP, NS e PS.

Tabela 18. Estimativas das covariâncias $Cov(PM, AF)$ e $Cov(PM, PL)$ e das correlações genético-fenotípicas $\hat{r}_{GF}(PM, AF)$ e $\hat{r}_{GF}(PM, PL)$ entre plantas maternas (PM) e filhas AF e entre PM e filhas PL, respectivamente, de onze caracteres avaliados na população segregante PCS de melancia. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Caracteres	Covariâncias		Correlações	
	$Cov(PM, AF)$	$Cov(PM, PL)$	$\hat{r}_{GF}(PM, AF)$	$\hat{r}_{GF}(PM, PL)$
PP	8,1597	7,4564	0,48	0,47
PF	0,7493	0,5309	0,62	0,63
NP	0,7589	3,4874	0,06	0,23
CP	0,4356	0,3514	0,71	0,68
TS	0,9995	0,7344	0,73	0,72
DL	3,2920	2,8654	0,63	0,67
DT	2,0043	1,4610	0,63	0,62
FF	0,0017	0,0014	0,52	0,57
EP	0,4309	0,2770	0,58	0,55
NS	3218,2963	4748,2885	0,19	0,32
PS	1,4587	1,3448	0,44	0,52

De um modo geral, detectou-se a existência de variação genética, ou seja, variabilidade genética tanto entre as famílias quanto entre as progênes estudadas para todos os caracteres avaliados nessa pesquisa. No entanto, a baixa precisão experimental verificada para aqueles relacionados com a produção de frutos, realmente influenciou as estimativas dos componentes da variância, bem como dos outros parâmetros genéticos afins.

4.2.3. Depressão endogâmica observada

Conforme já exposto na metodologia, neste trabalho o termo depressão observada (*DE*) é usado para designar a simples diferença entre a média de um caráter nas plantas obtidas por polinização livre (*PL*) e a respectiva média após uma geração de autofecundação (*AF*), ou seja, em termos gerais $DE = \bar{Y}_{PL} - \bar{Y}_{AF}$. Isso é ressaltado para evitar possível confusão entre o significado de *DE* e *H* (depressão total).

As estimativas médias de *DE*, relativas à população PCS como um todo, isto é, reunindo as informações de todas as progênies, são dadas na Tabela 19. Nesta, são fornecidas também as amplitudes de variação da depressão entre progênies, a significância da depressão média e os valores *DE* (%).

Os caracteres abrangidos foram: produção de frutos por planta (*PP*), peso de fruto (*PF*), número de frutos por planta (*NF*), cor da polpa (*CP*), teor de sólidos solúveis (*TS*), diâmetro longitudinal (*DL*) e transversal (*DT*) do fruto, formato do fruto (*FF*), espessura da polpa (*EP*), número de sementes (*NS*) e peso de 100 sementes (*PS*) por fruto.

Ao considerar estes resultados sobre a depressão endogâmica é preciso lembrar que os ensaios foram instalados empregando o transplântio de mudas das bandejas para o campo. Nesse processo pode ter havido seleção não intencional favorecendo mudas mais vigorosas o que pode ter provocado um viés nas estimativas de *DE*, sobretudo nos caracteres dependentes do vigor e do desenvolvimento das plantas. Tal seleção, se de fato ocorreu, deve ter afetado mais as médias das plantas *AF* do que das plantas *PL*.

Sabe-se que a depressão causada pela endogamia é um fenômeno decorrente da redução da heterozigosidade em locos cujos alelos têm algum grau de dominância (desconsiderando-se efeitos epistáticos). Incluem-se aí os locos de genes quantitativos, bem como os de genes deletérios ou detrimenais. A uma redução da frequência de heterozigotos, na população, corresponde um aumento de homozigotos. Assim, passam a se expressar alelos recessivos desfavoráveis antes mascarados na condição heterozigótica (Vencovsky & Barriga, 1992). Dessa forma, é esperado que a depressão seja maior em populações mais heterozigóticas e com maior carga genética, assim como naqueles caracteres governados por grande proporção de locos com dominância unidirecional.

A população PCS de melancia, caracteriza-se por ser uma população não melhorada, uma vez que ainda não foi submetida a qualquer tipo de seleção, portanto pode conter níveis consideráveis de carga genética. O passado genético também influencia na quantidade de carga genética, sendo que essa carga pode ter sido eliminada total ou parcialmente no passado, em função, principalmente, do sistema reprodutivo. Como argumentado anteriormente, nela é esperada também uma frequência relativamente alta de indivíduos heterozigóticos. Além disso, para alguns caracteres foram verificadas altas estimativas de heterose por Ferreira (1996), em híbridos F_1 resultantes do cruzamento entre P14 e Crimson Sweet. Segundo Vencovsky & Barriga (1992), analisar a manifestação de heterose em cruzamentos, permite um conhecimento primário a respeito da dominância gênica, uma vez que a existência de heterose em uma combinação híbrida indica a presença de alguma dominância nos locos que controlam o caráter ou em uma parcela desses locos. Contudo, a recíproca não é verdadeira, já que a existência de dominâncias negativas e positivas pode provocar um cancelamento e, em consequência, a não manifestação da heterose, apesar da presença de dominância. De acordo, ainda, com esses autores, outra alternativa é averiguar as alterações advindas de autofecundações, uma vez que a perda de vigor em indivíduos endogâmicos é o oposto da heterose e, assim, indicativo da presença de dominância.

Mediante as considerações feitas, a expectativa era que houvesse depressão endogâmica na população PCS, devido à sua origem híbrida, principalmente nos caracteres mais complexos. Pela história genética dessa espécie e devido à sua alogamia parcial esperava-se, no entanto, que a depressão não fosse tão pronunciada como a observada em espécies tipicamente alógamas, como o milho. Isso de fato ocorreu.

Para avaliar os resultados obtidos é preciso associar os valores da Tabela 19 aos das Tabelas 14, 15 e 16, estas últimas principalmente para verificar a significância dos efeitos da interação Famílias x Tipos ($P \times T$). O quadrado médio dessa fonte de variação $[QM(P \times T)]$ mensura a variação da depressão entre famílias.

Os caracteres PP e NP, relativos à produção de frutos, foram os que não apresentaram depressão detectável, nem variação da depressão de uma progênie para outra. Isso deve ser, em grande parte, devido aos altos coeficientes de variação. As conclusões, portanto, ficam prejudicadas para esses dois caracteres.

Nas variáveis FF e PS não se verificou depressão média significativa; houve, no entanto, variação de *DE* entre as progênes. Nos demais caracteres a depressão média, bem como sua variação acusaram significância.

Os dados aqui encontrados, relativos à variável NP, conflitam com os obtidos por Ferreira (1996), que detectou heterose de 125,6% no cruzamento entre os materiais P14 e CS, os mesmos que utilizados nesta pesquisa. Era de se esperar manifestação de depressão onde ocorreu heterose. Foram constatadas, também, altas heteroses nos caracteres CP, NS e PS, estando os valores de depressão em conformidade com esses resultados. Uma falta de correspondência entre esses dois fenômenos também se verificou nas variáveis PF, TS, DL, DT e EP, para os quais a depressão se manifestou sem que se detectasse heterose nos cruzamentos dialélicos feitos previamente por Ferreira (1996). Resultados desse tipo podem ser explicados pela existência de dominância não unidirecional, entre outras causas.

Tabela 19. Médias das depressões endogâmicas observadas de onze caracteres avaliados na população segregante PCS de melancia, com respectivas amplitudes de variação. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Caracteres	DE			DE (%)			Teste F Interação P x T ⁽¹⁾ e ⁽²⁾
	Média ⁽¹⁾	Amplitude		Média	Amplitude		
		Menor valor	Maior valor		Menor valor	Maior valor	
PP	0,95 ns	-18,70	10,43	1,87	-116,69	48,97	1,16 ns
PF	-0,32 **	-2,51	0,87	-10,97	-116,85	22,52	1,89 **
NP	1,07 ns	-5,04	12,61	9,91	-89,52	72,31	0,86 ns
CP	0,20 **	-0,90	2,46	4,72	-25,21	51,56	3,13 **
TS	-0,26 **	-2,79	1,06	-3,96	-48,95	12,78	3,72 **
DL	-0,47 *	-4,17	2,69	-2,56	-21,40	11,90	7,68 **
DT	-0,51 **	-3,58	1,82	-3,02	-23,58	9,70	1,96 **
FF	0,01 ns	-0,10	0,15	0,46	-9,52	12,30	2,67 **
EP	-0,28 **	-1,71	0,70	-3,68	-24,44	8,51	2,08 **
NS	48,70 **	-166,70	307,75	8,60	-39,44	55,93	1,93 **
PS	0,02 ns	-3,67	3,80	-0,71	-88,43	47,32	4,23 **

(1) ** significativo ao nível de 1%, * significativo ao nível de 5% e ns não significativo ao nível de 5% de probabilidade, pelo teste F;

(2) Teste F da interação P x T das Tabelas 14, 15 e 16.

Outro ponto importante a ser considerado é quanto à direção da depressão e seu efeito sobre os caracteres estudados. As estimativas médias das depressões para os caracteres PP, NP, CP, FF, NS e PS foram positivas, indicando que, com o decorrer das gerações de autofecundação, esses caracteres tenderão a diminuir, ao passo que em relação às variáveis PF, TS, DL, DT e EP as estimativas foram negativas, esperando-se, assim, que aumentem com a autofecundação. As implicações práticas desses valores, são em alguns casos favoráveis, porém indesejáveis em outros. Quanto aos caracteres CP, TS, EP, NS e PS, os efeitos de sucessivas gerações de autofecundação, as favorecerão, pois a tendência é que atinjam níveis desejados em programas de melhoramento. A cor da polpa se aproximará da vermelha, o teor de sólidos solúveis e a espessura da polpa aumentarão e o número e peso de sementes diminuirão. Enquanto que, para os demais caracteres, os efeitos da endogamia os prejudicarão, pois a tendência é que a produção de frutos e o número de frutos por planta decresçam, o peso de frutos e o diâmetro longitudinal e o transversal dos frutos aumentem, sendo esses fenótipos indesejáveis em programas de melhoramento.

Em contrapartida, felizmente, verificou-se grande amplitude de variação entre as estimativas das depressões endogâmicas por família, conforme indicado pelos valores do teste F relativo à interação P x T (Tabela 19).

Nos anexos F, G e H podem ser observadas as estimativas das depressões endogâmicas nas progênes estudadas. Percebe-se que, realmente, a amplitude de variação foi muito alta. Em relação ao caráter PP, 42,2% das progênes apresentaram amplitude variando de -116,7% a -0,4% de depressão endogâmica, enquanto que em 57,8% das progênes observaram-se estimativas entre 1,9% a 49,0%; para o caráter PF, 59,4% e 40,6% das progênes, apresentaram, respectivamente, depressões entre -116,8% a -1,2% e 0 a 22,5%; quanto ao caráter NP, em 29,7% das progênes verificaram-se depressões variando de -89,5% a -1,6%, ao passo que em 70,3% das progênes as estimativas estavam entre 1,6% a 72,3% de depressão em consequência da endogamia.

Em referência ao caráter CP, detectou-se que em 40,6% e em 59,4% das progênes, as estimativas das depressões endogâmicas estavam em torno de -25,2% a -0,8% e 0,2% a 51,6%, respectivamente. Para o caráter TS, em 51,6% das progênes avaliadas, as estimativas das depressões ficaram em torno de -48,9% a -1,2%, enquanto que em 48,4% das progênes esses valores estavam entre 1,2% a 12,8%. Quanto ao caráter DL, as

estimativas oscilaram entre $-21,4\%$ a $-0,3\%$ em 62,5% das progênies e entre $0,6\%$ a $11,9\%$ no restante. Já no caráter DT esses valores foram de $-23,6$ a $-0,05\%$ em 65,6% das progênies e de $0,4\%$ a $9,7\%$ nas demais. Enfocando o caráter FF, verificou-se que 35,9% das progênies apresentaram estimativas entre $-9,52$ a $-0,8\%$, sendo que 10,9% delas não sofreram depressão devido à endogamia, ao passo que nas demais a depressão variou de $0,8\%$ a $12,3\%$.

A maioria das progênies apresentou valores de depressão variando de $-24,4\%$ a $-0,3\%$ em relação ao caráter EP, enquanto que em 34,4% das progênies a depressão variou de 0 a $8,5\%$. Para o caráter NS, em grande parte das progênies a depressão foi positiva, variando de $0,2\%$ a $55,9\%$ e no restante os valores da depressão endogâmica oscilaram entre $-39,4\%$ a $-0,3\%$. As estimativas das depressões para o caráter PS, variou de $-88,4\%$ a $-0,4\%$ na metade da progênies, ao passo que a outra parte apresentou valores entre $0,6\%$ a $43,3\%$.

Em suma, na população PCS de melancia os efeitos depressivos resultantes da endogamia não foram tão drásticos em relação aos caracteres avaliados. Isso deve ter acontecido em função de três fatores. O primeiro deles, refere-se ao fato de a depressão real poder ser maior do que a depressão aqui observada, em decorrência da seleção não intencional ocorrida na fase de viveiro e do transplântio. O outro ponto está intimamente relacionado com a história evolutiva das cucurbitáceas, pois acredita-se que a ocorrência de populações pequenas leva a constantes cruzamentos entre indivíduos aparentados, o que pode ter contribuído para a eliminação progressiva da carga genética nas populações que compõem esse grupo de plantas. Já o terceiro, relaciona-se com o fato de que em espécies com sistema misto de reprodução a ocorrência de autofecundações naturais também devem contribuir para a eliminação gradual da carga genética.

De qualquer forma, apesar de a depressão média ter sido baixa, foi observada uma ampla variação na amplitude da depressão, sendo que, em algumas progênies, esses valores foram tão altos quanto aqueles observados em espécies estritamente alógamas, como por exemplo, para PP, NP, CP, NS e PS, nas quais foram verificadas estimativas de até 49%, 72%, 52%, 56% e 47%, respectivamente. Em milho, as estimativas das depressões endogâmicas em caracteres relacionados com a produção de grãos são, via de regra, bastante elevadas. Vencovsky (1997) detectou depressão de 68,5% para o peso de espigas e

de 73,4% para o peso de grãos. Cardoso (1999), também verificou que esses dois caracteres apresentaram maior depressão, sendo a estimativa média acima de 31,8% para o peso de espigas e acima de 32,42% para o peso de grãos. Esses, são apenas alguns exemplos dos efeitos depressivos da endogamia no milho, pois nessa espécie esse fenômeno é muito estudado, sendo fato consumado a existência de altas depressões, principalmente nos caracteres que compõem a produção de grãos e biomassa, em geral.

Outra importante constatação foi que, em virtude da grande amplitude de variação dos valores das depressões endogâmicas na maioria dos caracteres estudados, existe a possibilidade de efetuar seleção entre as famílias, de modo a priorizar aquelas que apresentem médias desejadas pelo melhorista, bem como baixas ou nenhuma depressão. Tais famílias deverão ser provenientes de plantas mais homozigóticas e geneticamente superiores, o que é interessante para o melhorista.

Essas peculiaridades, observadas na população em questão, são próprias de materiais com baixa carga genética, tal como se espera em espécies com sistema misto de reprodução e/ou que passaram por estreitamento da base genética em seu passado genético.

4.2.4. Triagem de progênies com potencial para o melhoramento genético

Até o momento, foi visto que a população PCS de melancia, apesar de apresentar sistema misto de reprodução, está, geneticamente, mais próxima das alógamias. As vantagens decorrentes desses fatos são, resumidamente, a possibilidade de empregar métodos de seleção recorrente a fim de melhorar essa população e de selecionar indivíduos segregantes que apresentem pouca ou nenhuma depressão endogâmica em relação aos caracteres de interesse. Os resultados verificados, tanto em relação à amplitude de variação quanto no teste de médias, bem como aos referentes à variância genética, indicam que a população tem potencial para o melhoramento para todos os caracteres. Quanto à depressão observada em consequência da endogamia, foi detectado que, em média, os efeitos depressivos não foram tão acentuados, porém, ocorreu uma grande amplitude de variação entre as progênies analisadas, de modo que, em alguns casos, esses efeitos foram muito altos e em outros foram negligíveis. Portanto, ficou inferida a possibilidade de selecionar famílias apresentando médias relativamente boas e com baixas ou nenhuma depressão endogâmica.

Em melancia os caracteres de maior importância econômica constituem aqueles diretamente relacionados com o aspecto externo e interno dos frutos, ou seja, padrão da casca, tamanho e formato, cor da polpa, teor de sólidos solúveis, espessura da polpa, número e tamanho das sementes, sendo este último mensurado indiretamente pelo peso das sementes. Assim, os programas de melhoramento visam a obtenção de cultivares que apresentem padrão de casca semelhante à da cultivar padrão Crimson Sweet; frutos pequenos (peso entre 3 a 5 kg) e redondos; polpa vermelha intensa; teor de sólidos solúveis superior a 9°Brix e menor número de sementes. Em relação à espessura da polpa é interessante que a mesma seja a maior possível, já que constitui a parte que é realmente consumida. Quanto ao tamanho das sementes não existe uma preferência muito bem definida, mas acredita-se que frutos com sementes maiores sejam mais facilmente consumidos. Evidentemente, não é coerente obter cultivares que preencham esses requisitos, mas que apresentem produtividade abaixo do viável economicamente; portanto é importante também considerar os caracteres que compõem a produção, como a produção de frutos por planta, o peso de frutos e o número de frutos por planta.

Dessa forma, procurou-se identificar algumas progênies que apresentaram caracteres de interesse para o melhoramento genético e que não possuam efeitos tão drásticos de depressão endogâmica. As progênies selecionadas, com base nos três caracteres mais importantes do ponto de vista econômico, ou seja, cor da polpa (CP), teor de sólidos solúveis (TS) e produção de frutos por planta (PP), assim como as médias da população PCS ($\bar{F}_O$) e as das progênies selecionadas $[\bar{F}_S(a), \bar{F}_S(b) \text{ e } \bar{F}_S(c)]$, bem como o respectivo diferencial de seleção em porcentagem $[ds(a)\%, ds(b)\% \text{ e } ds(c)\%]$, encontram-se na Tabela 20. Além desses caracteres considerados na seleção, esta tabela também mostra os valores para o peso de fruto (PF) e o número de frutos por planta (NP). Na Tabela 21 encontram-se os dados das variáveis diâmetro longitudinal (DL) e transversal (DT) do fruto, formato do fruto (FF), espessura da polpa (EP), número de sementes (NS) e peso de 100 sementes (PS) por fruto.

