

IGOR FORIGO BELOTI

**RESISTÊNCIA EM GEMOPLASMA DE *Cucurbita pepo* AOS VIRUS ZYMV
E SqMV E FENOTIPAGEM POR MEIO DE IMAGENS**

Tese apresentada à Universidade Federal de Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia – Doutorado, área de concentração em Fitotecnia, para obtenção do título de “Doutor”.

Orientador:

Prof. Dr. Fernando Cezar Juliatti

Co-orientador:

Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2020



ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Agronomia			
Defesa de:	Tese de Doutorado, 003/2020, PPGAGRO			
Data:	Vinte de fevereiro de dois mil e vinte	Hora de início:	14:00	Hora de encerramento: 18:00
Matrícula do Discente:	11613AGR011			
Nome do Discente:	Igor Forigo Beloti			
Título do Trabalho:	Resistência em germoplasma de <i>Cucurbita pepo</i> aos vírus ZYMV e SqMV e fenotipagem por meio de imagens			
Área de concentração:	Fitotecnia			
Linha de pesquisa:	Produção Vegetal em Áreas de Cerrado			

Reuniu-se na sala 107, bloco 2E, Campus Umuarama, da Universidade Federal de Uberlândia, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Agronomia, assim composta: Professores Doutores: Gabriel Mascarenhas Maciel - UFU; Renata Castoldi - UFU; Juliana Araújo Santos Martins - IFTM; José Ricardo Peixoto - UNB; Fernando Cesar Juliatti - UFU orientador(a) do(a) candidato(a).

Iniciando os trabalhos o(a) presidente da mesa, Dr. Fernando Cesar Juliatti, apresentou a Comissão Examinadora e o candidato(a), agradeceu a presença do público, e concedeu ao Discente a palavra para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação do Discente e o tempo de arguição e resposta foram conforme as normas do Programa.

A seguir o senhor(a) presidente concedeu a palavra, pela ordem sucessivamente, aos(as) examinadores(as), que passaram a arguir o(a) candidato(a). Ultimada a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu o resultado final, considerando o(a) candidato(a):

Aprovado

Esta defesa faz parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Doutor.

O competente diploma será expedido após cumprimento dos demais requisitos, conforme as normas do Programa, a legislação pertinente e a regulamentação interna da UFU.

Nada mais havendo a tratar foram encerrados os trabalhos. Foi lavrada a presente ata que após lida e achada conforme foi assinada pela Banca Examinadora.

Documento assinado eletronicamente por **Fernando Cesar Juliatti, Professor(a) do Magistério Superior**, em 20/02/2020, às 18:15, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º,



§ 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Gabriel Mascarenhas Maciel, Professor(a) do Magistério Superior**, em 20/02/2020, às 18:16, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Renata Castoldi, Professor(a) do Magistério Superior**, em 20/02/2020, às 18:17, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **José Ricardo Peixoto, Usuário Externo**, em 20/02/2020, às 18:19, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **JULIANA ARAÚJO SANTOS MARTINS, Usuário Externo**, em 21/02/2020, às 10:57, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site
https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **1816814** e o código CRC **4063F174**.

Ficha Catalográfica Online do Sistema de Bibliotecas da UFU
com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

B452 Beloti, Igor Forigo, 1989-
2020 Resistência em germoplasma de Cucurbita pepo aos virus ZYMV
e SqMV e fenotipagem por meio de imagens [recurso eletrônico] /
Igor Forigo Beloti. - 2020.

Orientador: Fernando Cezar Juliatti.
Coorientador: Gabriel Mascarenhas Maciel.
Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Uberlândia, Pós-
graduação em Agronomia.
Modo de acesso: Internet.
Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.te.2020.262>
Inclui bibliografia.

1. Agronomia. I. Juliatti, Fernando Cezar, 1957-, (Orient.). II.
Maciel, Gabriel Mascarenhas, 1982-, (Coorient.). III. Universidade
Federal de Uberlândia. Pós-graduação em Agronomia. IV. Título.

CDU: 631

Bibliotecários responsáveis pela estrutura de acordo com o AACR2:
Gizele Cristine Nunes do Couto - CRB6/2091
Nelson Marcos Ferreira - CRB6/3074

AGRADECIMENTOS

Ao professor Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel pela co-orientação que foi a base para execução deste trabalho e ao professor Dr. Fernando Cezar Juliatti pela orientação do mesmo. Também ao professor Dr. Rodrigo Bezerra de Araujo Gallis pelo primeiro vôo utilizando-se drone e pelas dicas no capítulo referente à fenotipagem por imagem (capítulo 1).

Ao amigo Breno César Marinho Juliatti pela ajuda nos experimentos em campo realizados na cidade de Monte Carmelo (MG), assim como o segundo vôo utilizando-se drone e as posteriores análises estatísticas.

Ao amigo Rafael Resende Finzi que ajudou nas análises estatísticas referentes à dissimilaridade genética e aos índices de seleção.

Ao senhor José Marques Vilela (conhecido como “Zé da horta”), pela ajuda fundamental na manutenção dos experimentos a campo e em casa de vegetação por todo o tempo de execução do experimento, assim como os tratos culturais (capinas, adubação, irrigação e manejo de pragas e doenças).

Aos alunos da graduação pertencentes ao grupo de estudos em melhoramento de hortaliças (GENHORT): Igor Matheus Alves e Lucas Medeiros Pereira, pela ajuda na manutenção das plantas e na inoculação dos vírus; Hugo Gabriel Peres e Mauricio Pivetta Momesso, na instalação do experimento a campo; Andressa Alves Clemente pela quantificação do índice de área foliar no capítulo referente à fenotipagem por imagem.

Ao técnico Carlos Roberto Torres da UFLA (Universidade Federal de Lavras), pela disponibilidade em ensinar as técnicas de inoculação e por ter disponibilizado as estirpes de vírus em abobrinhas.

À Luciana Alves de Sousa, pelo companheirismo durante todas as etapas do doutorado.

ÍNDICE DE TABELAS

Capítulo 1. LINHAGENS DE ABOBRINHA-ITALIANA COM DIFERENTES NÍVEIS DE RESISTÊNCIA AOS VÍRUS ZYMV E SqMV

Tabela 1. Características dos genótipos utilizados como progenitores. Monte Carmelo, 2018.....	13
Tabela 2. Linhagens, testemunhas resistentes e suscetíveis avaliadas. Monte Carmelo, 2018.....	14
Tabela 3. Notas e sintomas atribuídos aos genótipos, após a inoculação com os vírus SqMV e ZYMV. Monte Carmelo, 2018.....	19

Capítulo 2. POTENCIAL AGRONÔMICO, DISSIMILARIDADE GENÉTICA E FENOTIPAGEM POR IMAGEM EM GEMOPLASMA DE *Cucurbita pepo*

Tabela 1. Genótipos de <i>C. pepo</i> obtidos após cinco autofecundações e avaliados no experimento de campo. Monte Carmelo, 2018.....	32
Tabela 2. Valores médios de Índice de área foliar (IAF), Precocidade (C), Índice SPAD (SPAD), Produção. planta ⁻¹ (PROD), Nº de frutos. Planta ⁻¹ (NF), Temperatura foliar (TF), Índice NDVI (NDVI), Índice NDRE (NDRE), para 65 genótipos de <i>C. pepo</i> . Monte Carmelo, 2018.....	39
Tabela 3. Contribuição relativa dos caracteres para divergência (SINGH, 1981). Monte Carmelo, 2018.....	44
Tabela 4. Coeficientes de correlação de Pearson ($p=0,05$) entre os caracteres avaliados Monte Carmelo, 2018.....	45

Capítulo 3. PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE *Cucurbita pepo* COM BASE EM ÍNDICES DE SELEÇÃO

Tabela 1. Quadrados médios, coeficientes de variância e parâmetros genéticos de variáveis dos 65 genótipos de abóbora. Monte Carmelo, 2018.....	71
Tabela 2. Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidos para nove caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta, para 65 genótipos de abóbora. Monte Carmelo, 2018.....	74
Tabela 3. Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidos para nove variáveis, entre 65 genótipos de abóbora, obtidos pelo índice clássico proposto por Smith e Hazel (SH), índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (MM) e índice base de Willians (W). Monte Carmelo, 2018.....	75
Tabela 4. Indicação dos dez genótipos superiores de abóbora, selecionados a partir da produção. planta ⁻¹ , pelo índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) e índice base de Willians. Monte Carmelo, 2018.....	76

ÍNDICE DE FIGURAS

Capítulo 1. LINHAGENS DE ABOBRINHA-ITALIANA COM DIFERENTES NÍVEIS DE RESISTÊNCIA AOS VÍRUS ZYMV E SqMV

Fig. 1. Primeira inoculação das plântulas em bandeja, sete dias após a emergência. Monte Carmelo, 2018.....	16
Fig. 2. Condução do ensaio com o vírus SqMV em casa de vegetação. Monte Carmelo, 2018.....	17

Capítulo 2. POTENCIAL AGRONÔMICO, DISSIMILARIDADE GENÉTICA E FENOTIPAGEM POR IMAGEM EM GERMOPLASMA DE *Cucurbita pepo*

Fig. 1. Instalação do experimento à campo, à esquerda e plantas no início do florescimento/frutificação, à direita. Monte Carmelo, 2018.....	34
Fig. 2. A) Temperaturas mínima, máxima e média; B) Precipitação pluviométrica e umidade relativa no local do experimento, no período de 05/10/2018 a 23/12/2018. Monte Carmelo, 2018.....	35
Fig. 3. Dendrograma ilustrativo da análise de 65 genótipos de <i>C. pepo</i> pelo método da ligação média entre grupo (UPGMA) obtido com a distância generalizada de Mahalanobis (D_{ii}^2). Monte Carmelo, 2018.....	43
Fig. 4. Ortofoto do experimento em RGB, obtida no primeiro voo. Monte Carmelo, 2018.....	48
Fig. 5. Ortofoto do experimento em Infravermelho, obtida no primeiro voo. Monte Carmelo, 2018.....	49
Fig. 6. Índice NDVI, à esquerda, e NDRE, à direita, no final do ciclo produtivo. Monte Carmelo, 2018.....	51
Fig. 7. Genótipos 38, 68 e 64, no Bloco 1. De cima para baixo, foto em RGB e mensuração dos índices NDVI e NDRE. Monte Carmelo, 2018.....	52

SUMÁRIO

RESUMO GERAL	i
GENERAL ABSTRACT.....	ii
INTRODUÇÃO GERAL.....	1
OBJETIVOS GERAIS	4
REFERÊNCIAS	5
CAPÍTULO 1.....	8
RESUMO.....	9
ABSTRACT	10
1 INTRODUÇÃO	11
2 MATERIAL E MÉTODOS	13
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	19
4 CONCLUSÕES.....	23
REFERÊNCIAS	24
CAPÍTULO 2.....	27
RESUMO.....	28
ABSTRACT	29
1 INTRODUÇÃO	30
2 MATERIAL E MÉTODOS	32
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	39
4 CONCLUSÕES.....	54
REFERÊNCIAS	55
CAPÍTULO 3.....	61
RESUMO.....	62
ABSTRACT	63
1 INTRODUÇÃO	64
2 MATERIAL E MÉTODOS	66
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	71
4 CONCLUSÕES.....	78
REFERÊNCIAS	79
CONCLUSÕES GERAIS.....	82
ANEXOS	83

RESUMO GERAL

BELOTI, IGOR FORIGO. **RESISTÊNCIA EM GERMOPLASMA DE *Cucurbita pepo* AOS VIRUS ZYMV E SqMV E FENOTIPAGEM POR MEIO DE IMAGENS.** 2020. Uberlândia: UFU, 2020. 96 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia - MG.

A cultura da abobrinha italiana (*C. pepo*) possui destaque a nível mundial com demanda por genótipos mais produtivos, precoces, resistentes a doenças e boas características de frutos. Para tal, novas ferramentas são buscadas pelos melhoristas para maximizar a seleção em grandes áreas experimentais no menor tempo possível, sendo que a utilização de drones se mostrou adequada para esta finalidade. Assim o objetivo do presente estudo foi avaliar o potencial agronômico, dissimilaridade genética e validar o uso de imagens aéreas obtidas por drone para auxiliar na seleção, além de se identificar fontes de resistência aos vírus ZYMV e SqMV. O experimento foi conduzido na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia, *campus* Monte Carmelo. Foram avaliados 65 genótipos de abobrinha-italiana (*C. pepo*), pertencentes ao programa de melhoramento genético de abóboras da UFU. As variáveis avaliadas foram: produção. planta⁻¹, número de frutos. planta⁻¹, temperatura foliar, precocidade, e os índices de área foliar, SPAD, NDVI e NDRE. Além disto, avaliou-se outros 66 genótipos provenientes do mesmo programa de melhoramento, visando identificar fontes de resistência aos vírus ZYMV e SqMV. Nas inoculações foram observados sintomas mais severos, assim como um maior número de genótipos suscetíveis para o vírus ZYMV. Os genótipos UFU-C X UFU-A#18#3;1, UFU-C X UFU-F#19#11;3, UFU-F#4#9;1, UFU-D X UFU-F#7#21;1 e a cv. "Emanuella" são uma alternativa para a produção de novas cultivares de abóbora ou híbridos resistentes a ZYMV e SqMV. Em relação a fenotipagem por imagem observou-se que o banco de germoplasma analisado possui variabilidade genética e que o uso da fenotipagem por imagem a partir do uso dos sensores NDVI e NDRE foi eficiente para identificar genótipos com diversidade para vigor de plantas em *C. pepo*. O índice da soma de "ranks" de Mulamba e Mock (1978) foi considerado neste trabalho como o critério mais adequado para a situação analisada. Neste índice foram selecionados os genótipos: Abobrinha 11#1 (8), Abobrinha 62#1 (31), Abobrinha 69#1 (34), Abobrinha 77#1(38), Abobrinha 85#1 (42), UFU-E (64), UFU-B (65), UFU-C (66), PX13067051(67) e UFU-G (68) como os genótipos superiores.

Palavras-chave: dissimilaridade genética; drone; fitoviroses, índices de seleção; parâmetros genéticos.

GENERAL ABSTRACT

BELOTI, IGOR FORIGO. **RESISTANCE IN *Cucurbita pepo* GERMOPLASM TO VIRUSES ZYMV AND SqMV AND PHENOTYPING BY IMAGES.** 2020. Uberlândia: UFU, 2020. 96 p. Thesis (Doctorate in Agronomy) – Federal University of Uberlândia, Uberlândia- MG, Brazil.

The culture of the summer squash (*C. pepo*) has prominent worldwide, with demand for plants for more productive, precocity, disease resistant and good fruit characteristics. For this, new tools are sought by breeders to maximize the selection in large experimental areas in the shortest possible time, and the use of drones proved adequate for this purpose. Thus, the objective of the present study was to evaluate the agronomic potential, genetic dissimilarity and validate the use of aerial images obtained by drone to assist in the selection as well as to identifying sources of resistance to the ZYMV and SqMV viruses. The experiment was conducted at the Experimental Station of Vegetables of the Federal University of Uberlândia, Monte Carmelo campus. Were evaluated 65 summer squash (*C. pepo*) belonging to the genetic breeding program of pumpkins of the UFU. The variables evaluated were: plant⁻¹ yield, number of plant⁻¹ fruits, leaf temperature, precocity, and leaf area indexes, SPAD, NDVI and NDRE. In addition, 66 other genotypes from the same breeding program were evaluated to identify sources of resistance to ZYMV and SqMV viruses. The inoculations, more severe symptoms were observed, as well as a greater number of susceptible genotypes for the ZYMV virus. The genotypes UFU-C X UFU-A # 18 # 3; 1, UFU-C X UFU-F # 19 # 11; 3, UFU-F # 4 # 9; 1, UFU-D X UFU-F # 7 # 21; 1 and cv. "Emanuella" are an alternative for the production of new cultivars of pumpkin soup or resistant hybrids to ZYMV and SqMV. Regarding imaging phenotyping, it was observed that the germplasm bank analyzed has genetic variability and that the use of image phenotyping from NDVI and NDRE sensors was efficient to identify genotypes with diversity for plant vigor in *C. pepo*. The index of the sum of ranks of Mulamba and Mock (1978) was considered in this study as the most appropriate criterion for the situation analyzed. This index werw selected the genotypes: Abobrinha 11#1 (8), Abobrinha 62#1 (31), Abobrinha 69#1 (34), Abobrinha 77#1(38), Abobrinha 85#1 (42), UFU-E (64), UFU-B (65), UFU-C (66), PX13067051(67) e UFU-G (68) as the superior genotypes.