Tabela 20. Progenies PL com potencial para o melhoramento genético, com respectivas médias e depressão endogâmica (%), em relação aos caracteres cor da polpa (CP), teor de sólidos solúveis (TS), produção de frutos por planta (PP), peso de fruto (PF) e número de frutos por planta (NP). *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Progenies	Caracteres									
	CP		TS		PP		PF		NP	
	PL	DE (%)	PL	DE (%)	PL	DE (%)	PL	DE (%)	PL	DE (%)
2	2,35	13,2	8,43	-19,5	18,93	-7,1	4,28	-33,1	6,67	20,1
3	3,14	1,0	7,31	-13,4	23,66	28,3	4,04	0,5	8,87	39,4
5	3,13	-24,9	7,20	12,8	17,40	-8,3	2,95	-35,9	9,23	14,7
6	4,84	50,8	5,70	-49,0	19,52	-0,4	2,14	-68,7	13,67	37,8
7	4,66	33,5	6,67	-18,4	22,15	-9,1	2,89	-37,4	11,40	21,1
9	3,73	5,4	7,07	4,0	19,21	15,2	2,89	-23,5	10,73	41,3
10	4,07	-6,6	6,06	8,3	26,77	30,2	2,38	14,7	19,00	21,3
11	3,54	1,1	6,92	-1,2	24,09	-10,2	4,73	-15,4	7,67	11,9
12	3,34	41,3	8,41	-18,9	19,30	-96,9	4,16	-60,3	6,07	17,8
13	4,64	0,2	6,09	6,4	20,23	22,8	2,23	9,0	14,00	5,2
15	4,34	-2,8	6,84	8,2	17,89	25,8	3,97	17,9	6,17	17,8
16	4,10	10,2	7,06	-10,2	22,44	1,9	2,67	-24,7	11,03	28,1
18	2,88	-13,5	8,28	9,9	27,16	37,4	4,38	-6,9	8,17	39,7
19	2,33	13,7	8,10	-0,8	13,22	-31,6	4,82	-35,9	4,25	15,8
21	3,03	20,8	7,98	3,5	20,43	37,9	4,49	14,0	5,47	8,2
24	3,53	51,6	7,74	-7,1	19,26	20,9	3,88	15,7	6,18	-4,7
25	3,55	12,7	7,18	-10,6	18,29	15,8	4,06	17,2	7,50	38,3
26	3,73	12,6	7,01	1,7	21,57	10,4	3,52	-6,8	8,73	19,0
27	3,62	-12,7	7,87	9,5	20,05	34,3	3,82	18,1	8,02	9,9
28	3,22	41,3	7,52	-17,3	17,79	4,4	4,68	5,8	6,73	26,2
29	2,98	16,8	7,65	-7,7	19,21	17,7	2,77	-4,7	8,07	11,7
31	2,53	27,3	8,99	-8,5	25,39	36,0	5,45	1,3	7,33	37,9
37	2,77	8,7	8,06	8,4	31,79	32,8	3,97	-8,8	17,44	72,3
46	2,73	9,5	8,53	1,8	22,60	26,9	4,15	-1,2	5,33	12,2
47	2,41	-12,5	8,46	-2,7	11,03	20,4	2,91	-43,6	6,32	52,4
48	3,10	-13,9	7,64	8,1	18,48	-4,1	3,42	2,6	8,47	1,7
50	2,27	-20,7	8,45	5,6	17,40	11,2	3,62	12,4	6,33	11,9
51	2,81	12,5	8,03	-6,1	12,23	2,9	3,62	-30,7	5,31	52,9
53	2,97	3,0	7,83	1,4	21,17	29,6	2,38	3,8	7,75	13,3
58	2,32	-7,8	7,69	-2,7	20,33	15,0	3,17	2,8	6,80	-5,9
59	2,60	-5,0	8,35	-6,4	11,62	-64,6	3,06	-26,5	3,95	-42,3
62	3,11	-21,2	7,66	2,4	19,43	36,0	3,73	22,5	6,07	6,1
$\bar{F}_O$	3,45	4,7	7,27	4,0	17,19	1,9	3,15	-11,0	7,89	9,9
$\bar{F}_S(a)$	3,37	8,5	7,49	-3,3	21,14	12,7	3,60	-7,3	8,89	20,5
$d_s(a)(\%)$	2,35		3,04		23,01		14,39		12,67	
$\bar{F}_S(b)$	2,57	3,3	8,37	-1,8	19,14	6,4	4,03	-17,3	7,11	27,3
$d_s(b)(\%)$	25,48		15,05		11,35		28,03		9,89	
$\bar{F}_S(c)$	2,59	4,1	8,46	-0,4	23,88	22,9	4,32	-6,0	8,55	32,3
$d_s(c)(\%)$	24,89		16,27		38,94		37,14		8,30	

$\bar{F}_S(a)$ = Média de progenies selecionadas com base em PP (>17 kg/planta);

$\bar{F}_S(b)$ = Média de progenies selecionadas com base em CP (nota inferior a 3) e TS (> 8°Brix), simultaneamente;

$\bar{F}_S(c)$ = Média de progenies selecionadas com base em CP (nota inferior a 3), TS (> 8°Brix) e PP (>17 kg/planta), simultaneamente.

Após o descarte inicial, a primeira triagem baseou-se na seleção de progênies que apresentaram produção de frutos por planta acima da média da população (17 kg/planta). Neste caso, são indicadas as progênies PL 2, 3, 5, 6, 7, 9, 10, 11, 12, 13, 15, 16, 18, 21, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 31, 37, 46, 48, 50, 53, 58 e 62, o que equivale a uma seleção de 43,7% das progênies. Verificou-se que houve um incremento em praticamente todas os caracteres avaliados, exceto em relação a CP e PS. Em termos do que é desejado pelo melhoramento genético, esse incremento é favorável no caso dos caracteres PP (23%), TS (3%), NP (12,7%) e EP (3,5%). Para os demais caracteres, apesar de o diferencial de seleção ter sido positivo, observa-se que isso não é tão comprometedor para o melhoramento, uma vez que as diferenças entre as médias da população original e das progênies selecionadas não diferem tanto, correspondendo basicamente ao mesmo valor do ponto de vista prático. Além disso, as médias das progênies selecionadas estão de acordo com o desejado em relação ao peso de frutos e consequentemente em relação aos caracteres DL e DT, bem como FF.

Todavia, ao analisar os valores da depressão endogâmica, constata-se que, para os caracteres PP, PF, NP, DL e DT, os resultados não são todos favoráveis, uma vez que em várias progênies assim selecionadas esses efeitos foram pronunciados e contrários ao que interessa para o melhoramento. Para a variável PP, por exemplo, a depressão foi de 12,7%, indicando que poderá ocorrer uma diminuição ainda maior da produção de frutos por planta caso essas progênies sejam submetidas a autofecundações adicionais. Para o caráter NP, o valor médio de *DE* (%) observado nessas progênies selecionadas foi de 20,5%, valor também pronunciado. Para o restante dos caracteres, os valores médios observados de *DE* (%) favorecem o melhoramento, especialmente nos caracteres CP, TS, EP e NS. Para amenizar os efeitos depressivos, podem ser indicadas as progênies PL 2, 5, 6, 7, 11, 12 e 48, as quais apresentam em média uma produção de 19,2 kg/planta e depressão de -19,4%. As médias dessas progênies em relação aos caracteres CP (3,5) e TS (7,3°Brix) não são interessantes, porém as médias dos efeitos depressivos demonstram que as mesmas podem ser melhoradas por autofecundação, já que apresentaram 14,4% de *DE* para a cor da polpa e -12,3% para o teor de sólidos solúveis. Entretanto, as médias para os caracteres PF e NP, nessas últimas progênies selecionadas, mostram que a produção por planta é

incrementada devido ao aumento no peso de frutos e na redução do número de frutos por planta, o que é de se esperar, já que Ferreira (1996) detectou correlação negativa entre esses caracteres. Foram verificadas também correlações negativas e desfavoráveis do ponto de vista do melhoramento entre os caracteres PF e CP e NP e TS, ao passo que entre as variáveis CP e TS foi detectada correlação negativa, porém desejável em processos seletivos. Entre as variáveis PF e TS e NP e CP, foram observadas correlações positivas, portanto indesejáveis para o melhoramento.

Visando aumentar a intensidade de seleção, assim como selecionar para duas importantes características simultaneamente, foi realizada uma triagem com base nos caracteres CP e TS, de forma a indicar aquelas que apresentaram cor da polpa inferior a 3 e teor de sólidos solúveis acima de 8°Brix. As progênies que possuem tais caracteres são as de número: PL 2, 18, 19, 31, 37, 46, 47, 50, 51 e 59, correspondendo a 15,6% das progênies avaliadas. Constatou-se que as médias das progênies selecionadas foram superiores às médias da população, no que diz respeito ao desejado no melhoramento, frente a alguns dos caracteres avaliados. Como era de se esperar, houve um decréscimo de -25,5% nas notas referentes à cor da polpa, indicando que as progênies selecionadas tenderam à tonalidade mais vermelha, enquanto que em relação à variável TS, ocorreu um acréscimo de 15,1 % no teor de sólidos solúveis, nas referidas progênies. Quanto às variáveis PP, EP e NS, verificou-se também que as médias dessas progênies apresentaram-se favoráveis para o melhoramento, ao contrário dos caracteres PF, NP, DL, DT e PS, enquanto que para o caráter FF não houve mudanças nas referidas progênies.

Os valores médios das depressões endogâmicas, referentes a esse grupo de progênies para os caracteres CP, TS, EP, NS e PS, indicam que com gerações adicionais de autofecundação, os mesmos tenderão ao que se deseja comercialmente, ao passo que para os demais caracteres, com exceção apenas de FF que não apresentou efeitos depressivos, a tendência é contrária ao que se deseja. O pressuposto, nessa abordagem, é um programa de melhoramento visando a obtenção de linhagens homozigóticas, para a obtenção de híbridos. No caso de seleção recorrente, para produzir populações melhoradas, depressões pequenas ou nulas são também interessantes, pois indicam maior homozigose das entidades selecionadas.

Tabela 21. Progenies PL com potencial para o melhoramento genético, com respectivas médias e depressão endogâmica (%), em relação aos caracteres diâmetro longitudinal (DL) e transversal (DT) do fruto, formato do fruto (FF), espessura da polpa (EP), número de sementes (NS) e peso de 100 sementes (PS) por fruto. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Progenies	Caracteres											
	DL		DT		FF		EP		NS		PS	
	DL	DE (%)	DT	DE (%)	FF	DE (%)	EP	DE (%)	NS	DE (%)	PS	DE (%)
2	22,31	-9,6	18,67	-11,4	1,20	2,5	8,14	-14,9	543,69	5,8	3,99	-1,8
3	22,60	11,9	18,45	-0,5	1,22	12,3	8,20	-1,0	561,04	52,6	6,33	25,9
5	19,72	-12,6	16,70	-8,6	1,18	-3,4	7,47	-7,1	530,58	-14,4	4,11	-38,9
6	16,80	-12,9	15,18	-23,6	1,10	9,1	6,75	-24,4	515,50	30,4	6,20	27,7
7	18,70	-12,1	16,52	-14,2	1,12	0,9	7,24	-13,1	555,34	10,3	6,49	20,0
9	18,63	-13,0	16,84	-6,1	1,10	-6,4	7,40	-8,2	609,44	18,5	5,39	-20,4
10	17,76	6,4	15,68	5,3	1,13	1,8	6,97	5,6	479,78	-0,3	7,03	-1,1
11	22,40	-4,6	20,22	-5,7	1,10	0,9	9,15	-7,9	596,40	19,9	6,82	5,4
12	22,12	-16,7	18,47	-16,4	1,20	0,0	7,88	-21,7	578,29	20,9	4,58	15,9
13	17,28	4,9	15,56	5,2	1,10	0,0	6,94	4,6	530,64	9,2	7,33	3,0
15	22,58	5,5	18,48	8,9	1,22	-4,1	7,80	6,0	613,61	10,0	5,39	-4,3
16	18,62	-8,1	16,07	-9,9	1,15	1,7	7,02	-11,5	666,13	17,8	4,75	-2,7
18	21,54	-6,1	19,12	2,4	1,12	-3,6	8,32	-2,3	422,65	-39,4	4,15	-88,4
19	21,51	-8,8	19,79	-12,9	1,08	3,7	8,91	-16,8	422,84	29,9	5,56	8,1
21	23,02	2,7	19,04	6,1	1,21	-2,5	8,35	1,4	680,15	15,1	4,74	16,9
24	20,87	8,0	18,67	7,2	1,11	0,9	8,19	5,7	541,44	10,8	5,89	38,4
25	22,48	-3,2	18,67	-6,4	1,20	2,5	8,33	-7,9	602,22	31,5	6,47	-8,8
26	21,22	4,8	17,89	-1,3	1,19	6,7	7,71	-1,8	582,24	15,4	6,05	-2,5
27	20,37	6,0	18,32	5,5	1,10	0,0	7,85	-0,8	471,89	12,4	4,29	14,9
28	23,03	10,5	19,29	1,0	1,19	9,2	8,44	-12,0	455,59	21,9	8,03	47,3
29	18,87	0,6	16,61	-0,2	1,13	0,0	7,47	1,6	355,73	5,0	5,12	4,1
31	23,89	1,3	20,52	-0,3	1,16	1,7	9,12	-3,7	480,60	37,2	6,56	-4,9
37	20,57	-5,7	18,08	-4,3	1,14	-1,8	8,02	-5,2	618,92	19,7	4,93	-37,3
46	20,58	-2,8	18,63	1,0	1,11	-3,6	8,48	1,7	492,36	9,8	4,22	-2,6
47	18,50	-11,6	16,09	-13,4	1,15	1,7	7,37	-13,8	226,92	-29,9	6,30	-6,2
48	20,69	2,9	17,74	1,2	1,17	1,7	7,80	1,4	637,03	-12,3	4,19	8,1
50	20,42	2,6	17,70	3,8	1,16	-0,9	7,95	4,7	525,96	7,1	6,03	18,7
51	20,18	-12,6	17,33	-8,3	1,17	-3,4	7,60	-11,2	489,15	-3,4	5,51	4,9
53	17,27	1,2	15,96	-0,3	1,09	0,9	7,04	0,0	379,77	-17,8	5,92	10,8
58	19,81	-1,9	16,94	0,5	1,17	-2,6	7,40	-2,4	562,71	3,0	5,84	-3,3
59	18,82	-7,1	16,70	-10,8	1,13	3,5	7,54	-3,6	330,25	2,0	6,24	-12,3
62	20,71	9,8	17,72	7,2	1,17	2,6	8,03	5,5	429,73	14,4	8,03	-3,4
$\bar{F}_O$	19,39	-2,6	16,99	-3,0	1,14	0,5	7,57	-3,7	503,27	8,6	5,69	-0,7
$\bar{F}_S(a)$	20,53	-1,1	17,78	-2,1	1,15	1,0	7,84	-3,8	536,41	11,2	5,67	1,3
$d(a)(\%)$	5,88		4,63		1,00		3,54		6,58		0,28	
$\bar{F}_S(b)$	20,83	-6,0	18,26	-5,9	1,14	0,0	8,15	-6,5	455,33	3,9	5,35	-12,2
$d(b)(\%)$	7,44		7,49		0,18		7,60		-9,52		-5,99	
$\bar{F}_S(c)$	21,55	-3,4	18,79	-2,3	1,15	-0,9	8,34	-3,3	514,03	6,7	4,98	-19,4
$d(c)(\%)$	11,15		10,57		0,73		10,15		2,14		-12,48	

$\bar{F}_S(a)$ = Média de progenies selecionadas com base em PP (>17 kg/planta);

$\bar{F}_S(b)$ = Média de progenies selecionadas com base em CP (nota inferior a 3) e TS (> 8°Brix), simultaneamente;

$\bar{F}_S(c)$ = Média de progenies selecionadas com base em CP (nota inferior a 3), TS (> 8°Brix) e PP (>17 kg/planta), simultaneamente.

Ao efetuar uma triagem das progênes considerando-se três caracteres simultaneamente, isto é, cor da polpa inferior a 3, teor de sólidos solúveis superior a 8°Brix e produção acima de 17 kg/planta, foram selecionadas as progênes PL 2, 18, 31, 37, 46 e 50, que equivalem a 9,4% das progênes avaliadas. Nesse caso, foi detectado um aumento no diferencial de seleção em relação à maioria dos caracteres avaliados, quando comparado com as outras seleções efetuadas, sendo isso favorável em alguns casos, porém desfavorável em outros. Para os caracteres TS, PP, EP e PS esses acréscimos são desejáveis, contudo para as variáveis PF, DL e DT não são. Em relação à cor da polpa, o diferencial de seleção foi ligeiramente inferior àquele da seleção anterior, porém manteve-se no sentido do que é desejado no melhoramento genético, ou seja, uma coloração tendendo para o vermelho. Nas variáveis NP e NS também ocorreram decréscimos nos diferenciais de seleção em relação à primeira seleção efetuada, porém indica também uma melhoria nas médias desses caracteres.

Os valores médios referentes à depressão endogâmica observada nessas progênes foram, em alguns casos, menores do que os detectados em uma das outras seleções, sendo favoráveis para alguns caracteres, como para as variáveis CP, TS, EP, NS e PS, e desfavoráveis para outras (PF, DL e DT). Quanto aos caracteres PP e NP os efeitos depressivos foram maiores do que os observados nos outros grupos de progênes selecionados, sendo portanto, desinteressantes para o melhoramento genético.

Nas Figuras 4 a 6, podem ser visualizadas as progênes selecionadas, sendo que as grifadas em verde correspondem àquelas selecionadas simultaneamente para coloração da polpa, teor de sólidos solúveis e produção de frutos por planta. Verifica-se que, realmente, a maioria das progênes foi superior às testemunhas (T_1 e T_2) em relação aos caracteres PP e NP, assim como para PF, pois apresentaram pesos de frutos inferiores aos pesos das referidas testemunhas, o que é desejado comercialmente. Contudo, em relação aos caracteres CP e TS, as progênes foram inferiores, porém, como já discutido, existe a possibilidade de efetuar seleção mesmo com esses resultados.

Portanto, essa abordagem indicou a possibilidade de selecionar progênes agregando simultaneamente propriedades razoavelmente propícias para os interesses do melhorista. Trabalhou-se apenas com diferenciais de seleção devido à dificuldade em

estimar progressos genéticos em espécies intermediárias, conforme será visto mais adiante. A seleção de vários caracteres, ao mesmo tempo, também poderia ser enfocada considerando correlações genéticas e índices de seleção, mas isto não foi o objetivo deste trabalho.