Keywords: genetic dissimilarity; drone; phytoviruses; genetic parameters; selection indices.

INTRODUÇÃO GERAL

A cultura de abobrinha-italiana (*Cucurbita pepo* L.) é mundialmente reconhecida pelo seu alto valor nutricional e econômico principalmente na agricultura familiar. Trata-se de espécie originária do continente americano apresentando como produto principal seus frutos, além do consumo de suas sementes e uso em ornamentações. Seus frutos são considerados de ampla variabilidade genética para características morfológicas, as maiores no reino vegetal. Estes são comercializados na forma *in natura* ou processados, possuindo grande versatilidade culinária (PARIS, 2001; GHOBARY e IBRAHIM, 2010; RAMOS et al., 2010; FORMISANO et al., 2012; MISTURA et al., 2013; WYATT et al., 2015; PARIS, 2016; FÁVARIS et al., 2017).

As condições ótimas de desenvolvimento desta cultura ocorrem, preferencialmente, em regiões temperadas e subtropicais, com temperatura diurna entre 24 e 29°C e temperatura noturna entre 16 e 24°C. Os frutos são colhidos pequenos (3,5-8,0 cm de diâmetro), são alongados com extremidades arredondadas, de coloração verde-clara e, geralmente, com finas listras longitudinais de coloração verde escura (LIM, 2012; PARIS, 2016).

As plantas desta espécie são monóicas e autocompatíveis. Cada flor abre uma única vez, no intervalo que vai do amanhecer ao meio-dia, durante o qual são frequentadas por abelhas. Sob condições de campo, alguns dos pólens transferidos para as flores pistiladas são provenientes de flores estaminadas da mesma planta e alguns são derivados de outras plantas, ou seja, a autopolinização e a polinização cruzada ocorrem naturalmente (PARIS, 2016). É comum a utilização da polinização manual em programas de melhoramento genético, bem como na produção de sementes híbridas, principalmente quando o cultivo das plantas se dá em casas-de-vegetação onde não há a presença dos polinizadores, e também quando as condições climáticas são desfavoráveis aos polinizadores (FERREIRA, 2005; ROMANO et al., 2008).

Os recursos genéticos, tais como os encontrados em bancos de germoplasma, constituem fontes importantes de genes em programas de melhoramento, e devem ser caracterizados corretamente para o sucesso destes (PRIORI et al., 2010; MISTURA et al., 2013). A espécie *C. pepo* contém uma riqueza de variação genética que poderia ser mais explorada para melhorar a qualidade de aspectos organolépticos das abóboras, além de facilitar a introgressão da resistência a doenças de outras espécies de *Cucurbita*

sp. (PARIS, 2016). Entretanto, o melhoramento de abóbora no Brasil é realizado de forma relativamente dispersa. Há, contudo, grande variabilidade genética presente nos genótipos brasileiros (BEZERRA NETO et al., 2006).

Para o processo de seleção de genótipos superiores em abóboras levam-se em consideração diversas características de interesse do mercado, tais como: precocidade do ciclo, hábito de crescimento, produtividade, resistência à pragas e doenças, aspectos dos frutos como coloração, firmeza e formato além dos teores de carotenóides (BEZERRA NETO et al., 2006; SILVA, 2010; BLANK et al., 2013; FERREIRA et al., 2016; SILVA, 2016; FAUSTINO, 2017; BORGES et al., 2019). Em relação às doenças, destaca-se a procura de genótipos resistentes a fitoviroses. Como não há controle curativo para as infecções virais, se faz necessário o desenvolvimento de cultivares ou híbridos que apresentem resistência às mesmas (NOGUEIRA et al., 2011).

Para auxiliar na escolha de genótipos superiores, o conhecimento de parâmetros genéticos, tais como herdabilidade (h^2), componente de variabilidade genotípica (CVg) e o índice de variação (razão CVg/CVe) juntamente com a utilização de índices de seleção é de grande importância, uma vez que orienta a escolha dos genótipos e aplicação adequada dos métodos de melhoramento escolhidos pelo melhorista maximizando ganhos (CRUZ e REGAZZI, 2004; BASSO et al., 2009; TEIXEIRA, 2017).

Uma das limitações para o avanço do processo de melhoramento genético está relacionada com a alta demanda de tempo do melhorista no campo para selecionar plantas de maior vigor. Para tal, novas abordagens baseadas em sensores ópticos são consideradas elemento chave na seleção de plantas (KUSKA e MAHLEIN, 2018). Historicamente, a primeira aplicação de imagens multiespectrais e o desenvolvimento de índices de vegetação na agricultura se referem ao monitoramento de colheitas, realizados através da primeira série do satélite *NASA LANDSAT* nos anos 1970 (TUCKER, 1979).

Desde então, a aplicação da tecnologia de sensoriamento remoto, em particular, imageamento hiperespectral, no mapeamento de vegetação e previsão de rendimento tem se desenvolvido continuamente e, muitos índices usando comprimentos de onda específicos foram desenvolvidos para avaliar os parâmetros do crescimento das plantas (BEERI e PELED, 2006; GOETZ, 2009; WHITE et al., 2012). Avanços na precisão, eficiência econômica e miniaturização de muitas tecnologias, incluindo GPS e processadores de computador, levaram a uma plataforma de sensoriamento remoto

inovadora e econômica, desencadeando no desenvolvimento de Aeronaves Remotamente Pilotadas (ARP), incluindo “Drones” com câmeras acopladas, de alta precisão, independência de escala e movimento rápido (HOLMAN et al., 2016; KUSKA e MAHLEIN, 2018).

Exemplos do uso de índices multiespectrais, obtidos por intermédio de drones no processo de fenotipagem para o melhoramento são encontrados em: Haghigattalab et al. (2016) para trigo; Makanza et al. (2018) para milho e Maciel et al. (2019) para alface. Entretanto estudos em hortaliças são escassos e no caso da espécie *C. pepo*, inexistentes.

OBJETIVOS GERAIS

Os objetivos gerais do presente estudo foram avaliar o potencial agronômico, dissimilaridade genética e validar o uso de imagens aéreas obtidas por drone para auxiliar na seleção quanto ao vigor vegetativo em 65 genótipos de abobrinha-italiana (*Cucurbita pepo*).

Determinar os parâmetros genéticos e os índices de seleção, dentre os avaliados, mais adequados para a escolha de genótipos superiores.

Identificar fontes de resistência aos vírus Zucchini yellor mosaic vírus (ZYMV) e Squash mosaic vírus (SqMV).

REFERÊNCIAS

BASSO, K. C.; RESENDE, R. M. S.; VALLE, C. B.; GONÇALVES, M. C.; LEMPP, B. Avaliação de acessos de *Brachiaria brizantha* Stapf e estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos. **Acta Scientarum-Agronomy**, Maringá, v. 3, p. 17-22, 2009. DOI: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v3i1.6605>. Disponível em: <http://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/6605>. Acesso em: 10 dez. 2019.

BEERI, O.; PELED, A. Spectral indices for precise agriculture monitoring. **International Journal of Remote Sensing**, [s.l.], v. 27, p. 2039-2047, 2006. DOI: <http://doi.org/10.1080/01431160612331392950>.

BEZERRA NETO, F. V.; LEAL, N. R.; COSTA, F. R.; GONÇALVES, G. M.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; VASCONCELLOS, H. O.; MIGUEL MELLO, M. Análise biométrica de linhagens de abóbora. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 24, p. 378-380, 2006. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362006000300022>.

BLANK, A. F.; SILVA, T. B.; MATOS, M. L.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; SILVA-MANN, R. Parâmetros genotípicos, fenotípicos e ambientais para caracteres morfológicos e agronômicos em abóbora. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 31, p. 106-111, 2013. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362013000100017>.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. 390 p.

FÁVARIS, N. A. B.; DE FREITAS, A. R.; MONTEIRO, C. B.; PEDROSA, M. V. B.; LOPES, J. C. Crescimento de abobrinha italiana (*Cucurbita pepo* L.) cultivado com solo enriquecido com lodo de esgoto. **Revista Univap**, São José dos campos, v. 22, n. 40, p. 244, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.18066/revistaunivap.v22i40.665>.

FAUSTINO, R. M. E. B. **Predição de parâmetros genéticos e incremento da qualidade em frutos de progêneres de aboboreira (*Cucurbita moschata* duch.)**. 2017. 99 f. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, BA, 2017.

FERREIRA, M. A. J. F. **Técnicas de produção de sementes de melancia, via polinizações manuais controladas, em campo e casa-de-vegetação**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2005.

FERREIRA, M. G.; SALVADOR, F. V.; LIMA, M. N. R.; AZEVEDO, A. M.; LIMA NETO, I. S.; SOBREIRA, F. M.; SILVA, D. J. H. Parâmetros genéticos, dissimilaridade e desempenho *per se* em acessos de abóbora. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 34, p. 537-546, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620160413>

FORMISANO, G.; ROIG C.; ESTERAS, C.; ERCOLANO, M. R.; NUEZ, F.; MONFORTE, A. J.; PICÓ, M. B. Genetic diversity of Spanish *Cucurbita pepo* landraces: an unexploited resource for summer squash breeding. **Genetic Resources and Crop Evolution**, [s.l.], v. 59, p. 1169-1184, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-011-9753-y>.

GHOBARY, H. M. M.; IBRAHIM, Kh.Y. Improvement of summer squash through inbreeding and visual selection. **Journal of Agricultural Research Kafr El-Shaikh University**, [s.l.], v. 36, p. 340-350, 2010.

GOETZ, A. F. H. Three decades of hyperspectral remote sensing of the Earth: a personal view. **Remote Sensing of Environment**, [s.l.], v. 113, S5–S16, 2009. Supplement 1. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.rse.2007.12.014>.

HAGHIGHATTALAB, A.; GONZÁLEZ PÉREZ, L.; MONDAL, S.; SINGH, D.; SCHINSTOCK, D.; RUTKOSKI, J.; ORTIZ-MONASTERIO, I.; SINGH, R. P.; GOODIN, D.; POLAND, J. Application of unmanned aerial systems for high throughput phenotyping of large wheat breeding nurseries. **Plant Methods**, [s.l.], v. 12, n. 35, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13007-016-0134-6>.

HOLMAN, F. H.; RICHE, A. B.; MICHALSKI, A.; CASTLE, M.; WOOSTER, M. J.; HAWKESFORD, M. J. High throughput field phenotyping of wheat plant height and growth rate in field plot trials using uav based remote sensing. **Remote Sensing**, [s.l.], v. 8, n. 12, p. 1-24, 2016. DOI: <https://doi.org/10.3390/rs8121031>.

KUSKA, M. T.; MAHLEIN, A. K. Aiming at decision making in plant disease protection and phenotyping by the use of optical sensors. **European Journal of Plant Pathology**, [s.l.], v. 152, p. 987–992, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10658-018-1464-1>.

LIM, T. K. **Edible medicinal and non-medicinal plants**. Dordrecht: Springer, 2012. v. 2.

MACIEL, G. M.; GALLIS, R. B. A.; BARBOSA, R. L.; PEREIRA, L. M.; SIQUIEROLI, A. C. S.; PEIXOTO, J. V. M. Image phenotyping of inbred red lettuce lines with genetic diversity regarding carotenoid levels. **International Journal Applied Earth Observation Geoinformation**, [s.l.], v. 81, p. 154–160, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jag.2019.05.016>.

MAKANZA, R.; ZAMAN-ALLAH, M.; CAIRNS, J. E.; MAGOROKOSHO, C.; TAREKEGN, A.; OLSEN, M.; PRASANNA, B. M. High-throughput phenotyping of canopy cover and senescence in maize field trials using aerial digital canopy imaging. **Remote Sensing**, [s.l.], v. 10, n. 2, p. 1–13, 2018. DOI: <http://doi.org/10.3390/rs10020330>.

MISTURA, C. C.; PRIORI, D.; BARBIERI, R. L.; CASTRO, C. M.; OLIVEIRA, A. C.; VILELA, J. C. B. Diversidade genética de *Cucurbita pepo*, *C. argyrosperma* e *C. ficifolia* empregando marcadores microssatélites. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 31, n. 3, p. 361-368, 2013. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362013000300004>.

NOGUEIRA, D. W.; MALUF, W. R.; FIGUEIRA, A. R.; MACIEL, G. M.; GOMES, L. A. A.; BENAVENTE, C. A. T. Combining ability of summer-squash lines with different degrees of parthenocarpy and PRSV-W resistance. **Genetics and Molecular Biology**, [s.l.], v. 34, n. 4, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1415-47572011005000039>.

PRIORI, D.; BARBIERI, R. L.; NEITZKE, R. S.; VASCONCELOS, C. S.; OLIVEIRA, C. S.; MISTURA, C. C.; COSTA, F. A. **Acervo do banco ativo de germoplasma de cucurbitáceas da Embrapa Clima Temperado–2002 a 2010.** Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2010. (Embrapa Clima Temperado. Documentos, 2010).

RAMOS, S. R. R.; LIMA, N. R. S.; ANJOS, J. L.; CARVALHO, H. W. L.; OLIVEIRA, I. R.; SOBRAL, L. F.; CURADO, F. F. **Aspectos técnicos do cultivo da abóbora na região Nordeste do Brasil.** Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2010. 36 p.

ROMANO, C. M.; STUMPF, E. R. T.; BARBIERI, R. L.; BEVILAQUA, G. A. P.; RODRIGUES, W. F. **Polinização manual em abóboras.** Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2008. 26 p.

TEIXEIRA, F. G. **Herança da precocidade e de caracteres agronômicos em soja e seleção de linhagens com base em índices de seleção.** 2017. 88 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2017.

TUCKER, C. J. Red and photographic infrared linear combinations for monitoring vegetation. **Remote sensing of environment**, [s.l.], v. 8, p. 127–150, 1979. DOI: [https://doi.org/10.1016/0034-4257\(79\)90013-0](https://doi.org/10.1016/0034-4257(79)90013-0).

PARIS, H. S. History of the cultivar-groups of *Cucurbita pepo*. **Horticultural reviews**, [s.l.], v.25, p. 71-170, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1002/9780470650783.ch2>.

SILVA, T. B. **Seleção, comportamento fenotípico e genotípico e desenvolvimento de uma nova cultivar de abóbora (*Cucurbita moschata* Dusch).** 2010. 34 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Sergipe, Sergipe, 2010.

SILVA, P. C. **Variabilidade genética de abóboras na região metropolitana de Manaus, Estado do Amazonas.** 2016. 71 f. Dissertação (Mestrado) - Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Manaus, 2016.

PARIS, H. S. Germplasm enhancement of *Cucurbita pepo* (pumpkin, squash, gourd: Cucurbitaceae): progress and challenges. **Euphytica**, [s.l.], v. 208, n. 3, p. 415-438, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-015-1605-y>.