Figura 4. Médias da cor da polpa (CP) (escala de notas) e do teor de sólidos solúveis (TS) (°Brix) de frutos das progênies PL e respectivas AF. T₁, T₂: testemunhas. Destaque em verde das progênies selecionadas simultaneamente para CP, TS e PP. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Figura 5. Produção de frutos por planta (PP) (kg/planta) e peso de frutos individuais (PF) (kg) das progênies PL e respectivas AF. T₁, T₂: testemunhas. Destaque em verde das progênies selecionadas simultaneamente para CP, TS e PP e em preto para aquelas selecionadas com base apenas em PP. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Figura 6. Número de frutos por planta das progênes PL e respectivas AF. T₁, T₂: testemunhas. Destaque em verde das progênes selecionadas simultaneamente para CP, TS e PP e em preto para aquelas selecionadas com base apenas em PP. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

4.3. Adequação de modelos genéticos utilizados na estimação de componentes da variância genética em populações com sistema misto de reprodução

Conforme já exposto, as análises da variância dos dados experimentais, para cada caráter avaliado, forneceram estimativas das variâncias associadas aos efeitos dos modelos experimentais, a saber: $\hat{\sigma}_{PL}^2 = \text{Cov}(PL, PL)$; $\hat{\sigma}_{AF}^2 = \text{Cov}(AF, AF)$ e $\hat{\sigma}_p^2 = \text{Cov}(AF, PL)$. Com os dados fenotípicos das mães e as médias das progênes, foram estimadas ainda as covariâncias $\text{Cov}(PM, PL)$ e $\text{Cov}(PM, AF)$.

Considerando que as covariâncias entre as irmãs AF, entre as irmãs AF e PL e entre as irmãs PL são mais precisas do ponto de vista de estimação, já que as outras duas, envolvendo as mães, podem conter erros elevados devido à avaliação das plantas maternas com base em apenas uma planta, a discussão seguinte será feita considerando somente aquelas. Com base nos graus de parentesco envolvidos, espera-se, em situação de equilíbrio, a seguinte ordem de grandeza: $Cov(AF, AF) > Cov(AF, PL) > Cov(PL, PL)$. Entretanto, foi observado que, em relação ao caráter NP, a covariância $Cov(AF, AF)$ foi menor que a covariância $Cov(PL, PL)$, em consequência, provavelmente, da baixa precisão experimental notada para este caráter. Além disso, na maioria dos casos, ou seja, para as variáveis PP, NP, CP, TS, FF, NS e PS, a covariância $Cov(AF, PL)$ foi menor que a $Cov(PL, PL)$ (Tabela 17). Essa última constatação, dada a sua quase generalidade nesta pesquisa, levou à necessidade de uma investigação mais detalhada, feita por Coelho³, através de avaliações numéricas. Tomando valores realistas de s e p , ou seja, $0,2 \leq s \leq 0,3$ e $0,5 < p \leq 0,6$, verificou ser possível que $Cov(AF, PL) < Cov(PL, PL)$ quando $-0,8 \leq F < -0,6$ e $1 < d/a \leq 4$. Nessas avaliações s = taxa de autofecundação natural das mães; F = desvio de panmixia da população de mães; p = frequência do alelo favorável num dado loco e d/a = grau de dominância gênica nesse loco. Essa situação genética pode ter ocorrido na população PCS, mas, convém reforçar, implica numa seleção favorecendo plantas heterozigóticas (F negativo) além de um certo grau de sobredominância ($d/a > 1$).

Para estimação dos componentes da variância genética constituintes dessas covariâncias e para as verificações das adequações dos dados experimentais, conforme já exposto na metodologia, foram considerados dois modelos genéticos aplicados a populações que possuem sistema misto de reprodução. Estes, baseiam-se em pressupostos que, pela natureza dos dados presentes, precisam ser verificados. O primeiro, proposto por Cockerham & Weir (1984), pressupõe equilíbrio com endogamia nas populações a serem estudadas. Portanto, no presente caso, foram consideradas as taxas $\hat{s} = 0,235$ e $\hat{F} = \hat{s}/(2 - \hat{s}) = 0,133$.

³ Coelho, A.S.G. (Universidade Federal de Goiás). Comunicação pessoal, 2000.

O segundo modelo, proposto por Coelho & Vencovsky⁴, pressupõe desequilíbrio, sendo assim, as taxas s e F foram consideradas independentes. Neste caso, os componentes quadráticos da variância genética foram estimados com base nas estimativas de s e F obtidas pela análise molecular, ou seja, $\hat{s} = 0,235$ e $\hat{F} = 0,091$. Os coeficientes dos componentes quadráticos da variância genética em função das covariâncias entre parentes, deduzidos por Coelho & Vencovsky⁴, encontram-se no Anexo I.

As estimativas dos componentes $\sigma_A^2, \sigma_D^2, D_1, D_2^*$ e H^2 , de cada caráter investigado, são dadas na Tabela 22 para o modelo proposto por Cockerham & Weir (1984) e por Coelho & Vencovsky⁴.

Em geral, os resultados obtidos mostraram um predomínio das componentes σ_A^2 e D_2^* , o que é interessante para esquemas de seleção recorrente. Porém, ao comparar as estimativas das variâncias σ_A^2 com as das componentes D_1 e D_2^* em valor absoluto, verificou-se que, em relação aos caracteres PP e PS, as componentes D_1 foram maiores que as variâncias σ_A^2 e que, na maioria dos casos, a variância D_2^* também foi superior à variância aditiva.

A componente D_1 também não foi desprezível e foi negativa na maioria dos caracteres avaliados. Nesse caso, essa negatividade de D_1 , que pode ser esperada teoricamente, por se tratar de uma covariância, naturalmente é desinteressante para o melhorista, pois D_1 participa tanto do progresso genético imediato quanto do permanente.

Quanto à componente de dominância (σ_D^2), as estimativas também foram negativas e não desprezíveis em grandeza, na maioria dos caracteres. Em relação à estimativa do componente H^2 , os valores obtidos confirmam a existência de depressão endogâmica na população PCS de melancia, em relação à maioria dos caracteres.

⁴ Coelho, A.S.G. (Universidade Federal de Goiás); Vencovsky, R. (Universidade de São Paulo). Comunicação pessoal, 2000.

Tabela 22. Estimativas dos componentes quadráticos da variância genética de onze caracteres avaliados na população segregante PCS de melancia, de acordo com o modelo genético para populações mistas, considerando a situação em que a população se encontra em equilíbrio e desequilíbrio com endogamia e $\sigma_D^2 = H^* \cdot C. lanatus$. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Caracteres	$\hat{\sigma}_A^2$	$\hat{\sigma}_D^2$	$\hat{D}_1$	$\hat{D}_2$	$\hat{H}^2$
Modelo considerando equilíbrio com endogamia ($\hat{s} = 0,235; \hat{F} = 0,133$)					
PP	23,2063	4,0592	-40,5162	142,5475	2,1671
PF	1,0041	-0,7518	-0,2998	1,6561	0,5142
NP	10,1457	-15,4084	-5,0859	7,3273	5,4818
CP	0,9565	-0,8001	-0,7443	3,1034	0,1951
TS	1,6510	-0,1818	-1,6635	5,9954	0,3519
DL	6,2454	-4,6150	-3,1187	9,4231	1,0458
DT	2,9525	-2,3863	-1,0244	5,0044	1,2908
FF	0,0034	-0,0026	-0,0024	0,0100	0,0001
EP	0,5120	-0,5543	-0,0276	0,8308	0,4052
NS	13558,80	-23250,01	-6767,24	33470,69	12230,05
PS	3,3169	-1,5603	-3,3810	12,5086	-0,0321
Modelo considerando desequilíbrio ($\hat{s} = 0,235; \hat{F} = 0,091$)					
PP	21,0598	7,4723	-38,5499	143,0454	2,3377
PF	0,9931	-0,6592	-0,2045	1,3614	0,5547
NP	9,8438	-15,2505	-3,8903	2,1129	5,9135
CP	0,8910	-0,6819	-0,5736	2,5665	0,2104
TS	1,5725	-0,0199	-1,5328	5,8089	0,3796
DL	6,0982	-4,3308	-2,5125	7,2919	1,1281
DT	2,8891	-2,1271	-0,6800	3,8516	1,3924
FF	0,0032	-0,0022	-0,0019	0,0088	0,0001
EP	0,5050	-0,4824	0,0463	0,5828	0,4371
NS	12909,39	-21268,13	-4443,56	25644,75	13193,17
PS	3,1552	-1,1912	-3,1059	12,1149	-0,0346

De acordo com as avaliações numéricas realizadas por Cockerham & Weir (1984), os valores das componentes D_1 e D_2^* são maiores do que aqueles referentes à variância σ_A^2 , somente quando a frequência alélica é superior a 0,9, ou seja, em casos extremamente raros e não compatíveis com a população sob investigação, pois é possível admitir neste caso que as frequências alélicas (p) devem estar em torno de 0,5, principalmente para os caracteres mais contrastantes entre as populações genitoras. Ainda mais, nessas avaliações numéricas foi verificado que as componentes D_1 e D_2^* são iguais a zero somente quando a frequência alélica é igual a 0,5 em todos os locos, resultados não verificados no presente estudo. Isso é esperado mesmo com frequência alélica média $\bar{p} = 0,5$ desde que p varie entre locos. Na presente pesquisa, as estimativas da variância σ_D^2 foram negativas em todos os caracteres, com exceção apenas do caráter PP, o que não está de acordo com o esperado geneticamente.

Pereira (1989), ao simular três populações de acordo com distribuições beta das frequências alélicas, ou seja, uma população não melhorada de frequência alélica baixa, em média, [Beta(2, 4)]; uma população de base ampla [Beta(2, 2)] e outra população melhorada [Beta(4, 2)], verificou estimativas negativas de D_1 nas duas primeiras populações e em nenhuma delas foram observados valores absolutos de D_1 e D_2^* superiores aos das variâncias aditivas.

Crisóstomo (1989), ao empregar o modelo proposto por Cockerham & Weir e os mesmos tipos de parentescos utilizados nessa pesquisa, também obteve estimativas discordantes das esperadas. Foram observados valores negativos das componentes quadráticas σ_A^2 , D_1 e D_2^* , bem como valores absolutos de σ_A^2 inferiores aos valores de D_1 e D_2^* , em alguns caracteres.

Conforme mostrado na Tabela 22, o relaxamento da condição de equilíbrio de endogamia não trouxe grandes alterações nas estimativas das variâncias. Sob desequilíbrio, as estimativas de σ_D^2 foram ligeiramente menos negativas em todos os caracteres.

Diante dos resultados obtidos e mediante as comparações efetuadas, pode-se deduzir que não houve adequação dos modelos estudados aos dados experimentais obtidos. Tal constatação leva a um comprometimento das estimativas do progresso genético, as quais devem ser consideradas com cautela.

As possíveis causas de não adequação dos modelos aos dados ou vice-versa, não podem ser detectadas com precisão, porém acredita-se que a variação observada nas estimativas das taxas de fecundação cruzada ou de autofecundação entre as plantas andromonóicas e monóicas, pode ser uma delas. Isso significa que, em estudos quantitativos, a precisão pode ser afetada caso seja considerada a mesma taxa t ou s entre as plantas. A consistência das estimativas desses parâmetros, assim como da taxa F , também é de suma importância.

O fato de as plantas maternas terem sido avaliadas em um ano diferente do das filhas, bem como a tomada de dados em apenas uma planta, também pode ter interferido na obtenção das estimativas dos componentes da variância genética, uma vez que o sistema de equações foi composto por covariâncias que apresentam menor grau de interações com ano (covariâncias mães-filhas) e por outras que contêm essa interação (covariâncias entre irmãs). Além disso os erros associados aos dados das mães podem ter sido elevados.

Como já apontado por Crisóstomo (1989) e Pereira (1989), a existência de colinearidade na matriz dos coeficientes X do sistema de equações resulta em má conformação da mesma e conseqüentemente em problemas na estimação dos parâmetros. Pereira (1989) aliás, verificou que essa problemática não é peculiaridade do delineamento genético utilizado nesta pesquisa; ocorre também nos procedimentos de estimação propostos por Cockerham & Weir (1984) que se baseiam em famílias endo e exogâmicas e em medidas fenotípicas feitas nas plantas-mãe. Depreende-se daí, que a estimação de todos os componentes genéticos da variação de caracteres, em populações mistas, é tarefa difícil.

Para melhor explicitar esse ponto, considere-se como Y o vetor de estimativas das variâncias e covariâncias, obtidas dos ensaios, conforme foi feito nesta pesquisa. Considere-se ainda o vetor β das componentes $\sigma_A^2, \sigma_D^2, D_1$ e D_2^* . O conjunto de equações pode ser, então, representado por $Y = X\beta + E$, sendo X a matriz dos coeficientes

das componentes explicativas do conteúdo de cada elemento de Y e E o vetor de erros e/ou desvios do modelo. Os elementos de X dependem da natureza genética de cada covariância (variância) e que são função do valor de F da população de genitoras e do valor de s do material (ou só função de F no caso de equilíbrio). A colinearidade pode então ser mensurada através do coeficiente de correlação linear simples entre os valores das colunas de X . No presente caso, com $\hat{s} = 0,235$ e $\hat{F} = 0,133$ (Equilíbrio de Wright) essas correlações variaram desde 0,610 até 0,987, para as colunas relativas a σ_D^2 e D_2^* e a D_1 e D_2^* , respectivamente. Relaxando-se a condição de equilíbrio ($\hat{s} = 0,235$ e $\hat{F} = 0,091$) essas mesmas correlações variaram entre 0,511 e 0,980, respectivamente. Isso ilustra bem a quase redundância de certos pares de colunas da matriz X e, portanto, a dificuldade em estimar com precisão e segurança as componentes da variância genética de caracteres em populações mistas. Nos dois casos citados, o quociente entre o maior e o menor autovalor da matriz X foi de $\lambda_1/\lambda_4 = 38,12$ e $\lambda_1/\lambda_4 = 32,23$, respectivamente (Tabela 23). Tais quocientes representam uma colinearidade moderada, pois segundo Rawlings (1988), quando o valor de λ_1/λ_4 varia de 2 a 10 a colinearidade é considerada pequena, quando varia de 30 a 100 é moderada e quando está acima de 100 é considerada forte e, nesse caso, provoca vários problemas na estimação dos parâmetros. Colinearidades igualmente altas foram também detectadas por Pereira (1989) considerando o delineamento original de Cockerham & Weir (1984), bem como em outros investigados pelo primeiro autor. Como causas dessa colinearidade, e conseqüente dificuldade em estimar as quatro componentes, pode-se citar a condição mista do sistema reprodutivo da população e a própria natureza das componentes da variância genética. Em relação a este último ponto, deve-se lembrar que tanto σ_D^2 , como D_1 e D_2^* são funções de efeitos de dominância, além disso D_1 é função também de efeitos aditivos (é a covariância entre efeitos aditivos e dominantes dos homozigotos) o que também leva a alta colinearidade entre as colunas de X relativas a D_1 e a σ_A^2 .

Pelo exposto, pode-se afirmar que pesquisas adicionais são necessárias para aprimorar esses processos de estimação. Uma proposta de Pereira (1989) foi no sentido de estimar em conjunto as componentes responsáveis pelo progresso permanente (σ_A^2 , D_1 e D_2^*) e em outro conjunto as demais (σ_D^2 e H^2). Outra possibilidade é operar com componentes principais para reduzir a dimensão do sistema. Em ambos os casos seria necessário averiguar como essas aproximações afetariam as estimativas do progresso genético permanente.

Tabela 23. Correlações lineares simples entre os valores das colunas da matriz X , composta pelos coeficientes das componentes quadráticas da variância genética, considerando a situação em que a população se encontra em equilíbrio e desequilíbrio com endogamia e respectivos valores dos quocientes entre os maiores e menores autovalores da referida matriz (λ_1/λ_4). *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Correlações		Equilíbrio	Desequilíbrio
		$\hat{s} = 0,235$ e $\hat{F} = 0,133$	$\hat{s} = 0,235$ e $\hat{F} = 0,091$
σ_A^2	σ_D^2	0,869	0,870
	D_1	0,922	0,896
	D_2^*	0,886	0,830
σ_D^2	D_1	0,659	0,613
	D_2^*	0,610	0,511
D_1	D_2^*	0,987	0,980
λ_1/λ_4		38,12	32,23

4.4. Progresso genético

A não adequação dos modelos genéticos aos dados obtidos, impede uma estimação não viesada de progressos esperados com a seleção. Por isso, optou-se por calcular progressos aproximados, os quais devem ser interpretados com as devidas cautelas, sendo apenas um referencial para o melhoramento.

A segunda e terceira coluna da Tabela 24 mostram as estimativas do ganho imediato aproximado conforme metodologia de Resende et al. (1995). Como estes autores não fornecem estimativas aproximadas do progresso permanente, optou-se pelos procedimentos apresentados por Wright e Cockerham (1986)(colunas 4 a 6 da Tabela 24). Na estimação, consideraram-se somente as progênes PL como unidades de seleção, em virtude das altas correlações genéticas observadas entre as médias PL e AF e também porque, desse modo, se está mais em acordo com o proposto por Resende et al. (1995).

Os caracteres PF, NP, CP, TS, DL, NS e PS apresentaram ganhos genéticos imediatos superiores a 10%, ao passo que nos demais esse progresso variou de 4% a 8,6%. É bom lembrar que o progresso genético imediato corresponde ao ganho na geração imediatamente após a seleção, podendo ser perdido com o avanço das gerações de seleção.

Em relação ao progresso genético permanente também foram observados ganhos positivos em relação a todos os caracteres avaliados. Ao ser considerada a seleção e recombinação de progênes PL, os caracteres que apresentaram maior ganho foram PP, PF, NP, CP, TS, DL, NS e PS, enquanto que nos caracteres DT, FF e EP foram constatados ganhos de 8%, 4% e 7%, respectivamente.

O progresso genético permanente estimado com base na seleção de progênes PL, porém com recombinação de progênes AF, foi superior em relação ao ganho relatado anteriormente, como era de se esperar. Para todas os caracteres, foram verificados ganhos superiores a 10%, exceto para FF. Assim, esse ganho foi em torno de 40% para os caracteres PF, NP, DL e PS, de 35% para CP, de 23% a 26% para PP, TS e NS e de 6%, 11% e 16% para FF, EP e DT, respectivamente.

As estimativas dos progressos genéticos permanentes foram positivas em virtude da magnitude da componente aditiva (σ^2_A) detectada e pela importância dessa componente na covariância genética responsável pelo ganho seletivo. Convém lembrar que progressos

permanentes negativos podem ocorrer, como por exemplo observado por Crisóstomo (1989), em decorrência da negatividade e magnitude relativa da componente D_1 . Em torno desse assunto, para se ter uma idéia, no caso de seleção e recombinação de progênes PL, a participação de cada uma das componentes da variância genética no ganho é, na condição de equilíbrio e $\hat{s} = 0,235$, de $0,4321 \sigma_A^2$, $0,0270 D_1$ e $0,0068 D_2^*$. Na situação de seleção baseada em progênes PL, com recombinação de sementes remanescentes AF, essas participações são: $0,6997 \sigma_A^2$, $0,1288 D_1$ e $0,0109 D_2^*$. Percebe-se claramente o predomínio de σ_A^2 . Tais constatações, no entanto, são específicas para um sistema reprodutivo com $\hat{s} = 0,235$.