WHITE, J. W.; ANDRADE-SANCHEZ, P.; GORE, M. A.; BRONSON, K. F.; COFFELT, T. A.; CONLEY, M. M.; FELDMAN, K. A.; FRENCH, A. N.; HEUN, J. T.; HUNSAKER, D.J.; JENKS, M. A.; KIMBALL, B.A.; ROTH, R. L.; STRAND, R.J.; THORP, K. R.; WALL, G. W.; WANG, G. Field-based phenomics for plant genetics research. **Field Crops Research**, [s.l.], v. 133, p. 101–112, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2012.04.003>.

WYATT, L. E.; STRICKLER, S. R.; MUELLER, L. A.; MAZOUREK, M. An acorn squash (*Cucurbita pepo* ssp. *ovifera*) fruit and seed transcriptome as a resource for the study of fruit traits in *Cucurbita*. **Horticulture Research**, [s.l.], v. 2, n. 14070, p. 1-7, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1038/hortres.2014.70>.

CAPÍTULO 1.

LINHAGENS DE ABOBRINHA-ITALIANA COM DIFERENTES NÍVEIS DE RESISTÊNCIA AOS VÍRUS ZYMV E SqMV

RESUMO

BELOTI, IGOR FORIGO. **Linhagens de abobrinha-italiana com diferentes níveis de resistência aos vírus ZYMV e SqMV.** 2020. Uberlândia: UFU, 2020. P. 9-26. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia - MG.

Comercialmente conhecida como abóbora italiana, *C. pepo* é uma hortaliça de grande valor socioeconômico no Brasil. Sua produção é afetada qualitativamente e quantitativamente por inúmeras doenças, destacando-se as viroses pertencentes aos grupos Potyvirus: *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV) e Comovirus: *Squash Mosaic virus* (SqMV). Para diminuir a disseminação de fitoviroses a principal estratégia é o desenvolvimento de genótipos com resistência às infecções virais, entretanto há poucos genótipos com múltipla resistência. Desta forma, este trabalho avaliou linhagens de abobrinha visando encontrar fontes de resistência às viroses ZYMV e SqMV. O experimento foi conduzido na Estação Experimental de Hortaliças, da Universidade Federal de Uberlândia, *campus* Monte Carmelo, em delineamento inteiramente casualizado. Testaram-se 66 linhagens provenientes do banco de germoplasma da UFU, incluindo-se o genótipo “Emanuella” e as testemunhas “tronco caserta” (suscetível) e “PX 13067051” (resistente). Procedeu-se a inoculação de extratos foliares contendo partículas virais e distribuição de notas de resistência na fase de plântula. Foram observados sintomas mais severos, assim como um maior número de genótipos suscetíveis para o vírus ZYMV. As linhagens UFU-C X UFU-A#18#3;1, UFU-C X UFU-F#19#11;3, UFU-F#4#9;1, UFU-D X UFU-F#7#21;1 e a cv. “Emanuella” são uma alternativa para a produção de novas cultivares de abóbora ou híbridos resistentes a ZYMV e SqMV.

Palavras-chave: Comovirus; Potyvirus; Resistência de plantas.

ABSTRACT

BELOTI, IGOR FORIGO. **Summer-squash lines with different degrees of resistance to ZYMV and SQMV viruses.** 2020. Uberlândia: UFU, 2020. P. 9-26. Thesis (Doctorate in Agronomy) – Federal University of Uberlândia, Uberlândia- MG, Brazil.

Commercially known as summer squash *C. pepo* is a vegetable of great socioeconomic value in Brazil. Its production is affected qualitatively and quantitatively by numerous diseases, especially the viruses belonging to the Potyvirus groups: Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) and Comovirus: Squash Mosaic virus (SqMV). The main strategy to reduce the spread of phytovirus is the development of genotypes with resistance to viral infections; however, there are few genotypes with resistance to multiple viruses. In this way, this study evaluated zucchini strains in order to find sources of resistance to viruses ZYMV and SqMV. The experiment was conducted at the Experimental Station of Vegetables, Federal University of Uberlândia, Monte Carmelo *campus*, in a completely randomized design. Of 66 strains from the germplasm bank of the UFU, including the genotype "Emanuella" and the witnesses "caserta" (susceptible) and "PX 13067051" (resistant). The inoculation of leaf extracts containing viral particles and distribution of notes of resistance at seedling phase. More severe symptoms were observed, as well as a greater number of genotypes susceptible to ZYMV virus. The lines UFU-C X UFU-A # 18 # 3; 1, UFU-C X UFU-F # 19 # 11; 3, UFU-F # 4 # 9; 21; 1 and cv. "Emanuella" are an alternative for the production of new cultivars of summer squash or hybrids resistant to ZYMV and SqMV.

Keywords: Comovirus; Potyvirus; Resistance of plants.

1 INTRODUÇÃO

Dentre as abóboras, destaca-se o tipo caserta (*C. pepo* L.), comercialmente conhecida como abóbora italiana, de moita ou de tronco. Muito utilizada no consumo *in natura*, é importante fonte de vitaminas do complexo B, em niacina, além de significativas quantidades de cálcio, fósforo e ferro. No Brasil figura entre as dez hortaliças de maior valor econômico, principalmente no eixo Centro-Sul, podendo ser encontrada nas colorações verde claro, branca e verde com faixas de cores destacadas (COUTO et al., 2009; PARIS, 2016).

Vários problemas fitossanitários ocasionam prejuízos consideráveis aos produtores desta cultura, como os ocasionados por fungos: oídios (*Podosphaera xanthii*), antracnose (*Colletotrichum gloeosporioides* f. sp. *cucurbitae*), podridão-amarga (*Didymella bryoniae*), murcha-de-fusarium (*Fusarium oxysporum*); bactérias causadoras da canela preta (*Pectobacterium* subs. *Carotovorum*) e viroses (PRSV-W, ZYMV, SqMV e WMV) (NOGUEIRA et al., 2011; SISTEMA DE AGROTÓXICOS FITOSSANITÁRIOS, 2019).

Dentre as doenças que ocorrem em cucurbitáceas, aquelas causadas por vírus afetam seriamente a qualidade e a quantidade da produção de frutos, representando um dos fatores limitantes mais importantes para a produção da cultura (FINETTI-SIALER et al., 2012). As fitoviroses não apresentam controle curativo e dessa forma, as medidas preventivas são as mais indicadas no manejo. Entre as estratégias existentes para diminuir sua disseminação destaca-se o desenvolvimento de cultivares ou híbridos com resistência às infecções virais (NOGUEIRA et al., 2011).

Mais de 20 espécies de vírus podem infectar naturalmente as cucurbitáceas e aqueles que pertencem ao gênero *Potyvirus*, (família *Potyviridae*) têm demonstrado serem as mais importantes, com destaque para o ZYMV (*Zucchini yellow mosaic virus*). Os sintomas induzidos incluem clorose de nervuras limitada, geralmente nas primeiras folhas, presença de mosaico severo e necrose sistêmica apresentando cor amarelada nas folhas, além de acentuada redução do desenvolvimento das plantas (FINETTI-SIALER et al., 2012). Os frutos ficam atrofiados e deformados, resultando em rendimento reduzido e tornando-os não comercializáveis (SPADOTTI et al., 2015). Trata-se de um vírus bastante presente em regiões produtoras no Brasil. A exemplo Barbosa et al.,

(2016), em levantamento no Vale do Rio São Francisco, obtiveram 44% de plantas sintomáticas com a presença desta virose.

Outro vírus de importância, o SqMV (*Squash Mosaic virus*) é um membro do gênero Comovirus, pertencente à subfamília *Comovirinae*, família *Secoviridae* e ordem *Picornavirales* (SANFACON et al., 2011). Alencar et al. (2012) em levantamento de viroses que infectam cucurbitáceas no estado do Tocantins (Brasil) descobriram que 56% das amostras estavam infectadas com SqMV demonstrando ser uma virose bastante incidente em cucurbitáceas ao contrário do relatado por outros autores. Segundo Alencar et al., (2016), os sintomas dependem do isolado do vírus, espécie de planta e ambiente; no entanto, a maioria dos hospedeiros suscetíveis apresentam mosaico sistêmico severo com deformação das folhas e frutos.

Historicamente, a resistência a viroses foi considerada o objetivo mais importante no desenvolvimento de linhagens de *C. pepo*. Como a abóbora é colhida continuamente, as plantas que os sustentam continuam a crescer e diferenciar, ao mesmo tempo em que é exposto a infecção por vírus (WHITAKER e ROBINSON, 1986, PARIS, 2016). O desenvolvimento de cultivares de cucurbitáceas resistentes a vírus é geralmente um processo longo e complexo. Como fase inicial, é necessário selecionar uma fonte adequada de resistência à determinada espécie de vírus ou resistente a mais de uma espécie (SILVEIRA et al., 2009; NOGUEIRA et al., 2011).

Dado a escassez de informações a respeito de cultivares de abobrinha-italiana resistentes a mais de uma virose, este trabalho teve por objetivo avaliar genótipos visando identificar resistência aos vírus ZYMV e SqMV.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no período de janeiro a agosto de 2018, na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), *campus* Monte Carmelo (18°42'43,19"S e 47°29'55,8" O, 873 m de altitude). O preparo dos tampões foi realizado no Laboratório de Análise de Sementes e Recursos Genéticos (LAGEN) da UFU.

Este trabalho faz parte do Programa de Melhoramento Genético de Abóboras da UFU, *campus* Monte Carmelo. Os genótipos foram obtidos do Banco de Germoplasma de hortaliças da mesma instituição, oriundos de coletas realizadas em feiras livres na região de Monte Carmelo (MG). O método de melhoramento utilizado para obtenção das linhagens foi o genealógico. As linhagens avaliadas foram provenientes dos cruzamentos entre: “UFU-A”, “UFU-B”, “UFU-C”, “UFU-D”, “UFU-E”, “UFU-F” e “UFU-G”. Por critérios visuais visando frutos desejáveis, número de flores masculinas e femininas, índice SPAD e temperatura foliar, as gerações foram avançadas até F4. As características dos genótipos progenitores podem ser visualizadas na Tabela 1.

Tabela 1. Características dos genótipos utilizados como progenitores. Monte Carmelo, 2018.

Genótipos	Características de frutos
UFU-A	Frutos uniformes de coloração verde-clara e estrias escuras brilhantes, apresentando cicatriz floral discreta e qualidade superior.
UFU-B	Frutos uniformes de coloração verde-clara e estrias verdes mais escuras e brilhantes.
UFU-C	Frutos cilíndricos, verdes com a presença de listras escuras.
UFU-D	Frutos de coloração levemente clara com listras verde escuras.
UFU-E	Frutos cilíndricos, levemente bojudos, de coloração verde clara.
UFU-F	Frutos levemente bojudos, de coloração verde clara.
UFU-G	Frutos cilíndricos levemente bojudos.

Os genótipos avaliados neste trabalho, exceto as testemunhas, pertencem à geração F4 e são provenientes de seleção feita sobre 163 genótipos avaliados nesta geração, selecionando-se 66 genótipos (Tabela 2). Foi inserido a cultivar “Emanuella” (proveniente do programa de melhoramento de abobrinhas da UFU) para avaliação da resistência da mesma. Como testemunha suscetível aos dois vírus foi utilizada a cultivar “Tronco caserta” (ISLA, 2019). Como testemunha tolerante aos dois vírus foi utilizada o híbrido PX 13067051 com resistência a ZYMV e PRSV-W (SEMINIS, 2019).

Tabela 2. Linhagens, testemunhas resistentes e suscetíveis avaliadas. Monte Carmelo, 2018.

Numeração	Código do genótipo	Numeração	Código do genótipo
1	UFU-A#6#6;3	34	UFU-D X UFU-C#8#12;1
2	UFU-B#1#7;2	35	UFU-D X UFU-C#8#14;2
3	UFU-B#9#4;3	36	UFU-D X UFU-C#8#17;3
4	UFU-B X UFU-A#17#3;2	37	UFU-D X UFU-C#8#6;3
5	UFU-B X UFU-A#17#4;1	38	UFU-D X UFU-C#8#9;2
6	UFU-B X UFU-A#17#5;1	39	UFU-D X UFU-F#7#1;1
7	UFU-B X UFU-A#17#5;25	40	UFU-D X UFU-F#7#11;1
8	UFU-B X UFU-F#9#1;1	41	UFU-D X UFU-F#7#12;3
9	UFU-B X UFU-F#9#12;2	42	UFU-D X UFU-F#7#14;1
10	UFU-B X UFU-F#9#13;3	43	UFU-D X UFU-F#7#16;1
11	UFU-B X UFU-F#9#14;1	44	UFU-D X UFU-F#7#18;1
12	UFU-B X UFU-F#9#16;2	45	UFU-D X UFU-F#7#19;2
13	UFU-B X UFU-F#9#2;3	46	UFU-D X UFU-F#7#2;2
14	UFU-B X UFU-F#9#9;2	47	UFU-D X UFU-F#7#2;3
15	UFU-C#3#4;1	48	UFU-D X UFU-F#7#20;3
16	UFU-C X UFU-A#18#3;1	49	UFU-D X UFU-F#7#21;1
17	UFU-C X UFU-F#19#10;2	50	UFU-D X UFU-F#7#23;2
18	UFU-C X UFU-F#19#11;3	51	UFU-D X UFU-F#7#6;1
19	UFU-C X UFU-F#19#9;1	52	UFU-D X UFU-F#7#9;1
20	UFU-F#4#9;1	53	UFU-D X UFU-E#11#10;2
21	UFU-F X UFU-A#12#10;1	54	UFU-D X UFU-E#11#11;2
22	UFU-F X UFU-A#12#9;2	55	UFU-DXUFU-E#11#12;2
23	UFU-D#5#1;1	56	UFU-DXUFU-E#11#13;1
24	UFU-D#5#2;1	57	UFU-DXUFU-E#11#7;2
25	UFU-D#5#3;2	58	UFU-E#12#8;1
26	UFU-D#5#4;1	59	Tronco caserta (suscetível)
27	UFU-D#5#4;3	60	UFU-E
28	UFU-D X UFU-A#16#12;1	61	UFU-A
29	UFU-D X UFU-A#16#2;1	62	UFU-B
30	UFU-D X UFU-A#16#2;2	63	UFU-C
31	UFU-D X UFU-A#16#3;2	64	PX 13067051 (tolerante)
32	UFU-D X UFU-A#16#8;1	65	UFU-G
33	UFU-D X UFU-C#8#11;1	66	Emanuella

As estirpes dos vírus ZYMV e SqMV, foram obtidas do Centro de indexação de vírus, localizado no Departamento de Fitopatologia da Universidade Federal de Lavras em novembro de 2017. Sua manutenção foi realizada semanalmente na Estação Experimental de Hortaliças da UFU, *campus* Monte Carmelo, através da inoculação de mudas em bandejas como apresentado a seguir:

Preparo de substrato

Adicionaram-se a cada 25 kg de substrato comercial 0,5 kg de formulado 4-14-8, revolvendo-se até a homogeneização. Esta adubação foi necessária para obter plantas vigorosas e não “mascarar” os sintomas característicos das viroses.

Manutenção dos vírus

Os vírus foram mantidos em mudas de abóbora Tronco Caserta (Empresa ISLA®). A semeadura foi realizada em bandeja de poliestireno (128 células) preenchida com substrato a base de fibra de coco. A cultivar utilizada para a manutenção dos vírus foi a Tronco Caserta (Empresa ISLA®), por se tratar de cultivar suscetível as viroses avaliadas e de fácil manutenção em casa de vegetação, possuindo hábito de crescimento ereto, o que facilita os tratos culturais. As mudas foram inoculadas aos sete dias após a emergência (DAE) e aos 14 DAE nas folhas cotiledonares. Estas foram mantidas em gaiolas protegidas com telas anti-afídicas, evitando assim a contaminação das mudas inoculadas com os isolados, através de insetos vetores como pulgões e mosca-branca.