Tabela 24. Estimativas do progresso genético imediato conforme metodologia de Resende et al. (1995), considerando seleção e recombinação de progênes PL e do progresso genético permanente de acordo Wright & Cockerham (1986), considerando seleção entre progênes PL, com recombinação de sementes remanescentes PL ou AF, em relação a onze caracteres avaliados na população segregante PCS de melancia. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Caracteres	$G_{SI}^{(PL, PL)}^1$		$G_{SP}^{(PL, PL)}^2$		$G_{SP}^{(PL, AF)}^2$	
	G_S	$G_S (\%)$	G_S	$G_S (\%)$	G_S	$G_S (\%)$
PP	1,36	7,9	3,11	18,1	3,94	23,0
PF	0,82	26,1	0,85	27,0	1,36	43,1
NP	2,08	26,3	2,15	27,2	3,26	41,3
CP	0,85	24,8	0,82	23,7	1,20	34,7
TS	0,93	12,8	1,25	17,2	1,78	24,5
DL	1,99	10,2	5,11	26,4	8,08	41,6
DT	1,44	8,5	1,43	8,4	2,67	15,7
FF	0,05	4,0	0,05	4,3	0,07	6,4
EP	0,65	8,6	0,51	6,8	0,83	10,9
NS	96,74	19,2	87,63	17,4	133,30	26,5
PS	1,30	22,8	1,79	31,5	2,54	44,6

(1) Progresso imediato conforme metodologia de Resende et al. (1995)

(2) Progresso permanente conforme metodologia de Wright & Cockerham (1986)

Como comentário geral, pode-se dizer que os ganhos calculados, mesmo sendo aproximados, são animadores para um programa de melhoramento por seleção recorrente na população PCS investigada. Isto já havia sido verificado preliminarmente pelos resultados das análises de variância mostrados anteriormente, que acusaram significância da variação genética entre progênies na grande maioria dos caracteres. É preciso apontar certos caracteres em que se espera maior dificuldade no melhoramento desta população. Estes são, pela ordem de dificuldade: o formato do fruto (FF), a produção de frutos por planta (PP), o diâmetro transversal do fruto (DT) e a espessura da polpa (EP). Em eventuais trabalhos futuros de avaliação experimental de progênies e seleção, deverá merecer atenção especial o caráter PP que aqui se mostrou muito sensível a erros experimentais. É recomendável o emprego de maior número de repetições para avaliar esse caráter, assim como melhor controle experimental e monitoramento durante a condução dos ensaios.

Quanto ao viés dessas estimativas de ganho, não é simples fazer comentários concretos. Sabe-se que no procedimento de Resende et al. (1995) as estimativas tendem a ser conservadoras (ganho real maior do que o estimado), mas estes autores supuseram populações base em equilíbrio de endogamia nas suas avaliações. Em geral, o sinal do viés nesse caso, se positivo ou negativo, dependerá do parentesco prevalente entre as unidades de seleção, de recombinação e as plantas no ciclo seguinte; e isso é difícil de mensurar em casos específicos como este.

4.5. Considerações finais

Foi visto que a população segregante PCS de melancia tem sistema misto de reprodução, sendo, contudo, geneticamente mais próxima da alogamia. Isto reforça a possibilidade de usar a seleção recorrente para melhorá-la, sem que sejam necessários meios artificiais de recombinação. Uma geração adicional de polinização livre, antes da obtenção das progênies, teria sido conveniente. Desse modo, ter-se-ia mais recombinação inicial, maior aproximação (90%) à condição do equilíbrio de Wright e melhor adequação do modelo genético aos dados. A última condição tornaria mais confiáveis (estimativas menos viesadas) os estudos quantitativos, objetos dessa pesquisa. Houve indicação de que a taxa de fecundação cruzada variou entre as progênies provenientes de mães monóicas e

andromonóicas. Deve-se, pois, considerar a necessidade de investigação mais detalhada do sistema reprodutivo de populações dessa espécie, sobretudo se houver essa diferenciação (monóicas vs. andromonóicas).

Estimativas de parâmetros quantitativos alertaram para a possibilidade de ter ocorrido seleção favorecendo heterozigotos, no estágio de plântulas, no momento do seu transplante para o campo. Tal seleção, mesmo que não intencional, deve ser evitada, principalmente se os experimentos estiverem progênes de autofecundação. Tal fato afeta a mensuração correta da variação genética e da depressão endogâmica.

Pelos resultados observados em relação aos componentes da variância, bem como os referentes à amplitude de variação entre as médias das progênes PL e AF, constatou-se a existência de variabilidade genética potencial em todos os caracteres investigados. Deve-se enfatizar que essa variabilidade manifestou-se em uma população originada do cruzamento entre dois genitores de base genética estreita. Os caracteres relacionados com a produção de frutos, foram afetados por coeficientes de variação mais altos, o que serve de alerta sobre a adequação do número de repetições, controle local e condução de ensaios dessa natureza. Em relação a esses caracteres, as testemunhas também não apresentaram valores consistentes.

As estimativas dos homólogos dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias das progênes PL, assim como das correlações genéticas entre as progênes AF e PL, demonstraram a possibilidade de selecionar apenas com base no fenótipo médio de progênes PL, a fim de identificar aquelas oriundas de mães com boa capacidade geral de combinação e mais homozigóticas para genes favoráveis. Constatações dessa natureza facilitam e otimizam os programas de seleção recorrente.

O efeitos depressivos decorrentes da endogamia não foram tão drásticos como em espécies tipicamente alógamas. Observou-se, porém, uma grande amplitude de variação entre as progênes, sendo que em algumas esses efeitos foram elevados, mas poucos significativos em outros. Em alguns casos, a depressão endogâmica observada foi até interessante do ponto de vista do que se deseja comercialmente, como por exemplo no caso dos caracteres CP, TS, EP, NS e PS, indicando a possibilidade de selecionar progênes com médias desejáveis e baixa depressão endogâmica. Desta forma, foram indicadas algumas com propriedades promissoras para os principais caracteres de importância econômica

simultaneamente, inclusive sendo superiores às testemunhas. Estas têm potencial para serem utilizadas em programas de melhoramento que visam a obtenção de linhagens. Em trabalhos futuros, no entanto, sugere-se o emprego de maior número de progênies, a fim de aumentar o aparecimento de indivíduos transgressivos, associando vários caracteres agronomicamente favoráveis, num grau mais elevado.

Em relação aos estudos quantitativos, verificou-se que não houve adequação dos modelos genéticos aos dados experimentais obtidos, o que comprometeu, principalmente, as estimativas dos progressos genéticos. As causas dessa inadequação podem ser várias, destacando-se: a) o fato de as plantas maternas terem sido avaliadas em um ano diferente do das filhas e com base em uma só planta. Isso pode influenciar na exatidão das estimativas dos componentes genéticos da variância, em decorrência de o sistema de equações ter sido composto por covariâncias contendo ou não efeitos da interação genótipos x anos. Em contrapartida, os erros de estimação das covariâncias envolvendo medidas fenotípicas maternas foram maiores do que as das covariâncias calculadas com as progênies. b) o fato de a população base das mães ainda não ter atingido aproximação suficiente ao equilíbrio de Wright. A existência de considerável colinearidade na matriz X dos coeficientes, no sistema de equações, mesmo não sendo uma questão de não adequação da modelagem, é problema considerável e próprio de materiais com sistema intermediário de reprodução. Diante desses fatos, reconhece-se a necessidade de adequar melhor os modelos genéticos disponíveis para populações com sistema reprodutivo misto, assim como em aumentar a precisão das estimativas dos parâmetros populacionais. O desenvolvimento de metodologias que considerem populações em desequilíbrio, que tenham como base progênies de polinização livre e que não necessitem das avaliações das plantas maternas, será uma grande contribuição para a genética quantitativa de populações mistas. Enfatiza-se a condição de desequilíbrio pois essa prática é usual no melhoramento, visto que gerações adicionais de recombinações seriam necessárias, o que alongaria muito os ciclos de seleção. Ter-se alta precisão das estimativas da taxa de autofecundação natural (s) da população, também é condição fundamental para o desenvolvimento de pesquisas dessa natureza.

5. CONCLUSÕES

Os resultados deste trabalho levaram às seguintes conclusões principais:

- (a) Os dados moleculares indicaram que a população PCS pratica um sistema misto de reprodução, mais próxima da alogamia. Devido a isso, ela poderá ser melhorada por seleção recorrente sem a necessidade de recombinações manuais.
- (b) Uma geração adicional de polinização livre, deverá aproximá-la suficientemente do equilíbrio com endogamia. Isso não só aumentará a ocorrência de novos tipos transgressivos como fará com que ela fique mais adequada para estudos quantitativos. Nessa etapa adicional será preferível realizar a recombinação e a extração de novas progênies usando sementes remanescentes PL e não AF.
- (c) Apesar de não ter atingido suficiente grau de aproximação ao equilíbrio, a população PCS apresentou, para todos os caracteres investigados, suficiente variação genética. Ela tem, pois, alto potencial para um programa de melhoramento.
- (d) Os valores, em geral, altos dos homólogos dos coeficientes de herdabilidade, ao nível de médias das progênies PL, bem como das correlações genéticas entre estas últimas e as progênies AF, indicaram que a seleção poderá ser efetuada apenas com base nas médias fenotípicas das progênies PL. Tal procedimento, facilitará muito a condução de um programa de seleção recorrente com esta população.

- (e) Em trabalhos futuros de seleção, serão convenientes maiores cuidados com os caracteres relacionados à produção de frutos, pois esses foram os mais sensíveis a erros experimentais. Para uma melhor avaliação destes caracteres é recomendável um maior número de repetições nos ensaios.
- (f) Em termos médios, a depressão endogâmica não foi tão drástica como geralmente ocorre em populações de espécies tipicamente alógamas. Essa depressão, tendo variado amplamente entre as progênies, indicou a possibilidade de selecionar aquelas agronomicamente boas e com pouca depressão, vale dizer, mais homozigóticas para alelos favoráveis.
- (g) Do ponto de vista do valor comercial, a maioria das progênies foi superior, às testemunhas em relação aos caracteres PP, NP e PF. Foi, no entanto, inferior para os caracteres CP e TS. Mesmo assim, foi possível identificar algumas agregando, simultaneamente, propriedades desejáveis tais como: cor vermelha da polpa, teor de sólidos solúveis superior a 8°Brix e produção de frutos acima de 17 kg por planta. O emprego de um maior número de progênies PL, em etapas futuras, deverá aumentar a ocorrência de progênies agregando tais características.
- (h) Não houve adequação dos modelos genéticos empregados para estimação de componentes da variância genética, em populações com sistema misto de reprodução, aos dados experimentais obtidos nessa pesquisa. Em consequência, as estimativas dos componentes da variância genética e do progresso genético ficaram viesadas.
- (i) Esta pesquisa realçou a necessidade de uma melhor adaptação dos modelos genéticos disponíveis para populações com sistema misto de reprodução, no sentido de se aproximarem mais dos procedimentos adotados pelos melhoristas. Uma adaptação importante é permitir um certo grau de desequilíbrio de endogamia, que é um fato comum em populações segregantes, derivadas do intercruzamento de genitores contrastantes. Isso exigirá, em contrapartida, uma estimação mais acurada e detalhada de parâmetros populacionais, como do coeficiente de endogamia e da taxa de autofecundação.

6. ANEXOS

Anexo A. Esquematisação desde a origem das populações genitoras até a obtenção das progêies de polinização livre (PL) e autofecundadas (AF). *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Anexo B. Médias ajustadas das progênes PL referentes aos caracteres produção por planta (PP), peso de fruto (PF), número de frutos por planta (NP), cor (CP) e teor de sólidos solúveis (TS) da polpa, avaliadas na população segregante PCS de melancia. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Progênes PL	Caracteres				
	PP	PF	NP	CP	TS
1	16,94 B	3,30 D	7,87 B	3,22 D	7,20 G
2	18,93 C	4,35 G	6,67 A	2,35 B	8,43 D
3	23,66 D	4,04 F	8,87 B	3,14 D	7,31 G
4	16,49 B	3,60 E	7,35 B	3,78 F	7,29 G
5	17,40 B	2,95 D	9,23 B	3,13 D	7,20 G
6	19,52 C	2,14 C	13,67 C	4,84 I	5,70 L
7	22,15 C	2,89 D	11,40 C	4,66 I	6,67 H
8	11,72 A	3,76 E	4,84 A	2,44 B	7,81 F
9	19,21 C	2,89 D	10,73 C	3,73 F	7,07 G
10	26,77 D	2,38 C	19,00 D	4,07 G	6,06 J
11	24,09 D	4,73 H	7,67 B	3,54 F	6,92 H
12	19,30 C	4,16 F	6,07 A	3,34 E	8,41 D
13	20,23 C	2,23 C	14,00 C	4,64 I	6,09 J
14	16,39 B	3,53 E	5,94 A	2,91 C	7,18 G
15	17,89 B	3,97 F	6,17 A	4,34 H	6,84 H
16	22,44 C	2,67 D	11,03 C	4,10 G	7,06 G
17	14,20 B	3,16 D	6,12 A	3,13 D	6,59 I
18	27,16 D	4,38 G	8,17 B	2,88 C	8,28 D
19	13,22 A	4,82 H	4,25 A	2,33 B	8,10 E
20	15,45 B	4,10 F	7,73 B	3,17 D	7,61 F
21	20,43 C	4,49 G	5,47 A	3,03 C	7,98 E
22	16,07 B	4,08 F	5,63 A	3,11 D	7,49 F
23	15,33 B	4,40 G	5,20 A	3,07 C	8,68 C
24	19,26 C	3,88 E	6,18 A	3,53 F	7,74 F
25	18,29 C	4,06 F	7,50 B	3,55 F	7,18 G
26	21,57 C	3,52 E	8,73 B	3,73 F	7,01 H
27	20,05 C	3,82 E	8,02 B	3,62 F	7,87 E
28	17,79 B	4,68 H	6,73 A	3,22 D	7,52 F
29	19,21 C	2,77 D	8,07 B	2,98 C	7,65 F
30	16,46 B	2,92 D	7,08 B	4,13 G	6,84 H
31	25,39 D	5,45 I	7,33 B	2,53 B	8,99 C
32	16,73 B	4,70 H	7,00 B	3,38 E	7,08 G

Médias seguidas da mesma letra, nas colunas, não diferem de acordo com o teste de Scott & Knott

Anexo B. Continuação

Progenies PL	Caracteres				
	PP	PF	NP	CP	TS
33	15,26 B	1,84 B	10,20 B	4,47 H	6,03 J
34	14,47 B	2,76 D	6,00 A	4,00 G	6,50 I
35	15,87 B	2,54 C	6,95 B	3,62 F	6,96 H
36	16,29 B	2,52 C	7,40 B	4,17 H	6,20 J
37	31,79 E	3,97 F	17,44 D	2,77 C	8,06 E
38	14,14 B	2,17 C	7,52 B	4,01 G	6,50 I
39	15,06 B	2,53 C	4,87 A	4,33 H	6,47 I
40	11,53 A	2,76 D	8,82 B	2,47 B	7,32 G
41	11,02 A	2,26 C	7,53 B	3,00 C	7,55 F
42	16,31 B	1,52 B	12,13 C	4,43 H	6,37 I
43	14,63 B	1,27 A	9,73 B	4,69 I	6,24 J
44	14,57 B	2,43 C	7,47 B	3,42 E	7,00 H
45	12,61 A	2,50 C	7,07 B	3,57 F	6,88 H
46	22,60 C	4,15 F	5,33 A	2,73 C	8,53 D
47	11,03 A	2,91 D	6,32 A	2,41 B	8,46 D
48	18,48 C	3,42 E	8,47 B	3,10 D	7,64 F
49	16,43 B	2,47 C	8,23 B	3,57 F	8,28 D
50	17,40 B	3,62 E	6,33 A	2,27 B	8,45 D
51	12,23 A	3,62 E	5,31 A	2,81 C	8,03 E
52	13,30 A	2,86 D	5,33 A	2,99 C	7,35 G
53	21,17 C	2,38 C	7,75 B	2,97 C	7,83 F
54	13,64 A	2,44 C	6,27 A	3,42 E	8,22 E
55	12,85 A	2,15 C	8,78 B	4,59 I	6,24 J
56	13,91 B	2,19 C	8,20 B	3,37 E	7,19 G
57	14,19 B	1,49 B	8,67 B	4,53 I	6,09 J
58	20,33 C	3,17 D	6,80 A	2,32 B	7,69 F
59	11,62 A	3,06 D	3,95 A	2,60 B	8,35 D
60	7,31 A	2,11 C	3,67 A	3,91 G	6,43 I
61	11,02 A	1,15 A	8,27 B	4,43 H	6,14 J
62	19,43 C	3,73 E	6,07 A	3,11 D	7,66 F
63	15,57 B	2,35 C	9,00 B	3,46 E	6,19 J
64	14,09 B	2,31 C	9,27 B	3,38 E	6,79 H
T ₁	12,12 E	6,08 J	2,56 E	1,77 A	9,62 B
T ₂	12,60 E	5,68 I	2,70 E	1,87 A	9,99 A

Médias seguidas da mesma letra, nas colunas, não diferem de acordo com o teste de Scott & Knott