Preparo do tampão

O preparo do tampão segue metodologia utilizada por Fernandes (dados não publicados), adaptada de Maluf (1986), como descrito a seguir:

Primeira parte: Preparou-se 250 ml da solução 0,2 M KH_2PO_4 (fosfato de potássio monobásico) + 0,2% Na_2SO_3 (sulfito de sódio) com pH final de 7,3.

Segunda Parte: Preparou-se 300 ml da solução 0,2 M K_2HPO_4 (fosfato de potássio dibásico ou bibásico) + 0,2% Na_2SO_3 (sulfito de sódio); com pH final de 9,0.

Terceira parte: A solução de K_2HPO_4 (fosfato de potássio dibásico), foi aferida em pHmetro, visando ajuste de seu pH para 7,3. Este foi feito inserindo-se vagarosamente com uma pipeta a solução de KH_2PO_4 (fosfato de potássio monobásico), com o auxílio de um agitador magnético, até diminuir o pH de 9,0 para 7,3. A solução foi armazenada em refrigeração (2 a 5 °C).

Métodos de inoculação dos genótipos

As plântulas foram inoculadas no sétimo e no décimo quarto dia após a emergência (7° DAE e 14° DAE), quando atingiam o estádio de folhas cotiledonares

expandidas. A inoculação foi realizada na parte adaxial das folhas cotiledonares; com extrato de folhas novas de plantas de abóboras infectadas com o vírus SqMV e ZYMV, separadamente. Estas apresentavam deformação foliar e mosaico. O extrato foi preparado conjuntamente com soluções tampões através de maceração das folhas em almofariz, na presença de tampão fosfato. A proporção utilizada foi de 90 ml de tampão para 10 g de tecido foliar fresco (adaptado de MALUF, 1986) (Figura 1).



Foto: o autor

Fig. 1. Primeira inoculação das plântulas em bandeja, sete dias após a emergência. Monte Carmelo, 2018.

Para as inoculações, primeiramente polvilharam-se carborundum (400 mesh) nas folhas cotiledonares dos genótipos e posteriormente friccionaram-se extrato foliar nas folhas receptoras com os dedos. Posteriormente, as folhas foram lavadas com água corrente e as plantas mantidas em casa de vegetação, até a avaliação final dos sintomas. As inoculações foram realizadas no início da manhã, evitando temperaturas elevadas.

Delineamento experimental

Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado (DIC), com o modelo:

$$Y_{ij} = \mu + t_i + e_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} é a observação feita na parcela para o tratamento i na repetição j ;

μ representa uma constante inerente a toda parcela;

t_i representa o efeito do tratamento i ;
 e_{ij} é o erro experimental na parcela i, j .

A unidade experimental considerada foi uma (1) plântula. Foram realizadas cinco repetições com quatro plântulas em cada, totalizando assim 20 plântulas por tratamento (inoculação). O experimento foi conduzido em casa de vegetação, empregando-se os tratos culturais recomendados para a condução da cultura na fase de muda (Figura 2).



Foto: o autor

Fig. 2. Condução do ensaio com o vírus SqMV em casa de vegetação. Monte Carmelo, 2018.

Avaliação das inoculações

Aos sete dias após a segunda inoculação, quando as plântulas apresentavam 21 dias, realizaram-se as avaliações. Foi utilizada escala de notas visuais para aferir a suscetibilidade dos materiais às viroses testadas, na classificação da severidade dos sintomas de acordo com Maluf et al. (1986):

1= maioria das folhas sem sintomas; uma folha nova apresentando sintomas brandos e ou leve clareamento de nervuras;

2= maioria das folhas com sintomas brandos, leve clareamento de nervuras ou manchas cloróticas esparsas;

3= maioria das folhas com mosaico; sintomas variando de clareamento de nervuras ou manchas cloróticas esparsas para cloroses em até 50% da área foliar;

4= quase todas as folhas com mosaico; coalescência de áreas cloróticas, chegando até 50% da área foliar;

5= quase todas as folhas com mosaico severo; folhas com mais de 50% de sua área foliar afetada ou com distorções severas.

Também foram descritos os sintomas observados 21 dias após a primeira inoculação, como segue: Bordas franzidas (Bf); Bolhosidade (Bl); Estreitamento foliar (Et); Cordão de Sapato (Cs); Deformação foliar (Df); Enrolamento foliar (Ef); Enaçao (En); Mosaico (M); Nervuras paralelas (Np); Subdesenvolvimento (Sd); SS: Sem sintomas (SS).

Análises estatísticas

Testaram-se as pressuposições de normalidade dos resíduos (Levene) e homogeneidade das variâncias (Kolmogorov-Smirnov), a 0,05 de significância.

Os dados foram submetidos à análise de variância, pelo teste F ($p=0,05$). As médias foram comparadas de duas formas distintas: agrupadas pelo teste Scott-Knott ($p=0,05$) e pelo teste de Dunnett ($p=0,05$), comparando-se o desempenho dos genótipos entre si e individualmente com as testemunhas suscetível e tolerante, respectivamente. Todos os dados obtidos foram analisados utilizando-se o *software* R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2019).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve diferença significativa entre os genótipos avaliados quanto à resistência em relação às duas viroses. Da mesma forma uma gama de diferentes sintomas foi observada (Tabela 3).

Tabela 3. Notas e sintomas atribuídos aos genótipos, após a inoculação com os vírus SqMV e ZYMV. Monte Carmelo, 2018.

Genótipos	SqMV*	Sintomas**	ZYMV*	Sintomas
UFU-A#6#6;3	3,00 B	Np/Bl/M/Df	3,35 C-	BL/M/BF/DF
UFU-B#1#7;2	2,78 B ⁺	Df/Bl/M/Np/SS	3,85 D-	M/BL/Np
UFU-B#9#4;3	2,85 B	Np/M/Bl/Df/SS	4,22 D-	M/BL/Np/BF
UFU-B X UFU-A#17#3;2	3,20 B	M/Df/Bl/Np/Bf	2,95 B	M/BL//DF/BF
UFU-B X UFU-A#17#4;1	2,80 B ⁺	Df/M/Bl/Np/SS	3,95 D-	M/BL/DF
UFU-B X UFU-A#17#5;1	3,03 B	M/Bl/Df/Np/SS	3,22 C-	Bl/M/Bf
UFU-B X UFU-A#17#5;25	2,43 A ⁺	M/Bl/Np/SS/Df	2,48 B ⁺	Bl/M/DF/BF
UFU-B X UFU-F#9#1;1	4,65 C-	Np/Bl/M/Df/Bf	4,00 D-	NP/M/BL/DF/BF
UFU-B X UFU-F#9#12;2	2,82 B ⁺	M/Bl/Df/Bf	3,13 C-	M/BL/BF
UFU-B X UFU-F#9#13;3	3,05 B	Bl/Df/M/Bf/Np	3,27 C-	M/BL
UFU-B X UFU-F#9#14;1	2,55 B ⁺	Bl/Df/SS/Np/Bf/M	3,30 C-	M/BL/BF/DF
UFU-B X UFU-F#9#16;2	3,17 B	Bl/Np/Df	4,60 D-	M/BL/BF/Np
UFU-B X UFU-F#9#2;3	4,07 C-	Df/Bf/Np/M/Bl/SS	4,52 D-	M/BL/DF/BF
UFU-B X UFU-F#9#9;2	3,05 B	Df/M/Bl/Np	3,45 C-	M/BL/BF
UFU-C#3#4;1	2,28 A ⁺	Bl/M/Df/SS/Np	2,98 B	Bl/M/SS
UFU-C X UFU-A#18#3;1	2,28 A ⁺	M/Df/Bl/SS	2,20 A ⁺	BL/M/SS
UFU-C X UFU-F#19#10;2	2,00 A ⁺	M/Df/Bl/SS/Np	2,60 B ⁺	M/Bl/BF
UFU-C X UFU-F#19#11;3	2,45 A ⁺	M/Bl/Df/SS	2,10 A ⁺	Bf/M/Bl/SS
UFU-C X UFU-F#19#9;1	2,72 B ⁺	M/Df/Bl	3,00 B	M/Bl/Bf
UFU-F#4#9;1	2,20 A ⁺	Bl/M/Df	2,10 A ⁺	M/Bl/BF
UFU-F X UFU-A#12#10;1	2,65 B ⁺	Bl/Np/Df/Bf/M	3,62 C-	M/BL/Bf
UFU-F X UFU-A#12#9;2	2,90 B	M/Bl/Df/Np/Bf	3,68 C-	M/BL/DF/BF
UFU-D#5#1;1	2,08 A ⁺	M/Bl/Df/SS	3,57 C-	M/Bl/Df/Bf
UFU-D#5#2;1	2,60 B ⁺	Np/SS/Bl/Df/Bf	2,88 B	Bl/M/DF/BF
UFU-D#5#3;2	2,22 A ⁺	Bl/Df/M/SS	2,60 B ⁺	M/Bl/Bf
UFU-D#5#4;1	2,22 A ⁺	M/Df/Bl/SS	3,23 C-	M/Bl
UFU-D#5#4;3	2,55 B ⁺	Df/Bl/M/SS	4,00 D-	M/BL/Bf/Df
UFU-D X UFU-A#16#12;1	2,43 A ⁺	M/Bl/SS/Df/Np	3,07 C-	M/Bl/Bf
UFU-D X UFU-A#16#2;1	2,45 A ⁺	SS/Bl/Df/M/Np	3,20 C-	M/Bl/DF/BF
UFU-D X UFU-A#16#2;2	2,48 A ⁺	M/Df/Bl/Np/Bf/SS	3,78 D-	M/Bl/Bf
UFU-D X UFU-A#16#3;2	2,68 B ⁺	Bl/Df/M/Bf/Np	3,07 C-	M/Bl/Bf/Df
UFU-D X UFU-A#16#8;1	2,60 B ⁺	Bl/Df/Bf/M/Np	3,35 C-	Bl/Bf/M
UFU-D X UFU-C#8#11;1	2,40 A ⁺	M/Bl/Bf/SS/Df	3,55 C-	M/Bl/Df/Bf
UFU-D X UFU-C#8#12;1	4,45 C-	Df/Bl/Bf/M/Np	3,60 C-	Bl/M/Bf/Df
UFU-D X UFU-C#8#14;2	2,53 B ⁺	Np/Bl/SS/M/Df	3,10 C-	Bl/M/DF/BF
UFU-D X UFU-C#8#17;3	2,23 A ⁺	M/Df/Bl/SS	2,72 B	Df/Bl/M/SS
UFU-D X UFU-C#8#6;3	2,88 B	SS/M/Bl/Df/Np	2,80 B	M/Bl/Bf
UFU-D X UFU-C#8#9;2	2,30 A ⁺	SS/Bl/Df/M	3,17 C-	M/Bl/Bf
UFU-D X UFU-F#7#1;1	2,60 B ⁺	M/Bl/SS/Np/Df	3,25 C-	Bl/M/Bf
UFU-D X UFU-F#7#11;1	2,40 A ⁺	SS/Df/Bl/M	2,98 B-	M/Bl/Bf/SS
UFU-D X UFU-F#7#12;3	2,75 B ⁺	M/Df/Bl/SS	3,08 C-	M/Bl/Bf/Df
UFU-D X UFU-F#7#14;1	2,60 B ⁺	Bl/SS/M/Np/Df	2,80 B	M/Bl/Bf
UFU-D X UFU-F#7#16;1	2,45 A ⁺	Bl/M/Df/SS	4,00 D-	M/Bl/Bf
UFU-D X UFU-F#7#18;1	2,58 B ⁺	Bl/SS/M/Df	2,62 B+	M/Bl/Bf
UFU-D X UFU-F#7#19;2	2,65 B ⁺	Bl/M/Df	2,43 B+	M/Bl/Bf

Genótipos	SqMV*	Sintomas**	ZYMV*	Sintomas
UFU-D X UFU-F#7#2;2	2,80 B ⁺	BI/M/Df/Bf	2,47 B ⁺	M/BI/Bf/Df
UFU-D X UFU-F#7#2;3	3,28 B	BI/M/Df/Np	3,55 C-	M/BI/Bf
UFU-D X UFU-F#7#20;3	2,25 A ⁺	BI/Df/SS/M	2,90 B	M/BI/Bf
UFU-D X UFU-F#7#21;1	2,37 A ⁺	M/Df/BI/SS	2,05 A	BI/M/SS
UFU-D X UFU-F#7#23;2	2,07 A ⁺	SS/Df/BI/M	3,55 C-	BI/Bf/M/Df
UFU-D X UFU-F#7#6;1	2,12 A ⁺	SS/M/BI/Np/Bf/Df	2,67 B ⁺	Bf/BI/M/Df/SS
UFU-D X UFU-F#7#9;1	2,25 A ⁺	M/BI/Df	2,33 B ⁺	M/BI/Bf/SS
UFU-D X UFU-E#11#10;2	2,60 B ⁺	BI/Df/M/Bf/SS	3,17 C-	BI/M/Bf
UFU-D X UFU-E#11#11;2	3,08 B	M/BI/Df/Np	3,40 C-	M/Df/BI/Bf
UFU-DXUFU-E#11#12;2	2,31 A ⁺	M/BI/SS	3,31 C-	M/BI/Bf
UFU-DXUFU-E#11#13;1	2,92 B	M/Df/BI/Np	2,83 B	M/BI/Bf/SS
UFU-DXUFU-E#11#7;2	3,02 B	Df/BI/M/Np/Bf	3,68 C-	M/BI/Bf/Df
UFU-E#12#8;1	2,60 B ⁺	M/BI/Df/SS	3,45 C-	M/BI/SS
Tronco caserta	4,62 C	M/Np/Df/BI	4,20 D	M/BI/Np/Bf
UFU-E	2,43 A ⁺	BI/Np/M/SS/Df	3,45 C-	M/BF/DF/BL/NP
UFU-A	2,57 B ⁺	M/BI/SS/Df	2,73 B ⁺	BI/Df/M
UFU-B	3,07 B	M/BI/Bf/Df	2,70 B ⁺	M/BI/Df
UFU-C	1,33 A ⁺	M/BI/SS	3,73 D-	SS/M/BI
PX 13067051	1,67 A	BI/SS	1,77 A	SS/BI
UFU-G	3,33 B	M/BI	1,53 A	M/SS/BI
Emanuella	1,73 A ⁺	BI/Bf/SS/Bf/M	1,55 A ⁺	BI/Bf/M/SS
CV(%)	21,61		18,43	
Kolmogorov-Smirnov	0,3118		0,1466	
Levene	0,6868		0,6868	

*Médias seguidas por letras distintas, nas colunas, diferem estatisticamente entre si, pelo teste de Scott-Knott a 0,05 de significância,

+Não difere estatisticamente pelo teste de Dunett (p=0,05), em relação a cultivar resistente PX 13067051

- Não difere estatisticamente pelo teste de Dunett (p=0,05), em relação a cultivar suscetível tronco caserta

Nas avaliações fenotípicas todas as plantas de abóbora cv. ‘Tronco caserta’ apresentaram sintomas após a inoculação dos isolados de ZYMV e SqMV. Esse resultado comprova a eficiência da inoculação, pois a cv. ‘Caserta’ é um genótipo conhecidamente suscetível aos vírus, sendo utilizada, por exemplo, nos trabalhos de avaliação de virulência de isolados de Oliveira et al. (2000) e Tavares et al. (2014).

No ensaio com o vírus SqMV os genótipos UFU-B X UFU-A#17#5;25, UFU-C#3#4;1, UFU-C X UFU-A#18#3;1, UFU-C X UFU-F#19#10;2, UFU-C X UFU-F#19#11;3, UFU-F#4#9;1, UFU-D#5#1;1, UFU-D#5#3;2, UFU-D#5#4;1, UFU-D X UFU-A#16#12;1, UFU-D X UFU-A#16#2;1; UFU-D X UFU-A#16#2;2, UFU-D X UFU-C#8#11;1, UFU-D X UFU-C#8#17;3, UFU-D X UFU-C#8#9;2, UFU-D X UFU-F#7#11;1, UFU-D X UFU-F#7#16;1, UFU-D X UFU-F#7#20;3, UFU-D X UFU-F#7#21;1, UFU-D X UFU-F#7#23;2, UFU-D X UFU-F#7#6;1, UFU-D X UFU-F#7#9;1, UFU-D X UFU-F#7#9;1, UFU-DXUFU-E#11#12;2, UFU-E, UFU-C e cv. Emanuella não diferiram estatisticamente pelo teste de Skott-knott (0,05 de significância) da testemunha resistente PX 13067051.

Os sintomas exibidos pelas plantas inoculadas com SqMV evoluíram de mosaico simples, bolhosidades, deformação foliar a casos mais severos com presença de nervuras paralelas e bordas franzidas.

No ensaio com o vírus ZYMV os genótipos UFU-C X UFU-A#18#3;1, UFU-C X UFU-F#19#11;3, UFU-F#4#9;1, UFU-D X UFU-F#7#21;1, UFU-G e Emanuella, não diferiram estatisticamente pelo teste de Skott-knott (0,05 de significância) da testemunha tolerante PX 13067051. Estes genótipos, exceto UFU-G, apresentam resistência a ambos os vírus.

Os sintomas exibidos pelas plantas inoculadas com ZYMV evoluíram de mosaico simples a bolhosidades, deformação foliar branda a casos mais severos de mosaico, deformação foliar e bordas franzidas. Segundo Finetti-Sialer et al., (2012) as plantas afetadas por esse vírus podem apresentar mosaico, redução do limbo foliar, deformação nas folhas e frutos, necrose e bolhas, podendo os sintomas variarem conforme o hospedeiro infectado e o isolado utilizado.

Barbosa et al. (2017) avaliaram as reações fenotípicas e o comportamento de 28 acessos de abóbora do Banco de Germoplasma de Cucurbitáceas da Embrapa Semiárido, (Petrolina, PE, Brasil) aos vírus PRSV-W, ZYMV e WMV. Nenhum dos genótipos avaliados apresentou imunidade ao vírus testados. Os sintomas mais graves foram observados nos acessos inoculados com ZYMV sendo que 50% dos acessos mostraram-se altamente suscetíveis. Este fato foi observado por outros autores: Moura et al., 2005; Oliveira et al., 2000 e Yakoubi et al., 2008.

Radwan et al. (2007), demonstraram que folhas de *C. pepo* cv “Eskandarani” infectadas com ZYMV mostraram graus variados de sintomas, incluindo mosaico severo, redução de tamanho, nanismo e deformação. A infecção viral diminuiu os níveis de pigmentos, proteínas e carboidratos. A atividade da peroxidase e o conteúdo de prolina também foram induzidos.

Moura et al. (2005) analisando reação de acessos de *Cucurbita* sp. ao ZYMV verificaram que o vírus provoca forte desorganização no arranjo e na forma das células epidérmicas e do parênquima paliçádico, induzindo hiperplasia (multiplicação exacerbada das células) e causando deformação foliar. No presente trabalho este sintoma só foi verificado em genótipos com elevada suscetibilidade ao vírus.

No presente trabalho 39 genótipos não diferiram da testemunha suscetível “Tronco caserta” pelo teste de Dunett à virose ZYMV. Um número elevado quando comparado à virose SqMV, nos quais apenas três genótipos não diferiram. Corroborando com este fato, Barbosa et al. (2017), avaliando resistência de 28 genótipos de *C. pepo* às viroses PRSV-W, ZYMV e WMV, chegaram à conclusão que os sintomas mais severos foram observados nos acessos inoculados com ZYMV, sendo que 50% deles mostraram-se altamente suscetíveis.

Em relação ao vírus SqMV, 46 genótipos não diferiram da testemunha resistente PX 13067051, enquanto que para a virose ZYMV este número foi de 14 genótipos. Corroborando com este fato, Moura et al. (2005) avaliaram 100 acessos de Cucurbita sp. do Banco Ativo de Germoplasma da Universidade Federal de Viçosa e encontraram imunidade ao ZYMV apenas em três acessos, enquanto 26 foram resistentes e 48 tolerantes ao ZYMV. Estes fatos corroboram para a maior agressividade do vírus ZYMV perante os outros vírus avaliados.

ŞEVİK e TOKSÖZ (2011) relataram que o vírus SqMV foi detectado com incidência de 20,9% em espécies de Cucurbita após análise das amostras sintomáticas pelo DAS-ELISA, em levantamento realizado em Samsun (Turquia). Os sintomas observados foram de mosaico verde severo ou suave, nervuras paralelas, deformação ou redução na forma e tamanho das folhas e frutos, semelhante ao encontrado no presente trabalho.

4 CONCLUSÕES

Os genótipos UFU-C X UFU-A#18#3;1, UFU-C X UFU-F#19#11;3, UFU-F#4#9;1, UFU-D X UFU-F#7#21;1 e a cv. "Emanuella" são uma alternativa para a produção de novas cultivares de abóbora ou híbridos resistentes a ZYMV e SqMV.

REFERÊNCIAS

- ALENCAR, N. E.; FIGUEIRA, A. D. R.; ALMEIDA, J. E. M.; SANTOS, L. B.; NASCIMENTO, I. R. Molecular biological identification of detected viruses in cucurbit species from the State of Tocantins. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, [s.l.], v. 3, p. 32-37, 2012. DOI: <https://doi.org/10.20873/jbb.uft.cemaf.v3n1.alencar>
- ALENCAR, N. E.; FIGUEIRA, A. R.; SANTOS, H. O.; DUARTE, P. S. G. Image analysis and physiological quality assessment of seeds produced in pumpkin plants infected with the squash mosaic virus (SqMV). **Research Journal of Seed Science**, [s.l.], v. 9 n.1, p. 14-21, 2016. DOI: <https://doi.org/10.3923/rjss.2016.14.21>.
- BARBOSA, G. S.; LIMA, J. A. A.; NASCIMENTO, A. K. Q.; SILVA, F. R.; DIAS, R. C. S. Sources of resistance in accessions of *Cucurbita* spp. to virus species from the genus *Potyvirus*. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 48, n. 4, 2017. DOI: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170084>.
- COUTO, M. R M.; LÚCIO, A.D.C.; LOPES, S. J.; CARPES, R. H. Transformações de dados em experimentos com abobrinha italiana em ambiente protegido. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 6, p. 1701-1707, 2009. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782009005000110>.
- FINETTI-SIALER, M. M.; MASCIA, T.; CILLO, F.; VOVLAS, C; GALLITELLI, D. Biological and molecular characterization of a recombinant isolate of *Watermelon mosaic virus* associated with a watermelon necrotic disease in Italy. **European Journal of Plant Pathology**, [s.l.], v. 132, n. 3, p. 317-322, 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s10658-011-9884-1>.
- ISLA. Disponível em: <https://isla.com.br/>. Acesso em 11 de março de 2019.
- MALUF, W. R.; MOURA, W. de M.; SILVA, I. S.; CASTELO-BRANCO, M. Screening of *Cucurbita* spp. Accessions for resistance to *Watermelon Mosaic Virus*. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 9, n.1, p. 161-167, 1986. DOI: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170084>.
- MOURA, M. C. C. L.; ZERBINI, F. M.; SILVA, D. J. H.; QUEIROZ, M. A. Reação de acessos de *Cucurbita* sp. ao *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV). **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 2, p. 206-210, 2005. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362005000200009>.
- NOGUEIRA, D. W.; MALUF, W. R.; FIGUEIRA, A. R.; MACIEL, G. M.; GOMES, L. A. A.; BENAVENTE, C. A. T. Combining ability of summer-squash lines with different degrees of parthenocarpy and PRSV-W resistance. **Genetics and Molecular Biology**, [s.l.], v. 34, n. 4, p. 616-623, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1415-47572011005000039>.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R**: a language and environment for statistical computing, 2019. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2019. <https://www.rproject.org/>.

RADWAN, D. E. M.; FAYEZ, K. A.; YOUNIS MAHMOUD, S.; HAMAD, A.; LU, G. Physiological and metabolic changes of *Cucurbita pepo* leaves in response to zucchini yellow mosaic virus (ZYMV) infection and salicylic acid treatments. **Plant Physiology and Biochemistry**, [s.l.], v. 45, p. 480–489, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2007.03.002>.

SANFACON, H.; IWANAMI, T.; KARASEV, A. V.; VAN DER VLUGT, R. A. A.; WELLINK, J.; WETZEL, T.; YOSHIKAWA, T. N. Family secoviridae. In: KING, A. M. Q.; ADAMS, E. B. **Virus taxonomy**: classification and nomenclature. Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses. San Diego, CA.: Academic Press, 2011. p. 881-899. Disponível em: <http://www.seminis.com.br/produtos/resultados/culturas/abobrinha/mercados/todo/reg%C3%B5es/todo>. Acesso em: 11 mar. 2019.

SISTEMA DE AGROTÓXICOS FITOSSANITÁRIOS. Brasília, DF, 2017. Disponível em: http://agrofit.agricultura.gov.br/agrofit_cons/principal_agrofit_cons. Acesso em: 11 mar. 2019.

OLIVEIRA, V. B.; LIMA, J. A. A.; VALE, C. C.; PAIVA, W. O. Caracterização biológica e sorológico de isolados de potyvirus obtidos de cucurbitáceas no Nordeste Brasileiro. **Fitopatologia Brasileira**, Lavras, v. 25, p. 628-636, 2000. DOI: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20160023>.

SILVEIRA, L. M.; QUEIROZ, M. A.; LIMA, J. A. A.; NASCIMENTO, A. K. Q.; LIMA NETO, I. S. Levantamento sorológico de vírus em espécies de cucurbitáceas na região do submédio São Francisco, Brasil. **Tropical Plant Pathology**, Viçosa, v. 34, p. 123-126, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1982-56762009000200008>.

PARIS, H. S. Germplasm enhancement of *Cucurbita pepo* (pumpkin, squash, gourd: Cucurbitaceae): progress and challenges. **Euphytica**, [s.l.], v. 208, n. 3, p. 415-438, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-015-1605-y>.

TAVARES, A. T.; CHAVES, P. P. N.; AGUIAR, R. W. S.; SANTOS, M. F.; SARMENTO, R. A.; NASCIMENTO, I. R. Phenotypic response of pumpkin and melon plants to infection by simple isolates of ZYMV and mixed ZYMV+ SQMV. **Journal of Biotechnology**, [s.l.], v. 5, n. 1, p. 79-87, 2014. DOI: <https://doi.org/10.20873/jbb.uft.cemaf.v5n1.tavares>.

SPADOTTI, D. M. A.; WASSANO, D. T.; REZENDE, J. A. M.; CAMARGO, L. E. A.; INOUE-NAGATA, A. K. Biological and molecular characterization of Brazilian isolates of Zucchini yellow mosaic virus. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 72, p. 187-191. 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/0103-9016-2014-0197>.

ŞEVİK, M. A.; TOKSÖZ, Y. Occurrence of Squash mosaic virus (SqMV) Infecting Pumpkin and Squash Growing in Samsun, Turkey. **The Journal of Turkish Phytopathology**, [s.l.], v. 37, n. 1-3, p. 15-25, 2008.

WHITAKER, T. W.; ROBINSON, R. W. Squash breeding. In: BASSETT, M. J. (ed.) **Breeding vegetable crops**. Westport: AVI Publishing, 1986. p. 209–242.

YAKOUBI, S.; DESBIEZ, C.; FAKHFAKH, H.; WIPF-SCHEIBEL, C.; FABRE, F.; PITRAT, M.; MARRAKCHI, M.; LECOQ, H. Molecular, biological and serological variability of *Zucchini yellow mosaic virus* in Tunisia. **Plant Pathology**, [s.l.], v. 57, p. 1146-1154, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2008.01934.x>.

CAPÍTULO 2.
POTENCIAL AGRONÔMICO, DISSIMILARIDADE GENÉTICA E
FENOTIPAGEM POR IMAGEM EM GEMOPLASMA DE *Cucurbita pepo*

RESUMO

BELOTI, IGOR FORIGO. **Potencial agronômico, dissimilaridade genética e fenotipagem por imagem em germoplasma de *Cucurbita pepo*.** 2020. Uberlândia: UFU, 2020. P. 27-60. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia - MG.

A cultura da abobrinha-italiana (*C. pepo*) apresenta grande importância socioeconômica no mundo. A caracterização de germoplasma desta espécie tem sido realizada predominantemente por avaliações de campo, o que demanda muito tempo do melhorista de plantas. Assim, a validação de novas técnicas capazes de otimizar o tempo durante o processo de seleção de germoplasma no campo podem representar um importante avanço no melhoramento genético. Este trabalho objetivou avaliar o potencial agronômico, dissimilaridade genética e validar o uso de imagens aéreas obtidas por drone para auxiliar na seleção quanto ao vigor vegetativo. Foram avaliados 65 genótipos, com três repetições em delineamento de blocos casualizados. As variáveis avaliadas foram: produção planta⁻¹, número de frutos. planta⁻¹, temperatura foliar, precocidade, índice de área foliar e os índices SPAD, NDVI e NDRE. A análise da divergência genética foi realizada por meio de técnicas multivariadas utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis e empregando-se o agrupamento UPGMA. O desempenho dos híbridos foi agrupado pelo teste Scott-Knott ($p= 0,05$). Pode-se verificar que o banco de germoplasma avaliado apresenta considerável diversidade genética entre os genótipos permitindo assim maior eficiência na validação da técnica de fenotipagem por imagem. Os genótipos Abobrinha 11#1 (8), Abobrinha 78#1 (39), Abobrinha 85#1 (42), UFU-E (64), UFU-B (65), UFU-C (66), PX13067051 (67), UFU-G (68) se destacaram quanto a produção, número de frutos, precocidade e elevados valores de IAF, NDVI e NDRE. O uso da fenotipagem por imagem a partir do uso dos sensores NDVI e NDRE foi eficiente para identificar genótipos com diversidade para vigor de plantas em *C. pepo*.

Palavras-chave: dissimilaridade genética; drone; IAF; NDVI; NDRE

ABSTRACT

BELOTI, IGOR FORIGO. **Agronomic potential, genetic dissimilarity and screening by image in *Cucurbita pepo* germplasm.** 2020. Uberlândia: UFU, 2020. P. 27-60. Thesis (Doctorate in Agronomy) – Federal University of Uberlândia, Uberlândia- MG, Brazil.

The culture of summer squash (*C. pepo*) has great socioeconomic importance in the world. The characterization of *C. pepo* germplasm of this species has been carried out predominantly by evaluations of field, which demands a loong time of the breeder of plants. Thus, the validation of new techniques capable of optimizing the time during the process of selection of germplasm in the field may represent an important advance in the genetic improvement. This study aimed to evaluate the agronomic potential, genetic dissimilarity and validate the use of aerial images obtained by drone to assist in the selection for vegetative vigor. Sixtyfive genotypes were evaluated, with three replications in a randomized block design. The variables evaluated were: production per plant, number of fruits per plant, leaf temperature, precocity, leaf area index and the indexes SPAD, NDVI and NDRE. The analysis of the genetic divergence was performed by means of multivariate techniques using the generalized Mahalanobis distance and using the UPGMA cluster. The performance of hybrids were compared by the Scott-Knott test ($p = 0.05$). It can be verified that the evaluated germplasm bank presents considerable genetic diversity among the genotypes, thus allowing greater efficiency in the validation of the image phenotyping technique. Genotypes Abobrinha 11#1 (8), Abobrinha 78#1 (39), Abobrinha 85#1 (42), UFU-E (64), UFU-B (65), UFU-C (66), PX13067051 (67), UFU-G (68) stood out for yield, fruit number, precocity and high leaf area index, NDVI and NDRE values. The use of image phenotyping from NDVI and NDRE sensors was efficient to identify genotypes with diversity for plant vigor in *C. pepo*.