Anexo C. Médias ajustadas das progênes PL referentes aos caracteres diâmetro longitudinal (DL), diâmetro transversal (DT) e formato (FF) do fruto, espessura da polpa (EP), número de sementes (NS) e peso de 100 sementes (PS) por fruto, avaliadas na população segregante PCS de melancia *C. lanatus* Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Progênes PL	Caracteres					
	DL	DT	FF	EP	NS	PS
1	20,73 F	17,36 F	1,19 I	7,50 D	563,30 G	5,47 D
2	22,31 H	18,67 G	1,20 I	8,14 B	543,69 G	3,99 A
3	22,60 H	18,45 G	1,22 I	8,20 B	561,04 G	6,33 F
4	20,36 F	17,60 F	1,15 G	7,80 C	521,36 G	5,40 D
5	19,72 F	16,70 E	1,18 H	7,47 D	530,58 G	4,11 A
6	16,80 C	15,18 B	1,10 D	6,75 F	515,50 G	6,20 E
7	18,70 E	16,52 E	1,12 E	7,24 D	555,34 G	6,49 F
8	21,27 G	18,19 G	1,16 G	8,12 B	480,14 F	4,49 B
9	18,63 E	16,84 E	1,10 D	7,40 D	609,44 H	5,39 D
10	17,76 D	15,68 C	1,13 F	6,97 E	479,78 F	7,03 G
11	22,40 H	20,22 I	1,10 D	9,15 A	596,40 H	6,82 F
12	22,12 H	18,47 G	1,20 I	7,88 C	578,29 H	4,58 B
13	17,28 D	15,56 C	1,10 D	6,94 E	530,64 G	7,33 G
14	20,66 F	17,82 F	1,15 G	8,13 B	376,49 C	7,76 H
15	22,58 H	18,48 G	1,22 I	7,80 C	613,61 H	5,39 D
16	18,62 E	16,07 D	1,15 G	7,02 E	666,13 I	4,75 B
17	19,84 F	17,30 F	1,14 F	7,77 C	472,23 E	5,91 E
18	21,54 G	19,12 G	1,12 E	8,32 B	422,65 D	4,15 A
19	21,51 G	19,79 H	1,08 C	8,91 A	422,84 D	5,56 D
20	21,65 G	18,76 G	1,15 G	8,23 B	624,10 H	5,02 C
21	23,02 H	19,04 G	1,21 I	8,35 B	680,15 I	4,74 B
22	21,66 G	18,65 G	1,16 G	8,33 B	422,55 D	5,29 C
23	22,07 H	18,78 G	1,17 H	8,28 B	368,27 C	5,00 C
24	20,87 F	18,67 G	1,11 E	8,19 B	541,44 G	5,89 E
25	22,48 H	18,67 G	1,20 I	8,33 B	602,22 H	6,47 F
26	21,22 G	17,89 F	1,19 I	7,71 C	582,24 H	6,05 E
27	20,37 F	18,32 G	1,10 D	7,85 C	471,89 E	4,29 A
28	23,03 H	19,29 H	1,19 I	8,44 B	455,59 E	8,03 H
29	18,87 E	16,61 E	1,13 F	7,47 D	355,73 C	5,12 C
30	17,86 D	17,02 E	1,04 B	7,48 D	326,04 C	8,34 H
31	23,89 I	20,52 I	1,16 G	9,12 A	480,60 F	6,56 F
32	22,75 H	20,12 I	1,13 F	9,24 A	572,89 H	7,56 G

Médias seguidas da mesma letra, nas colunas, não diferem de acordo com o teste de Scott & Knott

Anexo C. Continuação

Progenies PL	Caracteres					
	DL	DT	FF	EP	NS	PS
33	16,59 C	14,91 B	1,12 E	6,70 F	550,24 G	6,50 F
34	18,63 E	16,41 D	1,14 F	7,40 D	599,40 H	6,06 E
35	17,98 D	15,86 D	1,14 F	7,41 D	615,30 H	4,34 A
36	18,18 D	16,18 D	1,13 F	7,51 D	511,70 G	5,77 D
37	20,57 F	18,08 F	1,14 F	8,02 C	618,92 H	4,93 C
38	17,96 D	15,06 B	1,20 I	6,91 E	515,27 G	4,64 B
39	17,96 D	16,05 D	1,12 E	7,32 D	536,43 G	7,26 G
40	18,72 E	16,25 D	1,15 G	7,28 D	517,05 G	3,77 A
41	17,03 C	15,10 B	1,13 F	6,63 F	450,82 E	4,11 A
42	15,19 A	14,00 A	1,09 C	6,56 F	522,93 G	5,12 C
43	14,81 A	13,45 A	1,11 E	5,99 G	520,03 G	6,87 F
44	18,17 D	15,59 C	1,17 H	6,92 E	397,94 D	5,35 D
45	18,25 D	16,35 D	1,12 E	6,81 F	597,90 H	5,26 C
46	20,58 F	18,63 G	1,11 E	8,48 B	492,36 F	4,22 A
47	18,50 E	16,09 D	1,15 G	7,37 D	226,92 A	6,30 F
48	20,69 F	17,74 F	1,17 H	7,80 C	637,03 I	4,19 A
49	17,06 C	16,17 D	1,06 B	7,34 D	386,37 C	4,82 B
50	20,42 F	17,70 F	1,16 G	7,95 C	525,96 G	6,03 E
51	20,18 F	17,33 F	1,17 H	7,60 D	489,15 F	5,51 D
52	19,17 E	16,32 D	1,18 H	7,35 D	683,76 I	4,51 B
53	17,27 D	15,96 D	1,09 C	7,04 E	379,77 C	5,92 E
54	16,01 B	15,90 D	1,02 A	7,18 E	298,12 B	5,76 D
55	16,90 C	15,04 B	1,13 F	6,77 F	452,16 E	5,68 D
56	16,15 B	15,51 C	1,05 B	7,06 E	466,39 E	4,46 B
57	16,12 B	13,77 A	1,18 H	6,11 G	522,60 G	6,99 G
58	19,81 F	16,94 E	1,17 H	7,40 D	562,71 G	5,84 E
59	18,82 E	16,70 E	1,13 F	7,54 D	330,25 C	6,24 E
60	16,81 C	15,11 B	1,12 E	7,05 E	451,26 E	5,68 D
61	14,27 A	13,17 A	1,09 C	5,99 G	455,83 E	6,52 F
62	20,71 F	17,72 F	1,17 H	8,03 C	429,73 D	8,03 H
63	18,43 E	15,96 D	1,16 G	6,87 F	482,81 F	7,13 G
64	17,61 D	15,69 C	1,13 F	7,28 D	459,00 E	5,07 C
T ₁	23,98 I	20,73 I	1,15 G	9,28 A	350,82 C	5,38 D
T ₂	23,94 I	20,55 I	1,16 G	9,21 A	269,70 B	4,56 B

Médias seguidas da mesma letra, nas colunas, não diferem de acordo com o teste de Scott & Knott

Anexo D. Médias ajustadas das progênes AF referentes aos caracteres produção por planta (PP), peso de fruto (PF), número de frutos por planta (NP), cor (CP) e teor de sólidos solúveis (TS) da polpa, avaliadas na população segregante PCS de melancia. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Progênes AF	Caracteres				
	PP	PF	NP	CP	TS
1	18,32 C	3,54 E	7,03 D	3,46 E	6,89 G
2	20,27 C	5,79 I	5,33 D	2,04 A	10,07 A
3	16,96 C	4,02 F	5,38 D	3,11 D	8,29 C
4	18,75 C	3,65 E	8,32 C	3,77 F	7,51 F
5	18,84 C	4,01 F	7,87 C	3,91 F	6,28 I
6	19,59 C	3,61 E	8,50 C	2,38 B	8,49 C
7	24,17 B	3,97 F	9,00 C	3,10 D	7,90 E
8	17,34 C	4,36 G	5,11 D	3,05 D	7,92 E
9	16,29 D	3,57 E	6,30 D	3,53 E	6,79 H
10	18,68 C	2,03 C	14,95 A	4,34 H	5,56 J
11	26,54 B	5,46 I	6,76 D	3,50 E	7,00 G
12	38,00 A	6,67 J	4,99 D	1,96 A	10,00 A
13	15,62 D	2,03 C	13,27 A	4,63 I	5,70 J
14	21,40 B	5,75 I	6,09 D	2,43 B	9,86 A
15	13,27 D	3,26 D	5,07 D	4,46 H	6,28 I
16	22,01 B	3,33 E	7,93 C	3,68 F	7,78 E
17	15,49 D	3,64 E	6,00 D	2,90 D	7,83 E
18	16,99 C	4,68 H	4,93 D	3,27 E	7,46 F
19	17,40 C	6,55 J	3,58 D	2,01 A	8,87 B
20	10,80 E	3,23 D	5,53 D	3,74 F	7,39 F
21	12,69 D	3,86 F	5,02 D	2,40 B	7,70 E
22	15,21 D	4,26 F	10,67 B	3,10 D	7,90 E
23	11,43 E	3,80 E	5,47 D	3,36 E	7,62 F
24	15,23 D	3,27 D	6,47 D	1,71 A	8,29 C
25	15,40 D	4,76 H	4,63 D	3,10 D	7,94 E
26	19,33 C	3,76 E	7,07 D	3,26 E	6,89 G
27	13,17 D	3,13 D	7,23 D	4,08 G	7,12 G
28	17,00 C	4,41 G	4,97 D	1,89 A	8,82 B
29	15,81 D	2,90 D	7,13 D	2,48 B	8,24 D
30	15,91 D	3,30 E	6,13 D	3,87 F	6,99 G
31	16,24 D	5,38 I	4,55 D	1,84 A	9,75 A
32	17,12 C	5,70 I	6,07 D	3,52 E	6,81 H

Médias seguidas da mesma letra, nas colunas, não diferem de acordo com o teste de Scott & Knott

Anexo D. Continuação

Progênes AF	Caracteres				
	PP	PF	NP	CP	TS
33	12,75 D	3,99 F	4,38 D	2,69 C	8,36 C
34	14,63 D	2,97 D	5,30 D	4,03 G	6,59 H
35	19,00 C	2,34 C	9,57 C	3,53 E	6,85 G
36	19,31 C	3,01 D	8,20 C	2,90 D	8,08 D
37	21,36 B	4,32 G	4,83 D	2,53 B	7,38 F
38	16,87 C	1,76 B	10,67 B	3,58 E	6,72 H
39	12,95 D	3,05 D	6,60 D	4,44 H	6,71 H
40	13,71 D	3,37 E	4,08 D	3,01 D	7,23 F
41	14,13 D	2,07 C	8,47 C	3,40 E	7,04 G
42	18,18 C	1,26 A	14,33 A	4,67 I	6,06 I
43	10,44 E	1,25 A	8,80 C	4,68 I	6,05 I
44	13,57 D	2,37 C	7,07 D	3,53 E	6,90 G
45	14,26 D	2,84 D	5,80 D	4,47 H	6,56 H
46	16,52 D	4,20 F	4,68 D	2,47 B	8,38 C
47	8,78 E	4,18 F	3,01 D	2,71 C	8,69 B
48	19,23 C	3,33 E	8,33 C	3,53 E	7,02 G
49	14,29 D	3,03 D	5,67 D	2,83 D	8,74 B
50	15,45 D	3,17 D	5,58 D	2,74 C	7,98 E
51	11,87 E	4,73 H	2,50 D	2,46 B	8,52 C
52	15,38 D	2,86 D	6,92 D	2,57 B	8,22 D
53	14,91 D	2,29 C	6,72 D	2,88 D	7,72 E
54	8,38 E	2,06 C	5,71 D	3,39 E	7,30 F
55	13,73 D	2,11 C	7,90 C	4,87 I	6,03 I
56	17,53 C	2,41 C	8,33 C	4,02 G	6,86 G
57	13,69 D	1,59 B	11,00 B	4,13 G	5,72 J
58	17,28 C	3,08 D	7,20 D	2,50 B	7,90 E
59	19,13 C	3,87 F	5,62 D	2,73 C	8,88 B
60	15,84 D	3,35 E	3,80 D	2,57 B	8,20 D
61	10,14 E	1,25 A	11,87 B	4,47 H	6,03 I
62	12,44 D	2,89 D	5,70 D	3,77 F	7,48 F
63	15,14 D	3,22 D	5,43 D	2,93 D	7,26 F
64	7,19 E	1,96 C	4,95 D	3,02 D	6,93 G
T ₁	12,12 E	6,08 I	2,56 D	1,77 A	9,62 A
T ₂	12,60 D	5,68 I	2,70 D	1,87 A	9,99 A

Médias seguidas da mesma letra, nas colunas, não diferem de acordo com o teste de Scott & Knott

Anexo E. Médias ajustadas das progênes AF referentes aos caracteres diâmetro longitudinal (DL), diâmetro transversal (DT) e formato (FF) do fruto, espessura da polpa (EP), número de sementes (NS) e peso de 100 sementes (PS) por fruto, avaliadas na população segregante PCS de melancia *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Progênes AF	Caracteres					
	DL	DT	FF	EP	NS	PS
1	21,05 F	17,83 G	1,18 H	7,74 G	492,13 E	5,40 C
2	24,45 J	20,80 J	1,17 G	9,35 C	512,33 F	4,06 A
3	19,91 E	18,55 H	1,07 C	8,28 E	265,99 A	4,69 B
4	20,57 F	18,57 H	1,10 E	8,07 F	410,58 D	5,26 C
5	22,21 H	18,14 G	1,22 I	8,00 F	607,16 G	5,71 D
6	18,97 D	18,76 H	1,00 A	8,40 E	359,02 C	4,48 B
7	20,97 F	18,86 H	1,11 E	8,19 E	498,10 E	5,19 C
8	21,46 G	18,72 H	1,13 F	8,33 E	352,42 C	5,38 C
9	21,05 F	17,86 G	1,17 G	8,01 F	496,62 E	6,49 E
10	16,63 B	14,85 C	1,11 E	6,58 K	481,04 E	7,11 F
11	23,44 I	21,37 K	1,09 D	9,87 B	477,81 E	6,45 E
12	25,82 M	21,50 K	1,20 I	9,59 C	457,56 E	3,85 A
13	16,43 B	14,75 C	1,10 E	6,62 K	481,77 E	7,11 F
14	24,83 L	20,65 J	1,20 I	9,39 C	323,66 B	7,71 G
15	21,35 G	16,84 E	1,27 K	7,33 I	552,06 F	5,62 D
16	20,12 E	17,66 G	1,13 F	7,83 G	547,69 F	4,88 C
17	20,94 F	18,11 G	1,15 G	7,97 F	458,96 E	5,33 C
18	22,86 H	19,58 H	1,16 G	8,51 E	589,35 G	7,82 G
19	23,40 I	22,35 L	1,04 B	10,41 A	296,36 B	5,11 C
20	20,34 E	16,94 E	1,20 I	7,53 H	527,58 F	4,65 B
21	22,40 H	17,87 G	1,24 J	8,23 E	577,61 G	3,94 A
22	21,81 G	18,66 H	1,16 G	8,11 F	406,77 D	5,11 C
23	20,80 F	18,20 G	1,13 F	8,19 E	472,23 E	4,27 B
24	19,20 D	17,32 F	1,10 E	7,72 G	482,88 E	3,63 A
25	23,20 I	19,86 I	1,17 G	8,99 D	412,27 D	7,04 F
26	20,21 E	18,13 G	1,11 E	7,85 G	492,78 E	6,20 E
27	19,15 D	17,31 F	1,10 E	7,91 F	413,59 D	3,65 A
28	20,62 F	19,10 H	1,08 C	9,45 C	355,77 C	4,23 B
29	18,76 D	16,64 E	1,13 F	7,35 I	338,04 C	4,91 C
30	18,48 C	18,08 G	1,02 B	7,77 G	346,49 C	9,37 I
31	23,58 I	20,58 J	1,14 F	9,46 C	301,81 B	6,88 F
32	23,81 J	21,83 K	1,09 D	9,77 B	530,34 F	6,41 E

Médias seguidas da mesma letra, nas colunas, não diferem de acordo com o teste de Scott & Knott

Anexo E. Continuação

Progenies AF	Caracteres					
	DL	DT	FF	EP	NS	PS
33	20,14 E	18,16 G	1,11 E	8,20 E	242,49 A	5,45 C
34	18,73 D	16,65 E	1,13 F	7,54 H	626,89 G	5,32 C
35	17,65 C	15,90 D	1,12 E	7,06 J	569,43 G	4,31 B
36	19,66 E	16,95 E	1,16 G	7,81 G	414,66 D	5,62 D
37	21,74 G	18,86 H	1,16 G	8,44 E	497,18 E	6,77 F
38	16,97 B	14,15 B	1,20 I	6,38 L	510,16 F	3,55 A
39	19,52 E	16,92 E	1,16 G	7,82 G	520,07 F	7,91 G
40	19,58 E	17,37 F	1,13 F	7,73 G	422,91 D	4,07 A
41	16,28 B	15,46 C	1,07 C	6,91 J	331,20 B	6,39 E
42	14,16 A	13,26 A	1,08 C	6,16 L	455,86 E	5,67 D
43	14,39 A	13,25 A	1,10 E	6,10 L	481,36 E	6,90 F
44	17,99 C	15,25 C	1,18 H	6,57 K	349,16 C	6,32 E
45	19,03 D	16,63 E	1,15 G	7,27 I	607,03 G	4,31 B
46	21,16 F	18,44 H	1,15 G	8,34 E	443,90 E	4,33 B
47	20,65 F	18,25 G	1,13 F	8,39 E	294,67 B	6,69 F
48	20,09 E	17,52 F	1,15 G	7,69 G	715,25 H	3,85 A
49	18,27 C	17,10 F	1,07 C	7,66 H	271,56 A	5,83 D
50	19,89 E	17,03 E	1,17 G	7,58 H	488,73 E	4,90 C
51	22,72 H	18,77 H	1,21 I	8,45 E	505,83 F	5,24 C
52	19,27 D	16,25 D	1,19 H	7,37 I	680,78 H	3,86 A
53	17,07 B	16,01 D	1,08 C	7,04 J	447,30 E	5,28 C
54	16,60 B	15,63 D	1,07 C	6,94 J	339,59 C	5,83 D
55	17,25 B	14,94 C	1,16 G	6,64 K	516,01 F	6,10 E
56	18,01 C	15,74 D	1,15 G	7,01 J	500,49 E	5,84 D
57	16,17 B	14,01 B	1,16 G	6,16 L	534,13 F	8,29 H
58	20,19 E	16,85 E	1,20 I	7,58 H	545,59 F	6,03 E
59	20,15 E	18,51 H	1,09 D	7,81 G	323,56 B	7,01 F
60	19,53 E	17,33 F	1,13 F	8,02 F	403,17 D	4,25 B
61	14,49 A	13,38 A	1,09 D	6,23 L	454,70 E	6,57 E
62	18,68 D	16,45 D	1,14 F	7,59 H	367,91 C	8,30 H
63	19,79 E	17,35 F	1,14 F	7,79 G	540,61 F	8,90 I
64	16,12 B	14,85 C	1,09 D	7,03 J	371,42 C	5,36 C
T ₁	23,98 J	20,73 J	1,15 G	9,28 D	350,82 C	5,38 C
T ₂	23,94 J	20,55 J	1,16 G	9,21 D	269,70 A	4,56 B

Médias seguidas da mesma letra, nas colunas, não diferem de acordo com o teste de Scott & Knott

Anexo F. Depressão endogâmica por progênie referentes aos caracteres peso de fruto (PF), produção por planta (PP) e número de frutos por planta (NP) avaliadas na população segregante PCS de melancia. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Progênies	PP		PF		NP	
	DE	DE(%)	DE	DE(%)	DE	DE(%)
1	-1,38	-8,15	-0,24	-7,27	0,84	10,67
2	-1,34	-7,08	-1,44	-33,10	1,34	20,09
3	6,70	28,32	0,02	0,50	3,49	39,35
4	-2,26	-13,71	-0,05	-1,39	-0,97	-13,20
5	-1,44	-8,28	-1,06	-35,93	1,36	14,73
6	-0,07	-0,36	-1,47	-68,69	5,17	37,82
7	-2,02	-9,12	-1,08	37,37	2,40	21,05
8	-5,62	-47,95	-0,60	-15,96	-0,27	-5,58
9	2,92	15,20	-0,68	-23,53	4,43	41,29
10	8,09	30,22	0,35	14,71	4,05	21,32
11	-2,45	-10,17	-0,73	-15,43	0,91	11,86
12	-18,70	-96,89	-2,51	-60,34	1,08	17,79
13	4,61	22,79	0,20	8,97	0,73	5,21
14	-5,01	-30,57	-2,22	-62,89	-0,15	-2,53
15	4,62	25,82	0,71	17,88	1,10	17,83
16	0,43	1,92	-0,66	-24,72	3,10	28,11
17	-1,29	-9,08	-0,48	-15,19	0,12	1,96
18	10,17	37,44	-0,30	-6,85	3,24	39,66
19	-4,18	-31,62	-1,73	-35,89	0,67	15,76
20	4,65	30,10	0,87	21,22	2,20	28,46
21	7,74	37,89	0,63	14,03	0,45	8,23
22	0,86	5,35	-0,18	-4,41	-5,04	-89,52
23	3,90	25,44	0,60	13,64	-0,27	-5,19
24	4,03	20,92	0,61	15,72	-0,29	-4,69
25	2,89	15,80	-0,70	-17,24	2,87	38,27
26	2,24	10,38	-0,24	-6,82	1,66	19,01
27	6,88	34,31	0,69	18,06	0,79	9,85
28	0,79	4,44	0,27	5,77	1,76	26,15
29	3,40	17,70	-0,13	-4,69	0,94	11,65
30	0,55	3,34	-0,38	-13,01	0,95	13,42
31	9,15	36,04	0,07	1,28	2,78	37,93
32	-0,39	-2,33	-1,00	-21,28	0,93	13,29

Anexo F. Continuação

Progênes	PP		PF		NP	
	DE	DE(%)	DE	DE(%)	DE	DE(%)
33	2,51	16,45	-2,15	-116,85	5,82	57,06
34	-0,16	-1,11	-0,21	-7,61	0,70	11,67
35	-3,13	-19,72	0,20	7,87	-2,62	-37,70
36	-3,02	-18,54	-0,49	-19,44	-0,80	-10,81
37	10,43	32,81	-0,35	-8,82	12,61	72,31
38	-2,73	-19,31	0,41	18,89	-3,15	-41,89
39	2,11	14,01	-0,52	-20,55	-1,73	-35,52
40	-2,18	-18,91	-0,61	-22,10	4,74	53,74
41	-3,11	-28,22	0,19	8,41	-0,94	-12,48
42	-1,87	-11,47	0,26	17,11	-2,20	-18,14
43	4,19	28,64	0,02	1,57	0,93	9,56
44	1,00	6,86	0,06	2,47	0,40	5,35
45	-1,65	-13,08	-0,34	-13,60	1,27	17,96
46	6,08	26,90	-0,05	-1,20	0,65	12,20
47	2,25	20,40	-1,27	-43,64	3,31	52,37
48	-0,75	-4,06	0,09	2,63	0,14	1,65
49	2,14	13,02	-0,56	-22,67	2,56	31,11
50	1,95	11,21	0,45	12,43	0,75	11,85
51	0,36	2,94	-1,11	-30,66	2,81	52,92
52	-2,08	-15,64	0,00	0,00	-1,59	-29,83
53	6,26	29,57	0,09	3,78	1,03	13,29
54	5,26	38,56	0,38	15,57	0,56	8,93
55	-0,88	-6,85	0,04	1,86	0,88	10,02
56	-3,62	-26,02	-0,22	-10,05	-0,13	-1,59
57	0,50	3,52	-0,10	-6,71	-2,33	-26,87
58	3,05	15,00	0,09	2,84	-0,40	-5,88
59	-7,51	-64,63	-0,81	-26,47	-1,67	-42,28
60	-8,53	-116,69	-1,24	-58,77	-0,13	-3,54
61	0,88	7,99	-0,10	-8,70	-3,60	-43,53
62	6,99	35,98	0,84	22,52	0,37	6,10
63	0,43	2,76	-0,87	-37,02	3,57	39,67
64	6,90	48,97	0,35	15,15	4,32	46,60
Média	0,95	1,87	-0,32	-10,97	1,07	9,91
Erro padrão	5,58		0,57		2,72	

Anexo G. Depressão endogâmica por progênie referentes aos caracteres cor (CP) e teor de sólidos solúveis da polpa (TS), diâmetro longitudinal (DL) e diâmetro transversal (DT) do fruto, avaliadas na população segregante PCS de melancia. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Progênes	CP		TS		DL		DT	
	DE	DE(%)	DE	DE(%)	DE	DE(%)	DE	DE(%)
1	-0,24	-7,45	-0,31	4,31	-0,32	-1,54	-0,47	-2,71
2	0,31	13,19	-1,64	-19,45	-2,14	-9,59	-2,13	-11,41
3	0,03	0,96	-0,98	-13,41	2,69	11,90	-0,10	-0,54
4	0,01	0,26	-0,22	-3,02	-0,21	-1,03	-0,97	-5,51
5	-0,78	-24,92	0,92	12,78	-2,49	-12,63	-1,44	-8,62
6	2,46	50,83	-2,79	-48,95	-2,17	-12,92	-3,58	-23,58
7	1,56	33,48	-1,23	-18,44	-2,27	-12,14	-2,34	-14,16
8	-0,61	-25,00	-0,11	-1,41	-0,19	-0,89	-0,53	-2,91
9	0,20	5,36	0,28	3,96	-2,42	-12,99	-1,02	-6,06
10	-0,27	-6,63	0,50	8,25	1,13	6,36	0,83	5,29
11	0,04	1,13	-0,08	-1,16	-1,04	-4,64	-1,15	-5,69
12	1,38	41,32	-1,59	-18,91	-3,70	-16,73	-3,03	-16,40
13	0,01	0,22	0,39	6,40	0,85	4,92	0,81	5,21
14	0,48	16,49	-2,68	-37,33	-4,17	-20,18	-2,83	-15,88
15	-0,12	-2,76	0,56	8,19	1,23	5,45	1,64	8,87
16	0,42	10,24	-0,72	-10,20	-1,50	-8,06	-1,59	-9,89
17	0,23	7,35	-1,24	-18,82	-1,10	-5,54	-0,81	-4,68
18	-0,39	-13,54	0,82	9,90	-1,32	-6,13	-0,46	-2,41
19	0,32	13,73	-0,77	-9,51	-1,89	-8,79	2,56	12,94
20	-0,57	-17,98	0,22	2,89	1,31	6,05	1,82	9,70
21	0,63	20,79	0,28	3,51	0,62	2,69	1,17	6,14
22	0,01	0,32	-0,41	-5,47	-0,15	-0,69	-0,01	-0,05
23	-0,29	-9,45	1,06	12,21	1,27	5,75	0,58	3,09
24	1,82	51,56	-0,55	-7,11	1,67	8,00	1,35	7,23
25	0,45	12,68	-0,76	-10,58	-0,72	-3,20	-1,19	-6,37
26	0,47	12,60	0,12	1,71	1,01	4,76	-0,24	-1,34
27	-0,46	-12,71	0,75	9,53	1,22	5,99	1,01	5,51
28	1,33	41,30	-1,30	-17,29	2,41	10,46	0,19	0,98
29	0,50	16,78	-0,59	-7,71	0,11	0,58	0,03	-0,18
30	0,26	6,30	-0,15	-2,19	-0,62	-3,47	-1,06	-6,23
31	0,69	27,27	-0,76	-8,45	0,31	1,30	-0,06	-0,29
32	-0,14	-4,14	0,27	3,81	-1,06	-4,66	-1,71	-8,50

Anexo G. Continuação

Progênes	CP		TS		DL		DT	
	DE	DE(%)	DE	DE(%)	DE	DE(%)	DE	DE(%)
33	1,78	39,82	-2,33	-38,64	-3,55	-21,40	-3,25	-21,80
34	-0,03	-0,75	-0,09	-1,38	-0,10	-0,54	-0,24	-1,46
35	0,09	2,49	0,11	1,58	0,33	1,84	-0,04	-0,25
36	1,27	30,46	-1,88	-30,32	-1,48	-8,14	-0,77	-4,76
37	0,24	8,66	0,68	8,44	-1,17	-5,69	-0,78	-4,31
38	0,43	10,72	-0,22	-3,38	0,99	5,51	0,91	6,04
39	-0,11	-2,54	-0,24	-3,71	-1,56	-8,69	-0,87	-5,42
40	-0,54	-21,86	0,09	1,23	-0,86	-4,59	-1,12	-6,89
41	-0,40	-13,33	0,51	6,75	0,75	4,40	-0,36	-2,38
42	-0,24	-5,42	0,31	4,87	1,03	6,78	0,74	5,29
43	0,01	0,21	0,19	3,04	0,42	2,84	0,20	1,49
44	-0,11	-3,22	0,10	1,43	0,18	0,99	0,34	2,18
45	-0,90	-25,21	0,32	4,65	-0,78	-4,27	-0,28	-1,71
46	0,26	9,52	0,15	1,76	-0,58	-2,82	0,19	1,02
47	-0,30	-12,45	-0,23	-2,72	-2,15	-11,62	-2,16	-13,42
48	-0,43	-13,87	0,62	8,12	0,60	2,90	0,22	1,24
49	0,74	20,73	-0,46	-5,56	-1,21	-7,09	-0,93	-5,75
50	-0,47	-20,70	0,47	5,56	0,53	2,60	0,67	3,79
51	0,35	12,46	-0,49	-6,10	-2,54	-12,59	-1,44	-8,31
52	0,42	14,05	-0,87	-11,84	-0,10	-0,52	0,07	0,43
53	0,09	3,03	0,11	1,40	0,20	1,16	-0,05	-0,31
54	0,03	0,88	0,92	11,19	-0,59	-3,69	0,27	1,70
55	-0,28	-6,10	0,21	3,37	-0,35	-2,07	0,10	0,66
56	-0,65	-19,29	0,33	4,59	-1,86	-11,52	-0,23	-1,48
57	0,40	8,83	0,37	6,08	-0,05	-0,31	-0,24	-1,74
58	-0,18	-7,76	-0,21	-2,73	-0,38	-1,92	0,09	0,53
59	-0,13	-5,00	-0,53	-6,35	-1,33	-7,07	-1,81	-10,84
60	1,34	34,27	-1,77	-27,53	-2,72	-16,18	-2,22	-14,69
61	-0,04	-0,90	0,11	1,79	-0,22	-1,54	-0,21	-1,59
62	-0,66	-21,22	0,18	2,35	2,03	9,80	1,27	7,17
63	0,53	15,32	-1,07	-17,29	-1,36	-7,38	-1,39	-8,71
64	0,36	10,65	-0,14	-2,06	1,49	8,46	0,84	5,35
Média	0,20	4,72	-0,26	-3,96	-0,47	-2,56	-0,51	-3,02
Erro padrão	0,38		0,45		1,23		0,94	

Anexo H. Depressão endogâmica por progênie referentes aos caracteres formato do fruto (FF), espessura da polpa (EP), número de sementes (NS) e peso de 100 sementes (PS) por fruto, avaliadas na população segregante PCS de melancia. *C. lanatus*. Embrapa Semi-Árido, Petrolina, 1998-99.

Progênies	FF		EP		NS		PS	
	DE	DE(%)	DE	DE(%)	DE	DE(%)	DE	DE(%)
1	0,01	0,84	-0,24	-3,20	71,17	12,63	0,07	1,28
2	0,03	2,50	-1,21	-14,86	31,36	5,77	-0,07	-1,75
3	0,15	12,30	-0,08	-0,98	295,05	52,59	1,64	25,91
4	0,05	4,35	-0,27	-3,46	110,78	21,25	0,14	2,59
5	-0,04	-3,39	-0,53	-7,10	-76,58	-14,43	-1,60	-38,93
6	0,10	9,09	-1,65	-24,44	156,48	30,35	1,72	27,74
7	0,01	0,89	-0,95	-13,12	57,24	10,31	1,30	20,03
8	0,03	2,59	-0,21	-2,59	127,72	26,60	-0,89	-19,82
9	-0,07	-6,36	-0,61	-8,24	112,82	18,51	-1,10	-20,41
10	0,02	1,77	0,39	5,60	-1,26	-0,26	-0,08	-1,14
11	0,01	0,91	-0,72	-7,87	118,59	19,88	0,37	5,43
12	0,00	0,00	-1,71	-21,70	120,73	20,88	0,73	15,94
13	0,00	0,00	0,32	4,61	48,87	9,21	0,22	3,00
14	-0,05	-4,35	-1,26	-15,50	52,83	14,03	0,05	0,64
15	-0,05	-4,10	0,47	6,03	61,55	10,03	-0,23	-4,27
16	0,02	1,74	-0,81	-11,54	118,44	17,78	-0,13	-2,74
17	-0,01	-0,88	-0,20	-2,57	13,27	2,81	0,58	9,81
18	-0,04	-3,57	-0,19	-2,28	-166,70	-39,44	-3,67	-88,43
19	0,04	3,70	-1,50	-16,84	126,48	29,91	0,45	8,09
20	-0,05	-4,35	0,70	8,51	96,52	15,47	0,37	7,37
21	-0,03	-2,48	-0,12	-1,44	102,54	15,08	0,80	16,88
22	0,00	0,00	0,22	2,64	15,78	3,73	0,18	3,40
23	0,04	3,42	0,09	1,09	-103,96	-28,23	0,73	14,60
24	0,01	0,90	0,47	5,74	58,56	10,82	2,26	38,37
25	0,03	2,50	-0,66	-7,92	189,95	31,54	-0,57	-8,81
26	0,08	6,72	-0,14	-1,82	89,46	15,36	-0,15	-2,48
27	0,00	0,00	-0,06	-0,76	58,30	12,35	0,64	14,92
28	0,11	9,24	-1,01	-11,97	99,82	21,91	3,80	47,32
29	0,00	0,00	0,12	1,61	17,69	4,97	0,21	4,10
30	0,02	1,92	-0,29	-3,88	-20,45	-6,27	-1,03	-12,35
31	0,02	1,72	-0,34	-3,73	178,79	37,20	0,32	4,88
32	0,04	3,54	-0,53	-5,74	42,55	7,43	1,15	15,21

Anexo H. Continuação

Progênes	FF		EP		NS		PS	
	DE	DE(%)	DE	DE(%)	DE	DE(%)	DE	DE(%)
33	0,01	0,89	-1,50	-22,39	307,75	55,93	1,05	16,15
34	0,01	0,88	-0,14	-1,89	-27,49	-4,59	0,74	12,21
35	0,02	1,75	0,35	4,72	45,87	7,45	0,03	0,69
36	-0,03	-2,65	-0,30	-3,99	97,04	18,96	0,15	2,60
37	-0,02	-1,75	-0,42	-5,24	121,74	19,67	-1,84	-37,32
38	0,00	0,00	0,53	7,67	5,11	0,99	1,09	23,49
39	-0,04	-3,57	-0,50	-6,83	16,36	3,05	-0,65	-8,95
40	0,02	1,74	-0,45	-6,18	94,14	18,21	-0,30	-7,96
41	0,06	5,31	-0,28	-4,22	119,62	26,53	-2,28	-55,47
42	0,01	0,92	0,40	6,10	67,07	12,83	-0,55	-10,74
43	0,01	0,90	-0,11	-1,84	38,67	7,44	-0,03	-0,44
44	-0,01	-0,85	0,35	5,06	48,78	12,26	-0,97	-18,13
45	-0,03	-2,68	-0,46	-6,75	-9,13	-1,53	0,95	18,06
46	-0,04	-3,60	0,14	1,65	48,46	9,84	-0,11	-2,61
47	0,02	1,74	-1,02	-13,84	-67,75	-29,86	-0,39	-6,19
48	0,02	1,71	0,11	1,41	-78,22	-12,28	0,34	8,11
49	-0,01	-0,94	-0,32	-4,36	114,81	29,72	-1,01	-20,95
50	-0,01	-0,86	0,37	4,65	37,23	7,08	1,13	18,74
51	-0,04	-3,42	-0,85	-11,18	-16,68	-3,41	0,27	4,90
52	-0,01	-0,85	-0,02	-0,27	2,98	0,44	0,65	14,41
53	0,01	0,92	0,00	0,00	-67,53	-17,78	0,64	10,81
54	-0,05	-4,90	0,24	3,34	-41,47	-13,91	-0,07	-1,22
55	-0,03	-2,65	0,13	1,92	-63,85	-14,12	-0,42	-7,39
56	-0,10	-9,52	0,05	0,71	-34,10	-7,31	-1,38	-30,94
57	0,02	1,69	-0,05	-0,82	-11,53	-2,21	-1,30	-18,60
58	-0,03	-2,56	-0,18	-2,43	17,12	3,04	-0,19	-3,25
59	0,04	3,54	-0,27	-3,58	6,69	2,03	0,77	-12,34
60	-0,01	-0,89	-0,97	-13,76	48,09	10,66	1,43	25,18
61	0,00	0,00	-0,24	-4,01	1,13	0,25	-0,05	-0,77
62	0,03	2,56	0,44	5,48	61,82	14,39	-0,27	-3,36
63	0,02	1,72	-0,92	-13,39	-57,80	-11,97	-1,77	-24,82
64	0,04	3,54	0,25	3,43	87,58	19,08	-0,29	-5,72
Média	0,01	0,46	-0,28	-3,68	48,70	8,60	0,02	-0,71
Erro Padrão	0,03		0,43		68,96		0,65	

Anexo I. Coeficientes dos componentes quadráticos da variância genética que participam das covariâncias entre parentes, de acordo com o modelo genético proposto por Coelho & Vencovsky⁴, o qual pressupõe desequilíbrio na população de referência.