Keywords: Geotechnology, genetic dissimilarity; drone; leaf area index; NDVI; NDRE

1 INTRODUÇÃO

A abobrinha-italiana (*C. pepo* L.) é uma hortaliça de grande importância socioeconômica especialmente para a agricultura familiar em vários países. Pertence a família Cucurbitaceae, com ampla variabilidade genética, sendo composta por mais de 80 gêneros e 800 espécies de plantas (FORMISANO et al., 2012).

Diante da expansão do mercado de sementes híbridas e da demanda por novos híbridos (ABCSEM, 2016), há necessidade de aperfeiçoar os processos de seleção em germoplasma de *C. pepo*. Uma das limitações para o avanço nas pesquisas está relacionada com a alta demanda de tempo do melhorista no campo para selecionar plantas de maior vigor. Há relatos que o uso de sensores óticos apresentou eficiência durante a avaliação de germoplasma em diversas espécies vegetais (JOHANN et al., 2012; RISSO et al., 2012; PICOLI et al., 2013; VICENTE et al., 2012; MAKANZA et al., 2018; MACIEL et al., 2019) entretanto, não há relatos em germoplasma de *C. pepo*.

Estes sensores podem cobrir um experimento inteiro em um tempo muito curto, fornecendo uma avaliação rápida de todas as parcelas, minimizando o efeito das condições ambientais que mudam rapidamente, como velocidade do vento, nebulosidade e radiação solar. Desta forma, estes sensores altamente sensíveis precisam ser investigados para melhorar os métodos de classificação padronizados, extremamente úteis no melhoramento de plantas (FIORANI e SCHURR, 2013; HAGHIGHATTALAB et al., 2016; SIMKO et al. 2017; KUSKA e MAHLEIN, 2018).

Estudos contemporâneos correlacionaram refletância de vegetação com as características agronômicas em várias espécies: Viña et al. (2011) e Johann et al. (2012) para soja e milho; Risso et al. (2012) para soja; Vicente et al. (2012) e Picoli et al. (2013) para cana-de-açúcar; Haghishattalab et al. (2016) para trigo; Makanza et al. (2018) para milho; Maciel et al. (2019) para alface. Estudos para espécies olerícolas são escassos e não há estudos correlacionando estes índices multiespectrais para *C. pepo*. Em *C. pepo*, uma das principais características a serem avaliadas no campo, está relacionado com o vigor e crescimento vegetativo da planta (NOGUEIRA et al., 2011; STRASSBURGER et al., 2011).

Este trabalho objetivou avaliar o potencial agronômico, dissimilaridade genética e validar o uso de imagens aéreas obtidas por drone para auxiliar na seleção quanto ao vigor vegetativo em germoplasma de *C. pepo*.

2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia, *campus* Monte Carmelo (18°42'43,9"S; 47°29'55,8"W; 873 m de altitude) de 2013 a 2018. Este trabalho faz parte do Programa de Melhoramento Genético de Abóboras da UFU, *campus* Monte Carmelo. Os parentais foram obtidos de coletas realizadas em feiras livres. A partir de 2013 foi realizado cinco sucessivas autofecundações após hibridação entre os acessos “UFU-A”, “UFU-B”, “UFU-C”, “UFU-D”, “UFU-E”, “UFU-F” e “UFU-G”. O método de melhoramento genético utilizado foi o genealógico obtendo-se 65 genótipos de *C. pepo* (Tabela 1).

Tabela 1. Genótipos de *C. pepo* obtidos após cinco autofecundações e avaliados no experimento de campo. Monte Carmelo, 2018.

Código semeadura	Genótipo	Código semeadura	Genótipo
3	Abobrinha 1#1	38	Abobrinha 77#1
4	Abobrinha 2#1	39	Abobrinha 78#1
5	Abobrinha 3#1	40	Abobrinha 79#1
7	Abobrinha 10#1	41	Abobrinha 83#1
8	Abobrinha 11#1	42	Abobrinha 85#1
9	Abobrinha 12#1	43	Abobrinha 87#1
10	Abobrinha 16#1	44	Abobrinha 88#1
11	Abobrinha 17#1	45	Abobrinha 89#1
12	Abobrinha 19#3	46	Abobrinha 90#1
13	Abobrinha 20#2	47	Abobrinha 93#1
14	Abobrinha 24#1	48	Abobrinha 94#1
15	Abobrinha 28#1	49	Abobrinha 95#1
16	Abobrinha 29#1	50	Abobrinha 96#2
17	Abobrinha 30#1	51	Abobrinha 97#2
18	Abobrinha 32#1	52	Abobrinha 99#1
19	Abobrinha 33#2	53	Abobrinha 102#1
20	Abobrinha 36#2	54	Abobrinha 104#1
21	Abobrinha 41#2	55	Abobrinha 105#1
22	Abobrinha 42#1	56	Abobrinha 110#1
23	Abobrinha 43#1	57	Abobrinha 111#1
25	Abobrinha 46#1	58	Abobrinha 118#1
26	Abobrinha 47#2	59	Abobrinha 121#1
27	Abobrinha 54#2	60	Abobrinha 124#1

Código semeadura	Genótipo	Código semeadura	Genótipo
28	Abobrinha 55#1	61	Abobrinha 65#1
29	Abobrinha 59#2	62	Abobrinha 115#1
30	Abobrinha 60#3	63	Tronco caserta
31	Abobrinha 62#1	64	UFU-E
32	Abobrinha 67#2	65	UFU-B
33	Abobrinha 68#1	66	UFU-C
34	Abobrinha 69#1	67	PX13067051
35	Abobrinha 71#2	68	UFU-G
36	Abobrinha 72#2	69	UFU-A
37	Abobrinha 76#1		

Para a instalação do experimento, o solo foi amostrado na profundidade de 0 a 20 cm, sendo a amostra enviada ao Laboratório de Análise de Solos (LABAS) da UFU, para análise química e física, apresentando os seguintes resultados: textura argilosa, contendo mais de 50% de argila em sua composição; pH em $\text{CaCl}_2 = 4,9$; $\text{MO} = 3,9 \text{ dag kg}^{-1}$; $\text{Pmeh} = 79,1 \text{ mg dm}^{-3}$; $\text{K} = 0,29 \text{ cmolc dm}^{-3}$; $\text{Ca} = 3,3 \text{ cmolc dm}^{-3}$; $\text{Mg} = 1,3 \text{ cmolc dm}^{-3}$; $\text{H+Al} = 4,9 \text{ cmolc dm}^{-3}$; $\text{SB} = 4,90 \text{ cmolc dm}^{-3}$; $\text{T} = 9,80 \text{ cmolc dm}^{-3}$; $\text{V\%} = 50$. Diante da análise de solo, realizou-se o cálculo das adubações de plantio e cobertura, bem como, a calagem, conforme exigência da cultura da abobrinha-italiana.

A semeadura foi realizada em bandejas de poliestireno expandido de 128 células com substrato comercial a base de fibra de coco (40 mL por célula) em 6 de outubro de 2018 e o transplantio para casa de vegetação 14 dias após a semeadura. As mudas foram transplantadas para o campo em delineamento de blocos casualizados (DBC). Os 65 genótipos em três blocos com quatro plantas por parcelas totalizaram 780 plantas espaçadas em 0,7 m entre plantas e 1,2 m entre linhas, compreendendo uma área de 3,36 m^2 por parcela e uma área total de 655,2 m^2 (Figura 1).



Foto: o autor



Foto: o autor

Fig. 1. Instalação do experimento no campo, à esquerda e plantas no início do florescimento/frutificação, à direita. Monte Carmelo, 2018.

O manejo de plantas daninhas e o controle de pragas e doenças foram realizados mediante monitoramento semanal, através de capinas e controle químico, respectivamente. A irrigação foi realizada com uma frequência de aplicação de acordo com a necessidade das plantas por meio de sistema de irrigação por aspersão, evitando-se o ponto de murcha permanente.

Pela classificação climática de Köppen e Geiger (1939) o clima local é Aw (tropical savânico). Durante o período de condução do experimento, a temperatura média foi de 23,38 °C, umidade relativa de 81% e precipitação acumulada de 745,4 mm durante os 77 dias do experimento a campo (Figura 2).

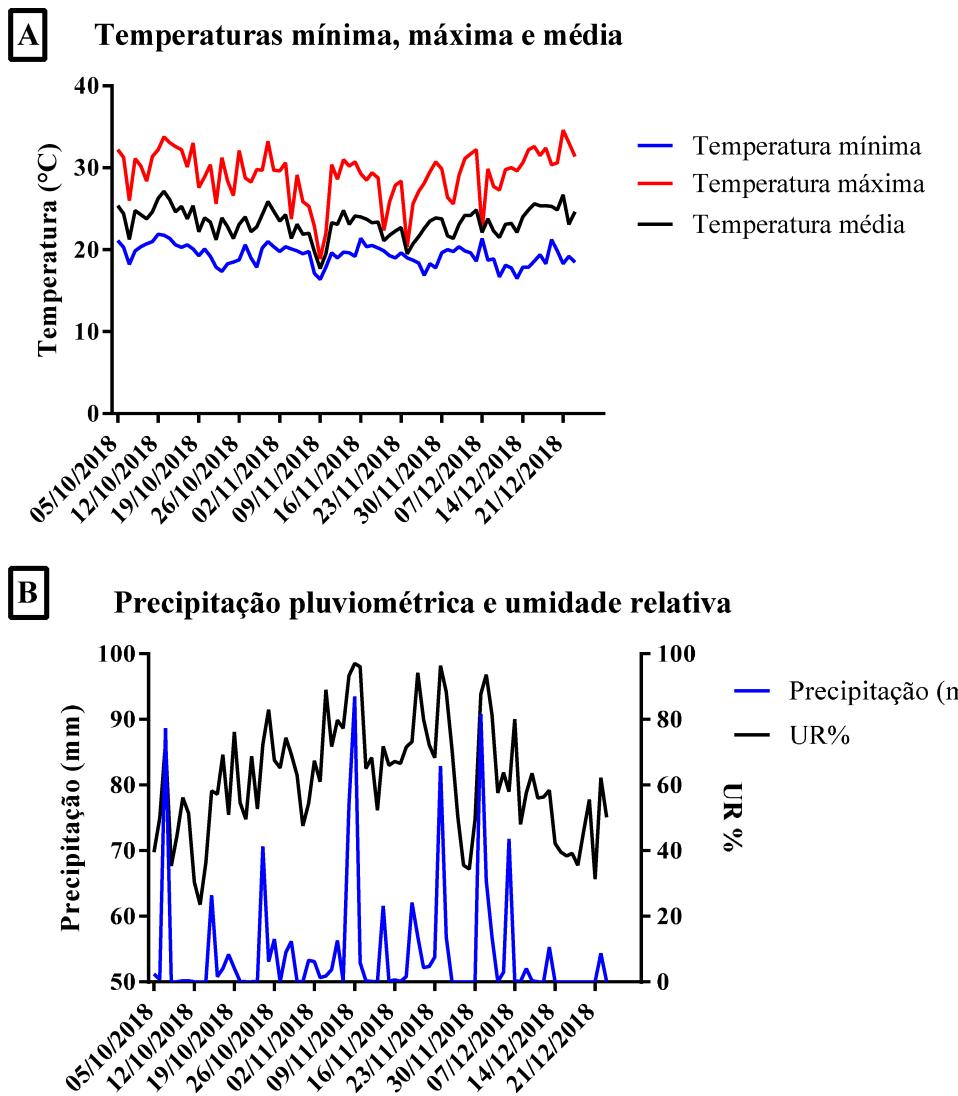


Fig. 2. A) Temperaturas mínima, máxima e média; B) Precipitação pluviométrica e umidade relativa no local do experimento, no período de 05/10/2018 a 23/12/2018. Monte Carmelo, 2018.

Foram avaliadas as seguintes características na fase de florescimento/frutificação:

Índice SPAD: realizado com auxílio do equipamento clorofilômetro modelo Minolta SPAD-502 CFL1030. Possui precisão de $\pm 1,0$ unidade SPAD (para valores entre 0,0 e 50,0 em temperatura/umidade normais). Amostrou-se no período de florescimento/frutificação o centro da terceira folha expandida entre às 7:00 e 9:00 horas da manhã, de quatro plantas por parcela, obtendo-se assim a média da parcela.

Temperatura foliar (°C): realizado a partir do posicionamento de um termômetro infravermelho (modelo 4000, 4GL, Everest Interscience, Tucson, AZ, USA), que possui precisão de $\pm 0,3$ °C em temperaturas na faixa de -10 a 50 °C. Foram amostradas as folhas superiores procurando-se apontar o sensor na posição central da superfície foliar, na terceira folha expandida.

IAF (Índice de área foliar) (m^2m^{-2}): Um veículo aéreo não tripulado (Phantom4 Pro[©] DJI) foi utilizado para capturar as imagens nos pontos de teste de campo em 23 de novembro de 2018. Os planos de voo foram planejados e realizados utilizando o aplicativo DroneDeploy[©], em altura de voo de 50 m com uma velocidade de voo de 3 $m.s^{-2}$ com sobreposição de 173 fotos, utilizando uma câmera visível com resolução de 20 megapixel e uma câmera infravermelho próximo de 12 megapixel (MAPIR). Com as imagens obtidas foram gerados duas ortofotos da área do experimento com o programa Pix4d[©], uma com as imagens tomadas com a câmera visível com GSD (*Ground Sample Distance*) de 1 cm (resolução por pixel), outra com as imagens infravermelho com GSD de 5 cm. O índice de área foliar (IAF) foi obtido pela razão entre área foliar (m^2) e a área da parcela (m^2). A área foi obtida utilizando-se a ortofoto no espectro infravermelho e posteriormente calculada utilizando-se o software *Image J*[©], pela quantificação de *pixels* na imagem ($1\ pixel = 1cm^2$).

No período das colheitas (quando os frutos estavam completamente expandidos), avaliaram-se:

Precocidade: número de dias para início do ciclo produtivo a partir do transplantio em campo.

Produção (kg planta⁻¹): razão entre peso dos frutos colhidos pelo número de plantas da parcela;

Número de frutos (frutos planta⁻¹): razão entre o número total dos frutos pelo número de plantas da parcela;

No final do ciclo produtivo (início da senescência foliar), avaliou-se:

NDVI (Normalized Difference Vegetation Index) e NDRE (Normalized Difference Red Edge Index): Um segundo voo foi realizado, na fase final do experimento (22/12/2018), substituindo-se a câmera MAPIR por uma câmera multi-espectral

(*Micasense Red Edge-M*, Seattle, EUA), acoplada em um kit 3D desenvolvido pela *Sky Flight Robotics*® (Michigan, EUA). A câmera captura cinco imagens com a mesma resolução (1280×800) para cinco bandas (475 nm para Azul com 20 nm de largura de banda calculada, largura de banda média máxima de 560 nm, 560 nm para Verde com 20 nm de largura de banda, 668 nm para Vermelho com 10 nm de largura de banda, 840 nm Infravermelho (NIR) com 40 nm de largura de banda, 717 nm para *Red Edge* com 10 nm de largura de banda). A calibração radiométrica das imagens foi realizada através da captura de imagens de um painel de refletância calibrado a 1 m de altura imediatamente antes e depois do voo. A câmera capturou as imagens em um cartão digital local em arquivos no formato “tif” de 16 bits. Após a captura das imagens usando UAV e a câmera *RedEdge*, as imagens foram processadas usando o software *Agisoft PhotoScan* (www.agisoft.com) para obtenção do mosaico. Os índices NDVI e NDRE de cada parcela foram calculados em software que gera os resultados na nuvem *SOLVI* (solvi.nu), através de quadriculação realizada manualmente (Anexo 1 e Anexo 2).