Componentes da variância genética	Covariâncias entre parentes				
	$C_{PM, AF}^1$	$C_{PM, PL}^2$	$C_{AF, AF}^1$	$C_{PL, PL}^2$	$C_{AF, PL}^2$
σ_A^2	$1 + F$	$\frac{(1+s)(1+F)}{2}$	$1 + F$	$\frac{(1+s)^2(1+F)}{4}$	$\frac{(1+s)(1+F)}{2}$
σ_D^2	$\frac{1-F}{2}$	$\frac{s(1-F)}{2}$	$\frac{1-F}{4}$	$\frac{s^2(1-F)^2}{4}$	$\frac{s(1-F)^2}{4}$
D_1	$\frac{1+7F}{2}$	$F + \frac{s(1+5F)}{2}$	$1+3F$	$\frac{s(1+s)(1+3F)}{2}$	$\frac{(1+3s)(1+3F)}{4}$
D_2	F	sF	$\frac{1+7F}{8}$	$\frac{s^2(1+7F)}{8}$	$\frac{s(1+7F)}{8}$
H^*	$\frac{F(1-F)}{2}$	$\frac{sF(1-F)}{2}$	$\frac{F(1-F)}{4}$	$\frac{s^2F(1-F)}{4}$	$\frac{sF(1-F)}{4}$
$H^2 - H^*$	$\frac{F(1-F^2)}{2(2+F)}$	$\frac{sF(1-F^2)}{2(2+F)}$	$\frac{F(1-F^2)}{4(2+F)}$	$\frac{s^2F(1-F^2)}{4(2+F)}$	$\frac{sF(1-F^2)}{4(2+F)}$

A depressão endogâmica total foi estimada de acordo com a fórmula:

$$\hat{H} = \frac{2(\bar{y}_{...1} - \bar{y}_{...2})}{(1-s)(1+F)} \quad (39)$$

$$\hat{H}^2 = \hat{H}^2 - \frac{4}{(1-s)^2(1+F)} \left(\sigma_{\bar{y}_{...1}}^2 + \sigma_{\bar{y}_{...2}}^2 \right) \quad (40)$$

sendo:

$\hat{H}^2$ = estimador não tendencioso de $\hat{H}$;

$\bar{y}_{...1}$ e $\bar{y}_{...2}$ = médias da variável y nas progênies do tipo l , sendo $l = 1$ para progênies PL

($\bar{y}_{...1}$) e $l = 2$ para progênies AF ($\bar{y}_{...2}$);

$\sigma_{\bar{y}_{...1}}^2$ e $\sigma_{\bar{y}_{...2}}^2$ = variâncias da média da variável y na progênie do tipo l , sendo $l = 1$ para progênies PL e $l = 2$ para progênies AF, obtidas de acordo com a expressão 21;

F e s = coeficiente de endocruzamento e taxa de autofecundação natural, respectivamente.

⁴ Coelho, A.S.G. (Universidade Federal de Goiás); Vencovsky, R. (Universidade de São Paulo).

7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: John Willey, 1960. 485 p.

ARAÚJO, J.P. de; SOUZA, R. de C.; QUEIRÓZ, M.A. de; CANDELAS, J. de A. Avaliação de germoplasma de melancia, em Petrolina-PE, visando à resistência à oídio (*Sphaerotheca fuliginea*). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 27, Curitiba, 1987. **Resumos**. Curitiba: SOB, 1987. p. 48.

ARAÚJO, J.P. de, SOUZA, R. de C. Avaliação de germoplasma de melancia ao vírus WMV-1 em Petrolina (PE). **Horticultura Brasileira**, v. 6, n.1, p. 45, 1988.

ARAÚJO, J.P. de; DIAS, R.C. de S.; QUEIRÓZ, M.A. de; PESSOA, H.B.S.V. Avaliação de linhas de germoplasma de melancia visando resistência ao vírus WMV-1. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 29, Recife, 1989. **Resumos**. Recife: SOB, 1989. p. 41.

ASSIS, J.G. de A. Estudos genéticos no gênero *Citrullus*. Jaboticabal, 1994. 99p. Dissertação (M. S.) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”.

ASSIS, J.G. de A. Caracterização isoenzimática e variabilidade genética de populações de melancia (*Citrullus lanatus*) do nordeste brasileiro. Piracicaba, 1999. 76p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

AVRAMESCU, A.; ENACHESCU, G.; BARBULESCU-LESE, T.; DINESCU, I. Hybrids of watermelon. **Analele Institutului de Cercetari Pentru Legumicultura si Floricultura**, v. 2, p. 37-46, 1972./Resumo/

BLANDÓN, S.C. Efeito da deriva genética sobre caracteres quantitativos em uma população de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1996. 90p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo.

- BORGES, R.M.E. Estudo da herança da resistência ao oídio (*Sphaerotheca fuliginea*) (Schlecht Poll Ex. Fr.) em melancia (*Citrullus lanatus*) (Thunb. Mansf.). Recife, 1996. 66p. Dissertação (M.S.) – Universidade Federal de Pernambuco.
- BORGES, R. M. E.; FERREIRA, M.A.J. da F.; QUEIRÓZ, M.A. de; VENCovsky, R. Avaliação da expressão sexual em uma população base de melancia originada do cruzamento interpopulacional entre P14 e Crimson Sweet. In: ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, 14., Recife, 1999. **Resumos**. Recife: SBG, 1999. p. 68.
- BRAR, J.S., SIDHU, A.S. Heterosis and combining ability of earliness and quality characters in watermelon (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf.) Part II. **Journal of Research Punjab Agricultural University**, v. 14, n. 3, p. 272-8, 1977. Resumo 6472 em **Plant Breeding Abstract**, v.49, n. 7, p. 527, 1979.
- BRAR, J. S., SUKHIJA, B. S. Line x tester analysis for combining ability in watermelon (*Citrullus lanatus* Thunb. Mansf.). **Indian Journal of Horticulture**, n. 34, p. 410-414, 1977.
- BRAR, J. S., SUKHIJA, B. S. Line x tester analysis for combining ability in watermelon (*Citrullus lanatus* Thunb. Mansf.). **Indian Journal of Horticulture**, n. 34, p. 410-414, 1977.
- CAMARGO FILHO, W.P. de C. et al. Estacionalidade da produção e preços de abóboras em São Paulo. **Informe Econômico**, v. 24, n.1, p.25-37, 1995.
- CAO, W.H.; ZHAO, Y.R. An analysis on isoenzyme and soluble protein in watermelon **Acta Agriculturae Boreali Sinica**, v. 9, n.2, p.64-71, 1994./Resumo/
- CARDOSO, R. G. Depressão por endogamia dos componentes da produção em populações e híbridos de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1999. 134 p. Dissertação (M. S.) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiróz”, Universidade de São Paulo.
- CASTELLANE, P.D.; CORTEZ, G.E.P. **A cultura da melancia**. Jaboticabal: FUNEP, 1995. 64 p.
- CLEGG, M.T. Measuring plant mating systems. **BioScience**, v. 30, n. 12, p. 814-818, 1980.
- COCKERHAM, C.C. Covariances of relative from self-fertilization. **Crop Science**, v. 23, p. 1177-1180, 1983.

- COCKERHAM, C.C.; WEIR, B.S. Covariances of relatives stemming from a population undergoing mixed self and random mating. **Biometrics**, v. 40, p. 157-164, 1984.
- COSTA, C.P. da; PINTO, C.A.B.P. Melhoramento da melancia. In: **Melhoramento de hortaliças**, Revisão. Piracicaba: ESALQ/USP, 1977. v.2, cap. 8, p. 196-209.
- COSTA, M. S.V. **Relatório de projeto em andamento**. Petrolina: Embrapa Semi-Árido, 1992. 44 p.
- CRAMER, C.S.; WEHNER, T.C. Fruit yield and yield component means and correlations of four slicing cucumber populations improved through six to ten cycles of recurrent selection. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 123, n. 3, p. 388-395, 1998a.
- CRAMER, C.S.; WEHNER, T.C. Performance of three selection cycles from four slicing cucumber populations hybridized with a tester. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 123, n. 3, p. 396-400, 1998b.
- CRAMER, C.S.; WEHNER, T.C. Testcross performance of three selection cycles from four slicing pickling cucumber populations. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 124, n. 3, p. 257-261, 1999.
- CRISÓSTOMO, J.R. Avaliação da estrutura e do potencial genético de uma população de algodoeiro (*G. hirsutum* L.) parcialmente autógama. Piracicaba, 1989. 191 p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiróz", Universidade de São Paulo.
- DIAS, R. de C.S., ARAÚJO, J.P. de, QUEIRÓZ, M.A. de. Resistência de populações de *Citrullus lanatus* ao oídio (*Sphaerotheca fuliginea*). **Horticultura Brasileira**, v. 7, n. 1, p. 52, 1989.
- DIAS, R.C.S.; QUEIROZ, M. A de. Melhoramento genético de melancia. Obtenção de progênes tolerantes ao oídio (*Sphaerotheca fuliginea*) e com boas características de fruto. **Horticultura Brasileira**, v.10, n. 1, p. 53, 1992.
- DIAS, R. de C.S.; QUEIRÓZ, M.A. de; MENEZES, M. Fontes de resistência em melancia a *Didymella bryoniae*. **Horticultura Brasileira**, v. 14, n.1, p. 15-18, 1996.

- DOIJODE, S.D.; SULLADMATH, U.V. Genetics of certain fruit characters in pumpkin (*Cucurbita moschata* Poir.) **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 14, p. 35-40, 1985.
- DOIJODE, S.D.; SULLADMATH, U.V. Genetic variability and correlation studies in pumpkin (*Cucurbita moschata* Poir.) **Mysore Journal of Agricultural Sciences**, v. 20, n. 1, p. 59-61, 1986./Resumo/
- DOIJODE, S.D.; SULLADMATH, U.V. Genetics of certain vegetative and flowering characters in pumpkin (*Cucurbita moschata* Poir.) **Agricultural Science Digest Karnal**, v.8, n. 4, p. 203-206, 1988./Resumo/
- DYUTIN, K.E., PROSVIRNIN, V.I. Diallel analysis economically useful characters in watermelon and melon. **Tsitol. Genet.**, v. 13, n. 6, p. 456-62, 1979. Resumo 4293 em **Plant Breeding Abstract**, v. 52, n. 5, p. 391, 1982.
- ENNOS, R.A.; CLEGG, M.T. Effect of population substructuring on estimates of outcrossing rate in plant populations. **Heredity**, v. 48, n. 2, p. 283-292, 1982.
- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. New York: Roland Press, 1989. 438 p.
- FERNANDES, J.S.C. Progressos esperados em linhagens de milho via seleção recorrente intra e interpopulacional. Piracicaba, 1990. 235 p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- FERREIRA, M.A J. da F. Análise dialélica em melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf. Jaboticabal, 1996. 75 p. Dissertação (M.S.) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho".
- FERREIRA, M.A.J. da F.; QUEIRÓZ, M.A. de. Seleção entre progênes de meios-irmãos em melancia (*Citrullus lanatus*). In: ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, 10., João Pessoa, 1994. **Resumos** . João Pessoa: SBG, 1994.
- FERREIRA, M.A.J. da F.; BRAZ, L.T., QUEIRÓZ, M.A. de. Expressão Sexual em Melancia (*Citrullus lanatus* Thunb Mansf.). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 35.; CONGRESSO LATINO-AMERICANO DE HORTICULTURA, 7., Foz do Iguaçu, 1995a. **Resumos**. Foz do Iguaçu: SOB, 1995. p. 81.

- FERREIRA, M.A.J. da F.; QUEIRÓZ, M.A. de; VENCOVSKY, R. Emprego de acessos do banco ativo de germoplasma (BAG) de melancia da Embrapa Semi-Árido no pré-melhoramento da espécie (compact disc). In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE, 2., Brasília, 1999. **Resumos**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos, 1999a.
- FERREIRA, M.A.J. da F.; QUEIRÓZ, M.A. de; VENCOVSKY, R.; BORGES, R. M. E. Variabilidade fenotípica em população base de melancia oriunda de cruzamento interpopulacional. In: ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, 14., Recife, 1999b. **Resumos**. Recife: SOB, 1999. p. 62.
- FERREIRA, M.A.J. da F.; SANTOS, J.M. dos; FERREIRA, R.J.; BRAZ, L.T. Elétron-micrografias de grãos de pólen de diferentes genótipos de melancia. In: COLÓQUIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MICROSCOPIA ELETRÔNICA, 15., CONGRESSO INTERAMERICANO DE MICROSCOPIA ELETRÔNICA, 3., Caxambú, 1995b. **Resumos**. Caxambú: SBME, 1995. p. 370.
- FROTA, D.G.; PEDROSA, J.F.; GRANGEIRO, L.C.; TORRES FILHO, J. Produção e qualidade de frutos de linhagens de jerimum de leite (compact disc). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 38., Petrolina, 1998. **Resumos**. Petrolina: SOB, 1998.
- GAIOTTO, F.A. Estimativa de recombinação e estrutura genética em uma população de melhoramento de *Eucalyptus urophylla* com marcadores RAPD e AFLP. Botucatu, 1996. 91 p. Dissertação (M.S.) – Faculdade de Ciências Agrônômicas de Botucatu, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”.
- GAIOTTO, F.A.; BRAMUCCI, M.; GRATTAPAGLIA, D. Estimation of outcrossing rate in breeding population of *Eucalyptus urophylla* with dominant RAPD and AFLP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 95, p. 842-849, 1997.
- GHAJ, G.L. Covariances among relatives in populations under mixed self-fertilization and random mating. **Biometrics**, v. 38, p. 87-92, 1982.
- GILL, B.S., KUMAR, J.C. Combining ability analysis in watermelon (*Citrullus lanatus* Thunb. Mansf.). **Indian Journal of Horticulture**, v. 45, n. 1/2, . 104-109, 1988.

GLOBERSON, D.; GENIZI, A.; STAUB, J.E. Inheritance of seed weight in *Cucumis sativus* (L.) var. *sativus* and var. *hardwickii* (Royle) Kitamura. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 74, p. 522-526, 1987.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1988. 468 p.

HARRIS, D.L. Genotypic covariances between inbred relatives. **Genetics**, v. 50, p. 1319-1348, 1964.

HASSAN, A.M.; SHERIF, H.S.; NAZEEM, H.R.; ABDEL MIGID, A.A. Genetic behavior of some economic characters in squashes (*Cucurbita* sp.). **Annals of Agricultural Science**, v. 22, n.1, p.175-187, 1984./Resumo/

HEXUN, H.; XIAOQI, .Z.; ZHENCHENG, W.; QINGHUI, L.; XI, L. Inheritance of male-sterility and dwarfism in watermelon [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. and Nakai]. **Scientia Horticulturae**, v. 74, p. 175-181, 1998.

HOJO, H. Triagem de populações e herança da resistência ao vírus do mosaico da melancia-1 (WMV-1) em melancia (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf.). Botucatu, 1989. 97 p. Dissertação (M.S.) – Faculdade de Ciências Agronômicas de Botucatu, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”.

IBGE. <http://www.ibge.gov.br/informacoes/estat1.htm>. 23 de nov de 1998.

IBGE. Rio de Janeiro, v. 51, 1991. 1024 p.

KALB, T.J.; DAVIS, D.W. Evaluation of combining ability, heterosis, and genetic variance for fruit quality characteristics in bush muskmelon. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 109, n. 3, p. 411-415, 1984.

KOHN, J.R.; BIARDI, J.E. Outcrossing rates and inferred levels of inbreeding depression in gynodioecious *Cucurbita foetidissima* (Cucurbitaceae). **Heredity**, v. 75, p. 77-83, 1995.

KUMARAN, S.S.; NATARAJAN, S.; THAMBURAJ, S. Genetic variability in pumpkin (*Cucurbita moschata* Duch. ex. Poir.). **South Indian Horticulture**, v. 45, n. 1-2, p. 10-12, 1997. /Resumo/

- LABRADA, H.R.; ALMIRALL, F.; GALARRAGA, E.C. Tropical pumpkin (*Cucurbita moschata*) for marginal conditions: breeding for stress interactions. **Plant Genetic Resources Newsletter**, n. 113, p. 4-7, 1998.
- LEE, S.J.; SHIN, J.S.; PARK, K.W.; HONG, Y.P. Detection of genetic diversity using RAPD-PCR and sugar analysis in watermelon [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf.] germplasm. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 92, p. 719-725, 1996.
- LEONEL, L.A., ZÁRATE, N. A. H.; VIEIRA, M.C.; MARCHETTI, M.E. Avaliação da produtividade e do teor de sólidos solúveis de sete genótipos de melancia em Dourados-MS (compact disc). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 38., Petrolina, 1998, **Resumos**. Petrolina: SOB, 1998.
- LEVI, A.; THOMAS, C.E.; KEINATH, A.P.; WEHNER, T.C. Estimation of genetic diversity among *Citrullus* accessions using RAPD markers. **Acta Horticulturae**, v. 510, p. 385-390, 2000. Proceedings of 7th EUCARPIA Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding.
- LOPES, J.F. Melhoramento genético (chuchu, melancia, melão e pepino). **Informe Agropecuário**, v. 85, n. 8, p. 61-65, 1982.
- LOPES, M.M. Caracteres descritivos e estimativas de parâmetros genéticos de cruzamento dialélico parcial entre cinco cultivares de melão (*Cucumis melo* L.). Mossoró, 1991.45 p. Dissertação (M.S.) – Escola Superior de Agricultura de Mossoró.
- MALEPSZY, S.; NIEMIROWICZ-SZCZYTT, F. Sex determination in cucumber (*Cucumis sativus*) as a model system for molecular biology. **Plant Science**, v. 60, p. 39-47, 1991.
- MALUF, W.R.; SILVA, I.S. da S.; MOURA, W. de M. Inheritance of watermelon mosaic virus-1 (WMV-1) resistance in squash *Cucurbita maxima* Duch. **Revista Brasileira de Genética**, v. 18, n.1, p. 175-182, 1985.
- MIRANDA, F.R. de; SILVA, W.L.C. Cultura da melancia sob fertirrigação no Projeto Jaíba, norte de Minas Gerais. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 34, Águas de São Pedro, 1994. **Resumos**. Águas de São Pedro: SOB, 1994. p. 92.
- MISHRA, H.; MISHRA, R.S.; PARHI, G.; MISHRA, S.N. Diallel analysis for variability in bitter gourd (*Momordica charantia*). **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 68, n. 1, p. 18-20, 1998.

- MOHR, H.C. Watermelon breeding. In: BASSET, M.I. (Ed.). **Breeding in vegetables crops**. Westport: Avi, 1986. p. 33-66.
- MOURA, M. da C.C.L.; QUEIRÓZ, M.A. de. Coleta de acessos de Cucurbitaceae em 16 municípios dos Estado do Maranhão. In: ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, 12., Maceió, 1997. **Anais**. Maceió: SBG, 1997. p. 118.
- MURRAY, R.W.; THOMPSON, W.F. Rapid isolation of high-molecular-weight plant DNA. **Nucleic Acid Research**, n. 8, p. 4321-4325, 1990.
- NAVOT, N.; SARFATTI, M.; ZAMIR, D. Linkage relationships of genes affecting bitterness and flesh color in watermelon. **The Journal of Heredity**, v. 81, n. 2, p. 162-165, 1990.
- NAVOT, N.; ZAMIR, D. Linkage relationships of 19 protein coding genes in watermelon. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 72, p. 274-278, 1986.
- NIENHUIS, J.; LOWER, R.L. Comparison of two recurrent selection procedures for yield in two pickling cucumber populations. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 113, n. 2, p. 272-276, 1988.
- OLIVEIRA, J.M.F. de. Avaliação de cultivares de melancia em ecossistemas de cerrado de Boa Vista-RO (compact disc). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 38, Petrolina, 1998. **Resumos**. Petrolina: SOB, 1998.
- OWENS, K.W.; BLISS, F.A.; PETERSON, C.E. Genetic analysis of fruit length and weight in two cucumber populations using the inbred backcross line method. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 110, n. 3, p. 431-436, 1985.
- PAIVA, W.O. de. Parâmetros genéticos em maxixe sem espículos. **Acta Amazonica**, p. 3-7, 1994.
- PAIVA, W.O. de. Melhoramento de pepino na região úmida da Amazônia. **Horticultura Brasileira**, v. 14, n. 2, p.139-143, 1996.
- PAIVA, W.O. de. Avaliação genética e estudo de correlação em pepino. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32, n.7, p.719-723, 1997.