O Índice de Vegetação por Diferença Normalizada (NDVI, Equação (1)) foi calculado a partir da diferença e da soma dos valores de refletância da banda vermelha e da banda NIR do ortomosaico gerado utilizando a câmera *Micasense RedEdge*.

$$\text{NDVI} = (\text{NIR} - \text{RED}) / (\text{NIR} + \text{RED}) \quad (1)$$

O Índice de Vegetação por Diferença Normalizada do Vermelho Limítrofe, (NDRE, Equação (2)) foi calculado a partir da diferença e da soma dos valores de refletância da banda infravermelha próxima (NIR) e da banda *Red-edge* do ortomosaico gerado utilizando a câmera *Micasense RedEdge*.

$$\text{NDRE} = (\text{NIR} - \text{Red-edge}) / (\text{NIR} + \text{Red-edge}) \quad (2)$$

Utilizou-se um limiar de NDVI entre 0,45 e 0,96 para capturar a refletância das folhas verdes e para excluir a refletância de fundo do solo. Para o NDRE o limiar foi de 0,13 a 0,33.

Foram testadas as pressuposições de Kolmogorov-Smirnov, Bartlett e Aditividade dos blocos. Os dados foram então submetidos à análise de variância, pelo teste F ($p=0,05$). As médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott ($p=0,05$). As variáveis foram correlacionadas entre si, utilizando a correlação de Pearson ($p=0,05$).

Estas análises foram feitas com o *software* R (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2019).

Em seguida, foram realizadas análises multivariadas com o objetivo de determinar a dissimilaridade genética entre os genótipos, obtendo-se a matriz de dissimilaridade pela distância generalizada de Mahalanobis (D_{ii}^2). A divergência genética foi representada por dendrograma obtido pelo método hierárquico *Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages* (UPGMA). A validação do agrupamento pelo método UPGMA foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (CCC), calculado pelo teste de Mantel (1967). A contribuição relativa dos caracteres para divergência foi calculada pelos critérios de SINGH (1981). Os dados obtidos foram analisados utilizando-se o *software* Genes (CRUZ, 2013).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve diferença significativa para as variáveis analisadas exceto temperatura foliar (Scott-Knott, $p=0,05$) (Tabela 2).

Tabela 2. Valores médios de Índice de área foliar (IAF), Precocidade (C), Índice SPAD (SPAD), Produção. planta⁻¹ (PROD), Nº de frutos. Planta⁻¹ (NF), Temperatura foliar (TF), Índice NDVI (NDVI), Índice NDRE (NDRE), para 65 genótipos de *C. pepo*. Monte Carmelo, 2018.

Genótipo	IAF (m ² .m ⁻²)	C (dias)	SPAD	PROD (kg)	NF	TF (°C)	NDVI	NDRE
3	0,26 B	30,00 C	65,05 B	2,03 A	5,70 A	23,73 ^{ns}	0,27 B	0,09 A
4	0,28 B	31,00 C	72,79 A	0,86 B	3,33 A	24,29 ^{ns}	0,30 A	0,09 A
5	0,24 B	37,67 B	92,75 A	0,64 B	2,63 B	25,27 ^{ns}	0,16 B	0,04 B
7	0,22 B	35,00 C	81,44 A	0,82 B	2,72 B	24,8 ^{ns}	0,27 B	0,09 A
8	0,39 A	32,33 C	87,60 A	1,21 A	3,08 A	24,19 ^{ns}	0,39 A	0,13 A
9	0,26 B	37,00 B	48,08 B	0,47 B	1,58 B	23,89 ^{ns}	0,24 B	0,05 B
10	0,50 A	31,00 C	73,79 A	0,64 B	1,67 B	23,18 ^{ns}	0,30 A	0,07 B
11	0,28 B	38,67 B	46,14 B	1,18 A	4,08 A	23,97 ^{ns}	0,22 B	0,06 B
12	0,21 B	34,00 C	53,01 B	0,81 B	2,72 B	25,59 ^{ns}	0,18 B	0,05 B
13	0,45 A	32,33 C	49,06 B	1,44 A	3,58 A	24,57 ^{ns}	0,17 B	0,05 B
14	0,30 B	31,00 C	75,42 A	0,98 B	2,50 B	22,69 ^{ns}	0,27 B	0,07 B
15	0,31 B	36,00 B	82,35 A	0,93 B	2,58 B	24,82 ^{ns}	0,19 B	0,05 B
16	0,26 B	35,00 C	67,86 B	1,09 B	2,30 B	24,76 ^{ns}	0,35 A	0,09 A
17	0,20 B	29,00 C	61,25 B	1,13 A	4,13 A	25,73 ^{ns}	0,18 B	0,06 B
18	0,19 B	37,00 B	91,39 A	0,59 B	1,25 B	27,59 ^{ns}	0,24 B	0,06 B
19	0,31 B	33,00 C	58,16 B	0,84 B	2,42 B	24,98 ^{ns}	0,24 B	0,07 B
20	0,29 B	42,33 A	84,37 A	1,44 A	3,75 A	23,03 ^{ns}	0,34 A	0,11 A
21	0,46 A	35,00 C	62,82 B	0,89 B	2,42 B	23,37 ^{ns}	0,26 B	0,05 B
22	0,21 B	34,67 C	71,45 A	0,74 B	2,75 B	25,03 ^{ns}	0,24 B	0,08 A
23	0,28 B	29,00 C	71,32 A	0,77 B	2,56 B	27,52 ^{ns}	0,24 B	0,04 B
25	0,38 A	34,33 C	64,72 B	0,79 B	2,00 B	28,92 ^{ns}	0,37 A	0,12 A
26	0,28 B	43,67 A	55,81 B	0,53 B	2,64 B	23,47 ^{ns}	0,35 A	0,08 B
27	0,37 A	36,33 B	53,02 B	1,40 A	2,17 B	26,47 ^{ns}	0,33 A	0,08 A
28	0,34 B	38,67 B	71,90 A	1,04 B	2,58 B	26,2 ^{ns}	0,35 A	0,09 A
29	0,33 B	33,00 C	93,85 A	0,69 B	3,17 A	27,38 ^{ns}	0,35 A	0,11 A
30	0,29 B	28,00 C	88,09 A	0,73 B	2,58 B	25,49 ^{ns}	0,40 A	0,13 A
31	0,32 B	32,33 C	76,84 A	1,13 A	3,25 A	25,3 ^{ns}	0,37 A	0,11 A
32	0,24 B	33,00 C	66,19 B	0,55 B	2,33 B	24,8 ^{ns}	0,29 A	0,09 A
33	0,26 B	36,33 B	47,91 B	0,68 B	1,72 B	25,6 ^{ns}	0,25 B	0,09 A
34	0,35 B	33,67 C	83,74 A	1,74 A	4,83 A	26,12	0,33 A	0,07 B
35	0,22 B	35,00 C	76,25 A	0,57 B	1,83 B	25,0 ^{ns}	0,19 B	0,04 B
36	0,32 B	31,00 C	55,62 B	0,85 B	1,75 B	29,45 ^{ns}	0,19 B	0,05 B

Genótipo	IAF (m ² .m ⁻²)	C (dias)	SPAD	PROD (kg)	NF	TF (°C)	NDVI	NDRE
37	0,25 B	31,00 C	76,60 A	1,01 B	3,42 A	24,35 ^{ns}	0,28 B	0,07 B
38	0,33 B	31,00 C	74,75 A	1,35 A	3,08 A	24,77 ^{ns}	0,35 A	0,10 A
39	0,39 A	31,00 C	53,83 B	1,38 A	3,92 A	24,22 ^{ns}	0,31 A	0,08 A
40	0,30 B	29,00 C	60,56 B	1,31 A	3,92 A	27,81 ^{ns}	0,29 A	0,07 B
41	0,23 B	34,33 C	62,28 B	0,92 B	2,00 B	23,43 ^{ns}	0,20 B	0,05 B
42	0,38 A	35,00 C	76,32 A	1,25 A	3,67 A	22,97 ^{ns}	0,45 A	0,16 A
43	0,39 A	36,67 B	76,85 A	0,83 B	2,00 B	23,87 ^{ns}	0,34 A	0,07 B
44	0,26 B	49,00 A	80,19 A	0,35 B	1,50 B	27,07 ^{ns}	0,28 B	0,09 A
45	0,18 B	32,00 C	57,96 B	0,45 B	1,58 B	28,06 ^{ns}	0,26 B	0,06 B
46	0,27 B	35,00 C	72,69 A	0,73 B	1,75 B	27,27 ^{ns}	0,27 B	0,08 B
47	0,24 B	37,00 B	58,10 B	0,37 B	1,47 B	25,03 ^{ns}	0,32 A	0,04 B
48	0,26 B	36,67 B	78,20 A	0,60 B	2,39 B	24,84 ^{ns}	0,27 B	0,08 A
49	0,24 B	37,00 B	73,28 A	0,66 B	1,17 B	26,18 ^{ns}	0,16 B	0,03 B
50	0,17 B	37,00 B	49,17 B	0,33 B	1,08 B	28,16 ^{ns}	0,23 B	0,05 B
51	0,31 B	33,00 C	69,81 A	1,07 B	2,50 B	26,74 ^{ns}	0,33 A	0,09 A
52	0,26 B	33,00 C	69,91 A	1,95 A	3,92 A	26,57 ^{ns}	0,17 B	0,03 B
53	0,30 B	31,00 C	86,21 A	1,59 A	4,58 A	24,54 ^{ns}	0,21 B	0,04 B
54	0,33 B	43,33 A	61,81 B	0,66 B	1,75 B	22,63 ^{ns}	0,31 A	0,08 A
55	0,45 A	43,33 A	79,91 A	0,42 B	1,75 B	25,79 ^{ns}	0,36 A	0,10 A
56	0,28 B	38,67 B	78,66 A	1,07 B	3,17 A	25,08 ^{ns}	0,26 B	0,07 B
57	0,46 A	34,33 C	55,48 B	1,05 B	2,50 B	24,72 ^{ns}	0,30 A	0,10 A
58	0,28 B	28,00 C	63,65 B	0,93 B	3,42 A	24,11 ^{ns}	0,23 B	0,05 B
59	0,29 B	33,00 C	83,45 A	0,17 B	0,92 B	27,37 ^{ns}	0,26 B	0,06 B
60	0,39 A	36,33 B	64,64 B	0,77 B	2,42 B	23,99 ^{ns}	0,33 A	0,08 A
61	0,30 B	47,00 A	66,96 B	0,64 B	1,17 B	26,41 ^{ns}	0,36 A	0,09 A
62	0,30 B	33,00 C	73,08 A	0,64 B	2,50 B	24,23 ^{ns}	0,19 B	0,06 B
63	0,43 A	30,00 C	58,04 B	1,34 A	2,92 B	26,07 ^{ns}	0,24 B	0,06 B
64	0,55 A	34,33 C	82,88 A	1,43 A	4,11 A	25,1 ^{ns}	0,33 A	0,11 A
65	0,51 A	28,00 C	67,22 B	2,37 A	4,25 A	23,95 ^{ns}	0,44 A	0,13 A
66	0,50 A	31,00 C	86,72 A	1,65 A	3,25 A	24,82 ^{ns}	0,38 A	0,12 A
67	0,37 A	29,00 C	85,31 A	1,47 A	3,67 A	22,78 ^{ns}	0,32 A	0,08 A
68	0,46 A	33,00 C	91,61 A	1,29 A	3,50 A	24,74 ^{ns}	0,45 A	0,13 A
69	0,41 A	32,00 C	95,01 A	1,26 A	2,25 B	24,54 ^{ns}	0,40 A	0,11 A
Kolmogorov-Smirnov	0,371	0,009 ^{ns}	0,641	0,019 ^{ns}	0,457	0,371	0,09	0,03 ^{ns}
Bartlett	0,30	0,00 ^{ns}	0,56	0,104	0,1389	0,28	0,15	0,80
Aditividade (bloco)	0,13	0,11	0,12	0,0006 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,45	0,22	0,03 ^{ns}

*Médias seguidas de letras distintas, nas colunas, não diferem estatisticamente entre si, pelo teste de Scott-knott, a 0,05 de significância

ns = Não significativo

Os seguintes genótipos apresentaram os maiores índices de área foliar: 8, 10, 13, 21, 25, 27, 39, 42, 43, 55, 57, 60, 63, 64, 65, 66, 67, 68 e 69. O índice de área foliar está intimamente associado com os processos fisiológicos que ocorrem nas plantas, tais como: interceptação da radiação solar e trocas gasosas no processo fotossintético, acúmulo de biomassa, transpiração e a emissão de metabólitos voláteis. É um excelente indicador do desenvolvimento e sanidade da cultura e é usado como uma variável de entrada para modelos de previsão de crescimento de safra e rendimento. Portanto, a folha é um parâmetro vital na fenotipagem de plantas (JONCKHEERE et al., 2004; KANDIANNAN et al., 2009; LABBAFI et al., 2017; QIU et al., 2018).

Processos como deposição de elementos, interceptação de chuva, evaporação e suscetibilidade a danos causados pelo vento são em parte também dependentes do IAF. A produção e a qualidade dos frutos dependem de relacionamentos adequados entre a fonte e o coletor. Carboidratos translocados de folhas ou órgãos de reserva são os mais importantes para o crescimento e desenvolvimento de órgãos coletores, principalmente frutos (PATIL et al., 2018).

Os genótipos que iniciaram a produção mais cedo foram: 3, 4, 7, 8, 10, 12, 13, 14, 16, 17, 19, 21, 22, 23, 29, 30, 31, 32, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 45, 46, 51, 52, 53, 57, 58, 59, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68 e 69. A obtenção de ciclos precoces é uma característica importante aos produtores brasileiros em regiões frias (Sul e sudeste) para evitar perdas causadas por geadas e em regiões secas (centro-oeste e nordeste) para escapar de secas. A precocidade também está relacionada com colheitas mais rápidas, menor vulnerabilidade da planta no campo a estresses bióticos e abióticos, menores gastos com irrigação, adubação e outros insumos.

O índice SPAD nos genótipos 4, 5, 7, 8 10, 14, 15, 18, 20, 22, 23, 28, 29, 30, 31, 34, 35, 37, 38, 42, 43, 44, 46, 48, 49, 51, 52, 53, 55, 56, 59, 62, 64, 66, 67, 68 e 69 apresentaram os maiores valores. Pôrto et al. (2011), avaliaram o índice SPAD em *C. pepo* cv. Caserta, em doses crescentes de nitrogênio. Os valores dos níveis críticos estimados para o índice SPAD foram de 55,62 unidades SPAD. O nível crítico de índice SPAD obtido para a cultura da abobrinha-italiana se encontrou próximo à faixa de valores de níveis críticos de índice SPAD (associados com a máxima produtividade) relatados por Swiader e Moore (2002) para a mesma cultura. Esses autores encontraram valores de 56,7 e de 59,0 unidades determinados em folhas novas recentemente

expandidas, durante a fase de antese, em cultivos de sequeiro e sob irrigação, em experimentos realizados em Urbana, Illinois, nos Estados Unidos. No presente trabalho este índice variou de 46,4 a 95,01, com uma média de 70,79 acima do encontrado pelos autores citados.

Os genótipos 3, 8, 11, 13, 17, 20, 27, 31, 34, 38, 39, 40, 42, 52, 53, 63, 64, 65, 66, 67, 68 e 69 obtiveram as maiores produções. Em relação ao número de frutos. planta⁻¹, os maiores números foram encontrados nos genótipos: 3, 4, 8, 11, 13, 17, 20, 29, 31, 34, 37, 38, 39, 40, 42, 52, 53, 56, 58, 64, 65, 66, 67 e 68. Para temperatura foliar, não foi encontrada diferença significativa entre os genótipos avaliados.