- PAIVA, W.O. de; SABRY NETO, H.; LOPES, A.G.S. Variabilidade genética de caracteres de planta e produção em linhagem de melão (compact disc). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 38., Petrolina, 1998. **Resumos**. Petrolina: SOB, 1998.
- PARAN, I.; SHIFRISS, C.; RACCAH, B. Inheritance of resistance to Zucchini yellow mosaic virus in the interspecific cross *Cucurbita maxima* x *C. ecuadorensis*. **Euphytica**, v. 42, p. 227-232, 1989.
- PARTAP, P. S. MEHROTRA, N.; VASHISTHA, R.N.; PANDITA, M.L. Biparental crossing in watermelon (*Citrullus lanatus*, (Thunb.) Schard.). **Genetica Agraria**, v. 38, n. 4, p. 379-385, 1984.
- PEREIRA, M.B. Comparação de métodos de seleção em populações parcialmente autógamas. Piracicaba, 1989. 147 p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- PEREIRA, M. B.; VENCOVSKY, R.; FREIRE, E.C. Número de gerações necessário para uma população de sistema reprodutivo intermediário atingir o equilíbrio. In: CONGRESSO DA SOCIEDADE BRASILEIRA PARA O PROGRESSO DA CIÊNCIA, 38., Curitiba, 1986. **Resumos**. Curitiba: SBPC, 1986.
- PITCHAIMUTHU, M.; SIROHI, P.S. Genetic analysis of fruit characters in bottle gourd (*Lagenaria siceraria* (Mol.) Standl). **Journal Genetics and Breeding**, v. 51, p. 33-37, 1997.
- PRASAD, A.; SINGH, P.D.; NALINI, K. Heritability and genetic advance in *Luffa cylindrica* L. **Progressive Horticulture**, v. 16, n. 3-4, p. 312-315, 1984.
- PRASAD, L.; GAUTAM, N.C.; SINGH, S.P. Studies on genetic variability and character association in watermelon (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf.). **Vegetable Science**, v. 15, n. 1, p. 86-94, 1988.
- PROVVIDENTI, R. Inheritance of resistance to the Florida strain of zucchini yellow mosaic virus in watermelon. **HortScience**, v. 26, n. 4, p. 407-408, 1991.
- QUEIRÓZ, M. A. de. Coleta, caracterização, conservação e uso de germoplasma na agricultura do Nordeste brasileiro. In: ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, 8., São Luís, 1992. **Resumos**. São Luís: SBG, 1992. p. 21.

QUEIRÓZ, M.A. de. Potencial de germoplasma de cucurbitáceas no nordeste brasileiro. **Horticultura Brasileira**, v. 11, n. 1, p. 7-9, 1993.

QUEIRÓZ, M.A. de. Cucurbitáceas no semi-árido do Nordeste brasileiro: resgate, conservação e uso. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 15., Piracicaba, 1998. **Anais**. Piracicaba: ESALQ, USP, 1998. p.1-12.

QUEIRÓZ, M.A. de; FERREIRA, M.A.J. da F.; BRAZ, L.T. Avaliação de acessos de melancia (*Citrullus lanatus*) do banco ativo de germoplasma (BAG) de cucurbitáceas da Embrapa Semi-Árido (compact disc). In: SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA E CARIBE, 2., Brasília, 1999. **Resumos**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos, 1999 b.

QUEIRÓZ, M.A. de; ROMÃO, R.L.; RAMOS, S.R.R.; DIAS, R. de C.S.; ASSIS, J.G. de A.; BORGES, R.M.E.; FERREIRA, M.A.J. da F. Diversidade genética no gênero *Citrullus* no nordeste brasileiro. In: CONGRESSO NACIONAL DE GENÉTICA, 43, REUNIÃO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MUTAGÊNESE, CARCINOGENESE E TERATOGENESE AMBIENTAL, 3, Goiânia, 1997. **Resumos**. Goiânia: SBG, 1997. p. 175.

QUEIROZ, M.A. de; DIAS, R.C.S.; RAMOS, S.R.R.; COSTA, M.S.V. Frequência de fontes de resistência à *Didymella bryoniae*. In: ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, 10., João Pessoa, 1994. **Resumos**. João Pessoa: SBG, 1994. p. 106.

QUEIRÓZ, M.A. de; DIAS, R. de C.S.; SOUZA, F. da F.; FERREIRA, M.A.J. da F.; ASSIS, J.G. de A.; BORGES, R.M.E.; ROMÃO, R.L.; RAMOS, S.R.R.; COSTA, M.S.V.; MOURA, M. de C.C.L. Recursos genéticos e melhoramento de melancia no nordeste brasileiro. In: QUEIRÓZ, M.A. de; GOEDERT, C.O.; RAMOS, S.R.R.. Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o nordeste brasileiro (on line). Versão 1.0. Petrolina: Embrapa Semi-Árido/Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, nov. 1999. Home page: <http://www.cpatas.embrapa.br>

QUEIRÓZ, M.A. de; FERREIRA, M.A.J. da F.; BORGES, R. M. E.; SOUZA, F. de F. Potencial de obtenção de linhagens de melancia com diferentes padrões de frutos a partir de uma população segregante. In: ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, 14., Recife, 1999a. **Resumos**. Recife: SBG, 1999. p. 66.

- QUEIRÓZ, M.A. de; ROMÃO, R.L.; DIAS, R. de C.S.; ASSIS, J.G. de A.; BORGES, R.M.E.; FERREIRA, M.A.J. da F.; RAMOS, S.R.R.; COSTA, M.S.V.; MOURA, M. de C.C.L. Watermelon germplasm bank for the Northeast of Brazil. An integrated approach. In: THE EUCARPIA MEETING ON CUCURBIT GENETICS AND BREEDING, 6, 1996; Malaga, Espanha. **Proceedings...** Malaga: European Association for Research on Plant Breeding, 1996. pp 97-103.
- RAJENDRAN, P.C.; THAMBURAJ, S. Genetic variability in biometrical traits in watermelon (*Citrullus lanatus*). **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 64, n. 1, p. 5-8, 1994.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS J.B. dos; PINTO, C.B. **Genética na agropecuária**. 6 ed. São Paulo: Globo, 1997. 359 p.
- RAMOS, S.R.R. Avaliação da variabilidade morfoagronômica de abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) do Nordeste brasileiro. Viçosa, 1996. 70 p. Dissertação (M. S.) Universidade Federal de Viçosa.
- RAMOS, S.R.R.; QUEIRÓZ, M.A. de. Coleta de germoplasma de *Citrullus lanatus*, *Cucumis sp.* e *Lagenaria siceraria* em duas regiões do Nordeste Brasileiro. In: ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, 8., São Luís, 1992. **Resumos**. São Luís: SBG, 1992. p. 65.
- RANA, T.K.; VASHISTHA, R.N.; PANDITA, M.L. Genetic variability and heritability studies in pumpkin (*Cucurbita moschata* Poir.) **Haryana Journal of Horticultural Sciences**, v. 15, n. 1-2, p. 71-75, 1986./Resumo/
- RATANAYINGYONG, S. Screening for high female flowers in mini cucumber. Monografia, Tailândia, 1992. 64 p./Resumo/
- RAWLINGS, J.O. **Applied regression analysis**. Pacific Grove: Wadsworth, 1988. 653 p.
- RESENDE, M.D.V. de; VENCOVSKY, R. Numerical evaluation of the relative efficiency of *Eucalyptus* selection methods based on half-sib and selfed families. I. Progeny Testing. In: CONFERENCE ON BREEDING TROPICAL TREES, 1992, Cali, Colombia. **Proceedings...** Cali: IUFRO, 1992.

- RESENDE, M.D.V. de; VENCovsky, R.; FERNANDES, J.S.C. Selection and genetic in populations of *Eucalyptus* with mixed mating system. In: CONFERENCE ON EUCALYPT PLANTATIONS: IMPROVING FIBRE YIELD AND QUALITY, Hobart, 1995. **Anais**. Hobart: IUFRO, 1995. p. 191-193.
- RHODES, B.; ZHANG, X. Gene list for watermelon (*Citrullus lanatus*). **Report Cucurbit Genetics Cooperative**, n. 18, p. 68-84, 1995.
- RITLAND, K. A series of FORTRAN computer programs for estimating plant mating systems. **Journal of Heredity**, v. 81, p. 235-237, 1990.
- RITLAND, K.; JAIN, S. A model for the estimation of outcrossing rate and gene frequencies using n independent loci. **Heredity**, v. 47, n. 1, p. 35-52, 1981.
- ROBINSON, R.W.; MUNGER, H.M.; WHITAKER, T.W.; BOHN, G.W. Genes of cucurbitaceae. **HortScience**, v. 11, n.6, p. 554-568, 1976.
- ROMÃO, R.L. Dinâmica evolutiva e variabilidade de populações de melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai. em três regiões do nordeste brasileiro. Piracicaba, 1995. 75 p. Dissertação (M. S.) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiróz", Universidade de São Paulo.
- ROMÃO, R.L.; MAIA, M. de M. D.; QUEIRÓZ, M.A. de. Estudo do polimorfismo isoenzimático em tecidos somáticos de *Citrullus* spp. In: ENCONTRO DE GENÉTICA DO NORDESTE, 8., São Luís, 1992. **Resumos**. São Luís: SBG, 1992. p. 70.
- ROSS, H.A. Estimation of mating system parameters in plant populations using marker loci with null alleles. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 72, p. 322-327, 1986.
- RUBINO, D.B.; WEHNER, T.C. Effect of inbreeding on horticultural performance of cucumber families developed from a variable population. **Report Cucurbit Genetics Cooperative**, n. 7, p. 21-22, 1984. /Resumo/
- SAADE, R. L. **Estudios Taxonómicos y Ecogeográficos de las Cucurbitaceae Latioamericanas de Importancia Económica**. Systematic and Ecogeographic Studies on Crop Genepools, 9. Rome: IPGRI, 1995. 281p.

- SACHAN, S. C. P., NATH, P. Combining ability of quantitative characters in 10 x 10 diallel crosses of watermelon (*Citrullus lanatus* Thunb. Mansf.). **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, n. 5, p. 65-79, 1976.
- SAHNI, G.P.; SINGH, R.K.; SAHA, B.C. Genotypic and phenotypic variability in ridge-gourd. **Journal of Agricultural Sciences**, v. 57, n. 9, p. 666-668, 1987.
- SCHOEN, D.J.; CLEGG, M.T. Estimation of mating system parameters when outcrossing events are correlated. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 81, p. 5258-5262, 1984.
- SCHOEN, D. J.; CLEGG, M.T. Monte Carlo studies of plant mating system estimation models: the one-pollen parent and mixed mating models. **Genetics**, v. 112, p. 927-945, 1986.
- SCOTT, A.J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v. 30, p. 507-512, 1974.
- SHARMA, R. R., CHOUDHURY, B. Studies on some quantitative characters in watermelon (*Citrullus lanatus* Thunb. Mansf.). I. Inheritance of earliness and fruit weight. **Indian Journal of Horticulture**, v. 45, n. 1-2, p. 79-84, 1988a.
- SHARMA, R. R., CHOUDHURY, B. Studies on some quantitative characters in watermelon (*Citrullus lanatus* Thunb. Mansf.). II. Inheritance of total soluble solids and rind thickness. **Indian Journal of Horticulture**, v. 45, n. 3-4, p. 283-287, 1988b.
- SHAW, D.V.; ALLARD, R.W. Estimation of outcrossing rates in Douglas-fir using isozyme markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 62, p. 113-120, 1982.
- SHAW, D.V.; KAHLER, A.L.; ALLARD, R.W. A multilocus estimator of mating system parameters in plant populations. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 78, p. 1298-1302, 1981.
- SIDHU, A.S.; BRAR, J.S, GILL, S.P.S. Mode of inheritance and gene action for yield and its components in watermelon (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf.). **Journal of Research Punjab Agricultural University**, v. 14, n. 4, p. 419-22, 1977a. Resumo 8499 em **Plant Breeding Abstract**, v.49, n. 9, p. 699, 1979.

- SIDHU, A.S.; BRAR, J.S., GILL, S.P.S. Mode of inheritance of earliness and quality characters in watermelon (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf.). **Journal of Research Punjab Agricultural University**, v. 14, n. 4, p. 423-26, 1977b. Resumo 8500 em **Plant Breeding Abstract**, v.49, n. 9, p. 699, 1979.
- SINGH, S.P.; MAURYA, I.B.; SINGH, N.K. Occurrence of andromonoecious form in bottle gourd, *Lagenaria siceraria* exhibiting monogenic recessive inheritance. **Current Science**, v. 70, n.6, p. 458-459, 1996.
- SIROHI, P.S.; SIVAKAMI, N.; CHOUDHURY, B. Genetic analysis in long-fruited bottle-gourd. **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 56, n. 9, p. 623-625, 1986.
- SITOLIN, I.M. Tolerância de melancia aos vírus do mosaico amarelo da abobrinha-de-moita e do mosaico da melancia-2. Botucatu, 1998. 72 p. Tese (Doutorado) – Faculdade de Ciências Agronômicas de Botucatu, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”.
- SLOANE, J.T.; WEHNER, T.C.; JENKINS, S.F. Inheritance of resistance to Rhizoctonia fruit rot in cucumber. **HortScience**, v. 20, n. 6, p. 1119-1120, 1985.
- SOUZA, F. de F.; QUEIRÓZ, M.A. de; DIAS, R. de C.S. Melancia sem sementes: desenvolvimento e avaliação de híbridos triplóides experimentais de melancia. **Biotecnologia Ciência & Desenvolvimento**, v. 9, p. 90-95, 1999.
- SOUZA, R. de C., ARAÚJO, J. P. de, QUEIRÓZ, M.A. de. Avaliação da resistência de acessos de melancia ao oídio (*Sphaerotheca fuliginea*). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 28., Brasília, 1988. **Resumos**. Brasília: SOB, 1988. p. 28.
- SUGIYAMA, K. Varietal differences in female flower bearing ability and evaluation method in watermelon. **JARQ**, v.32, p. 267-273, 1998.
- THAKUR, J.C.; NADPURI, K.S. Studies on variability and heritability of some important quantitative characters in watermelon (*Citrullus lanatus* Thunb. Mansf.). **Vegetable Science**, n. 1., p. 1-8, 1974.
- THANATI, J. Breeding female lines of cucumber by means of hybrid segregation. **Buletini i Shkencave Bujgesore**, v. 24, n.2, p. 45-51, 1985./Resumo/

- VARALAKSHMI, B.; VENKAT RAO, P.; NARAYANA REDDY, Y. Genetic variability and heritability in ridge gourd (*Luffa acutangula*). **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 65, n. 8, p. 608-610, 1995.
- VASHISTHA, R.N.; PARTAP, P.S.; PANDITA, M.L. Studies on variability and heritability in watermelon (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf.). **Haryana Agricultural University Journal of Research**, v. 13, n. 2, p. 319-324, 1983.
- VASHISTHA, R. N., PARTAP, P. S., PANDITA, M. L. Gene effects of certain quantitative characters in watermelon (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf.). **Indian Journal of Horticulture**, v. 41, n.3-4, p. 273-276, 1984.
- VENCOVSKY, R. **Tamanho efetivo populacional em espécies com sistema de reprodução sexuada qualquer**. Piracicaba: ESALQ, 1997. 31 p. (Relatório CNPq).
- VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.
- VIEIRA, M.L.C., FUNGARO, M.H.P.; JUBIER, M.F.; LEJEUNE, B.. Determination of taxonomic relationships among Brazilian taxa of *Stylosanthes* Sw., Leguminosae, using RAPD markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 32, p. 305-310, 1997.
- VIJAY, O.P. Genetic variability, correlation and path analysis in muskmelon (*Cucumis melo* L.). **Indian Journal of Horticulture**, v. 44, n. 3-4, p. 233-238, 1987./Resumo/
- WANG, M.; ZHANG, X.P. Evaluation and utilization of the valuable African watermelon germplasm. **Report Cucurbit Genetic Cooperative**, v.11, p. 69, 1988/Resumo/
- WEHNER, T.C.; CRAMER, C.S. Gain for pickling cucumber yield and fruit shape using recurrent selection. **Crop Science**, v. 36, p. 1538-1544, 1996a.
- WEHNER, T.C.; CRAMER, C.S. Ten cycles of recurrent selection for fruit yield, earliness, and quality in three slicing cucumber populations. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 121, n. 3, p. 362-366, 1996b.
- WEIR, B.S. **Genetic Data Analysis II**. Massachusetts: Sinauer Associates, 1996. 445 p.
- WRIGHT, A.J.; COCKERHAM, C.C. Selection with partial selfing. I. Mass Selection. **Genetics**, v. 109, p. 585-597, 1985.

- WRIGHT, A.J.; COCKERHAM, C.C. Selection with partial selfing. II. Family Selection. **Crop Science**, v. 26, p. 261-268, 1986.
- YOKOYAMA, S. Genética e produção de sementes de maxixe (*Cucumis anguria* L.) relacionados com o seu melhoramento. Piracicaba, 1987. 115 p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- ZAMIR, D.; NAVOT, N.; RUDICH, J. Enzyme polymorphism in *Citrullus lanatus* and *C. colocynthis* in Israel and Sinai. **Plant Systematic and Evolution**, v. 146, p. 163-170, 1984.
- ZHANG, X.P.; RHODES, B.B.; BAIRD, W.V.; BRIDGES, W.C.; SKORUPSKA, H.T. Development of genic male-sterile watermelon lines with juvenile albino seedling marker. **HortScience**, v. 31, n. 3, p. 426-429, 1996.

8. APÊNDICE

Apêndice A. Tipos de flores em melancia. Vista superior: (1A) e (1B) Flores hermafroditas, (1C) Flor feminina, (1D) Flor masculina; Vista superior de flores sem pétalas: (2A) Flor feminina, (2B) Flor hermafrodita; Vista lateral de flores sem pétalas: (3A) Flor hermafrodita, (3B) Flor feminina.