Os genótipos que obtiveram os maiores índices NDVI foram: 4, 8, 10, 16, 20, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 34, 38, 39, 40, 42, 43, 47, 51, 54, 55, 57, 60, 61, 64, 65, 66, 67, 68 e 69. Já para o índice NDRE, os genótipos que obtiveram os maiores índices foram: 3, 4, 7, 8, 16, 20, 25, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 38, 39, 42, 44, 48, 51, 54, 55, 57, 60, 61, 64, 65, 66, 67, 68 e 69. Os valores de NDVI variaram de 0,16 a 0,45, com valor médio de 0,29. Os valores de NDRE variaram de 0,03 a 0,16, com valor médio de 0,08.

O índice de vegetação mais utilizado para realizar fenotipagem com imagens aéreas é o NDVI. Este índice relaciona-se à sanidade e arquitetura do dossel, isto é, área foliar e biomassa (POTGIETER et al., 2017). O índice NDRE é altamente correlacionado com o conteúdo de clorofila dentro das plantas e, portanto, é um bom indicativo para a capacidade fotossintética (GITELSON et al., 2003).

Os genótipos que apresentaram a combinação de todas as variáveis desejáveis de elevada produção. planta⁻¹, número de frutos. planta⁻¹, precocidade, elevado índice de área foliar, NDVI e NDRE foram: Abobrinha 11#1 (8), Abobrinha 78#1 (39), Abobrinha 85#1 (42), UFU-E (64), UFU-B (65), UFU-C (66), PX13067051 (67), UFU-G (68).

O desenvolvimento de genótipos mais produtivos em futuros programas de melhoramento depende da variabilidade genética disponível em bancos de germoplasma e para a seleção de melhores genitores é importante que se conheça a dissimilaridade genética entre os genótipos (BERTAN et al., 2006; KOUNDINYA et al., 2013). Na visualização da diversidade genética por meio de dendrograma (Figura 3), os genótipos foram agrupados de acordo com o método da ligação média entre grupo (UPGMA).

Para tal, o valor de correlação cofenética (CCC) foi de 63% ($p=0,01$), indicando a validação do método de agrupamento.

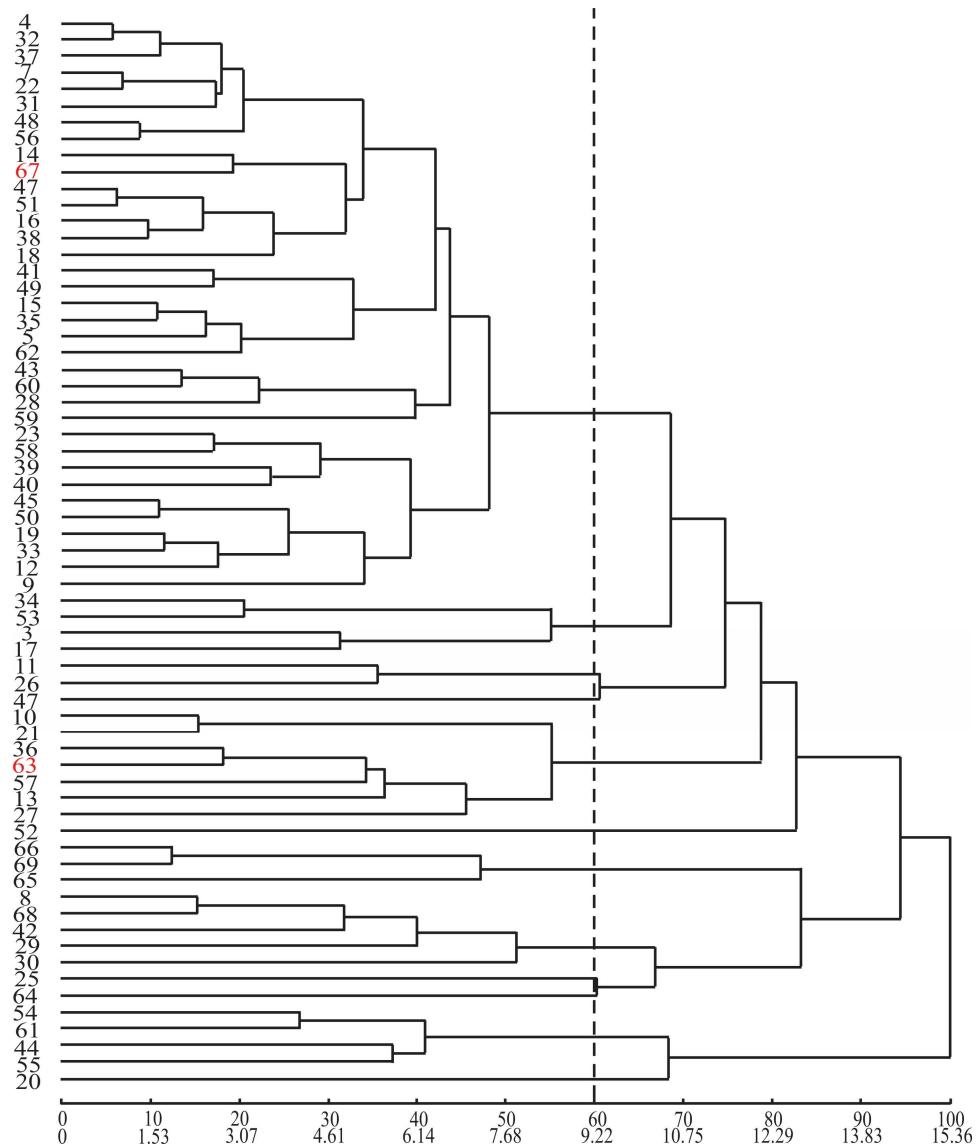


Fig. 3. Dendrograma ilustrativo da análise de 65 genótipos de *C. pepo* pelo método da ligação média entre grupo (UPGMA) obtido com a distância generalizada de Mahalanobis (D_{ij}^2). Monte Carmelo, 2018.

A separação dos grupos foi realizada pela delimitação de uma linha de corte considerando 60% de dissimilaridade entre os genótipos. A linha de corte foi estabelecida no local em que se observou mudança abrupta nas ramificações presentes no dendrograma (CRUZ et al., 2012). Com este corte os genótipos constituíram 12 grupos distintos.

O primeiro grupo foi formado por aproximadamente 54% dos genótipos, incluindo a testemunha comercial PX13067051. O segundo grupo foi formado por aproximadamente 6% dos genótipos. O terceiro grupo consistiu em aproximadamente 3% genótipos. O quinto grupo consistiu em aproximadamente 11% dos genótipos incluindo a testemunha comercial “tronco caserta”. O sétimo grupo consistiu de aproximadamente 5% dos genótipos. O oitavo grupo de aproximadamente 8% dos genótipos. O décimo primeiro grupo consistiu de 6% dos genótipos. O quarto, sexto, nono, décimo e décimo segundo grupo são compostos, cada um, por um único genótipo.

Baseado no critério proposto por Singh (1981) observou-se que as características mais importantes para discriminação dos genótipos em ordem crescente foram: índice de área foliar (49,70%), precocidade (9,46%), NDRE (9,32%), Produção. planta⁻¹ (7,98%), Número de frutos. planta⁻¹ (7,66%), Índice SPAD (7,22%), NDVI (4,76%) e temperatura foliar (3,90%), (Tabela 3).

Tabela 3. Contribuição relativa dos caracteres para divergência (SINGH, 1981). Monte Carmelo, 2018.

VARIÁVEL	S.J	S.J(%)
Precocidade	3651,04	9,46
Produção. planta ⁻¹	3078,12	7,98
Número de frutos. planta ⁻¹	2954,85	7,66
Índice de área foliar	19170,55	49,70
Índice SPAD	2786,00	7,22
Temperatura foliar	1503,61	3,90
NDVI	1835,56	4,76
NDRE	3596,64	9,32
Total	38576,36	100,00

A maior contribuição relativa é referente ao índice de área foliar na discriminação dos genótipos avaliados (49,70%). Isto demonstra a grande importância da avaliação desta característica em campo para futuros programas de melhoramento. Este fato corrobora com a utilização de imagens obtidas por drones economizando tempo e mão de obra na obtenção destes dados.

Exemplificando a variabilidade desta espécie, Priori et al. (2013), utilizando marcadores do tipo microssatélite para germoplasma de *C. pepo* (10 acessos) na região sul do Brasil, encontraram elevada variabilidade genética e separação em grupos distintos pelo método de agrupamento da distância média UPGMA. Dos 35 *primers* testados, 87,5% amplificaram.

A elevada variabilidade genética detectada nesta espécie para as características estudadas apresenta similaridade com revisão de Paris (2001), que relata que a espécie *C. pepo* apresenta a maior variabilidade genética para características morfológicas de fruto no reino vegetal. Esta variação, por conseguinte, é responsável pela maior multiplicidade de usos entre as espécies cultivadas de *Cucurbita* sp., que incluem desde a alimentação até o uso ornamental (HEIDEN et al., 2007).

O índice de área foliar (IAF) apresentou correlação positiva com produção. planta⁻¹ (0,54) e número de frutos. planta⁻¹ (0,45) (Tabela 4). Características extremamente relevantes no melhoramento de abobrinha-italiana. O índice de vegetação NDVI e NDRE foi bem correlacionado com o IAF: 0,58 e 0,60, respectivamente. Estes índices demonstram sensibilidade a alterações no dossel quando o IAF é baixo (isto é, durante o estágio inicial), com o sinal tornando-se saturado quando o dossel da cultura fecha (INMAN et al., 2008; MARTI et al., 2007).

Tabela 4. Coeficientes de correlação de Pearson ($p=0,05$) entre os caracteres avaliados. Monte Carmelo, 2018.

	PROD*	NF	TF	IAF	C	SPAD	NDVI	NDRE
PROD	1	0.86	-0.06	0.54	-0.39	0.19	0.32	0.40
NF		1	-0.11	0.45	-0.43	0.22	0.26	0.36
TF			1	-0.05	-0.02	0.20	-0.03	0.01
IAF				1	-0.29	0.22	0.58	0.60
C					1	-0.17	-0.12	-0.15
SPAD						1	0.23	0.26
NDVI							1	0.86
NDRE								1

* Índice de área foliar (IAF), Precocidade (C), Índice SPAD (SPAD), Produção. planta⁻¹ (PROD), Nº de frutos. planta⁻¹ (NF), Temperatura foliar (TF), Índice NDVI (NDVI), Índice NDRE (NDRE).

A correlação entre Índice de área foliar e produção. planta⁻¹ (0,54), número de frutos. planta⁻¹ (0,45), NDVI (0,58) e NDRE (0,60) demonstra a importância da seleção via imagem, o que traz grandes benefícios ao programa de melhoramento como economia de tempo e mão de obra. Como esperado os índices NDVI e NDRE apresentaram elevada correlação positiva entre si: 0,86 (Tabela 4).

Características simples como altura da planta e cobertura do dossel, mensurados usando imagens aéreas para monitorar o crescimento das culturas podem ser utilizados para estimar o rendimento final. Como exemplo, Bendig et al. (2014) mensuraram a altura das plantas a partir do modelo da superfície da cultura gerada por imagens RGB, utilizado para desenvolver modelos de regressão para predizer a biomassa e o melhor modelo obteve um erro relativo de 54,04%. Huang et al. (2016), usaram imagens aéreas RGB em baixa altitude para estimar a altura e o rendimento de plantas de algodão, e encontraram elevada correlação entre a cobertura das plantas de algodão com produção. UlasSenyigit et al. (2013), em trabalho com macieiras encontraram correlação linear extremamente alta ($r = 0,99$, $n = 16$) obtida entre os rendimentos de frutos e os valores do índice de área foliar.

Em trabalho de Aboelghar et al. (2011), os autores demonstraram que modelos gerados por índice de área foliar e índices baseados no infravermelho (como o NDVI) puderam ser aplicados para prever a produção de arroz no delta do Nilo egípcio e também para a estimativa da produção de arroz em qualquer área produtora de arroz com condições similares à área de estudo, antecipadamente, mais de um mês antes da colheita, com o NDVI ($R^2 = 0,85$) e o índice de área foliar ($R^2 = 0,95$) apresentando elevada correlação linear com a produção encontrada.

Em trabalho de Zhao et al. (2007) na cultura do algodão verificaram que o NDVI possui alta correlação linear ($R^2 > 0,6$) com o índice de área foliar (IAF). Como o NDVI e o IAF estão correlacionados com a cobertura do dossel, uma relação linear foi encontrada entre o NDVI e a cobertura do dossel. O coeficiente de determinação (R^2) foi baixo (0,33 a 0,48) devido, entre outros fatores a coleta de dados ter sido realizada no estádio vegetativo tardio, onde a correlação entre o IAF e o NDVI sofreu depreciação. Outra razão do baixo R^2 pode ser devido ao plantio tardio que fez com que as plantas de algodão crescessem de forma diferente do crescimento normal. A relação linear tornou-se fraca após o dossel totalmente fechado devido à desfolha das folhas.

No presente trabalho, a produção apresenta elevada correlação positiva com o número de frutos. planta⁻¹ (0,86), correlação positiva com NDVI (0,32) e NDRE (0,40). Em relação à precocidade a correlação foi de -0,39; demonstrando que ciclos precoces estão relacionados com menores produções em abobrinha-italiana. Os índices SPAD (0,19) e temperatura foliar (-0,06) apresentaram baixas correlações com produção. Em relação ao número de frutos, este apresentou correlações positivas com SPAD (0,22), NDVI (0,26) e NDRE (0,36). Apresentou correlação negativa com temperatura foliar (-0,11) e precocidade (-0,43). Temperatura foliar apresentou correlação com índice SPAD (0,20), porém baixas correlações com as demais variáveis (Tabela 4).

Spitkó et al. (2016) encontraram uma relação entre o NDVI e o rendimento após a antese na cultura do milho; no entanto, o coeficiente de correlação foi menor que 0,5 (r). Tubaña et al. (2012) também estabeleceram uma relação entre o NDVI relativo e o rendimento relativo (ao respectivo máximo) na diferenciação da panícula em arroz. Da mesma forma, o coeficiente de determinação foi menor que 0,5. Enquanto isso, Liu et al. (2019) confirmaram relação relativamente estável entre o NDVI e o rendimento de grãos em arroz durante grandes períodos de crescimento com valores de R² variando de 0,6 a 0,65.

Pôrto et al. (2011) para a cultura da abobrinha-italiana verificaram elevadas correlações de R²= 0,96 (p<0,001) entre índice SPAD e teor de clorofila total, R²= 0,93 (p<0,001) entre índice SPAD e teor de N total, e R²= 0,96 (p<0,001) entre teor de clorofila total e teor de N total. Esses resultados indicam a possibilidade de utilização do medidor portátil SPAD-502 na avaliação indireta do teor de clorofila total e na caracterização do estado de N na cultura da abobrinha-italiana, consequentemente da produtividade. Entretanto no presente trabalho as correlações de SPAD e produção foram baixas (0,19).

A imagem RGB do experimento (primeiro vôo) pode ser vista na Figura 4. O ortomosaico representa o início da fase de floração / frutificação.



Fig. 4. Ortofoto do experimento em RGB, obtida no primeiro voo. Monte Carmelo, 2018.

Este estudo demonstrou a eficiência do uso de imagens aéreas multiespectrais para estimar o Índice de área foliar. Ao analisar a imagem no espectro infravermelho obtido no primeiro voo, em pleno desenvolvimento vegetativo e de produção puderam-se observar diferenças quanto ao vigor vegetativo entre os genótipos avaliados (Figura 5).

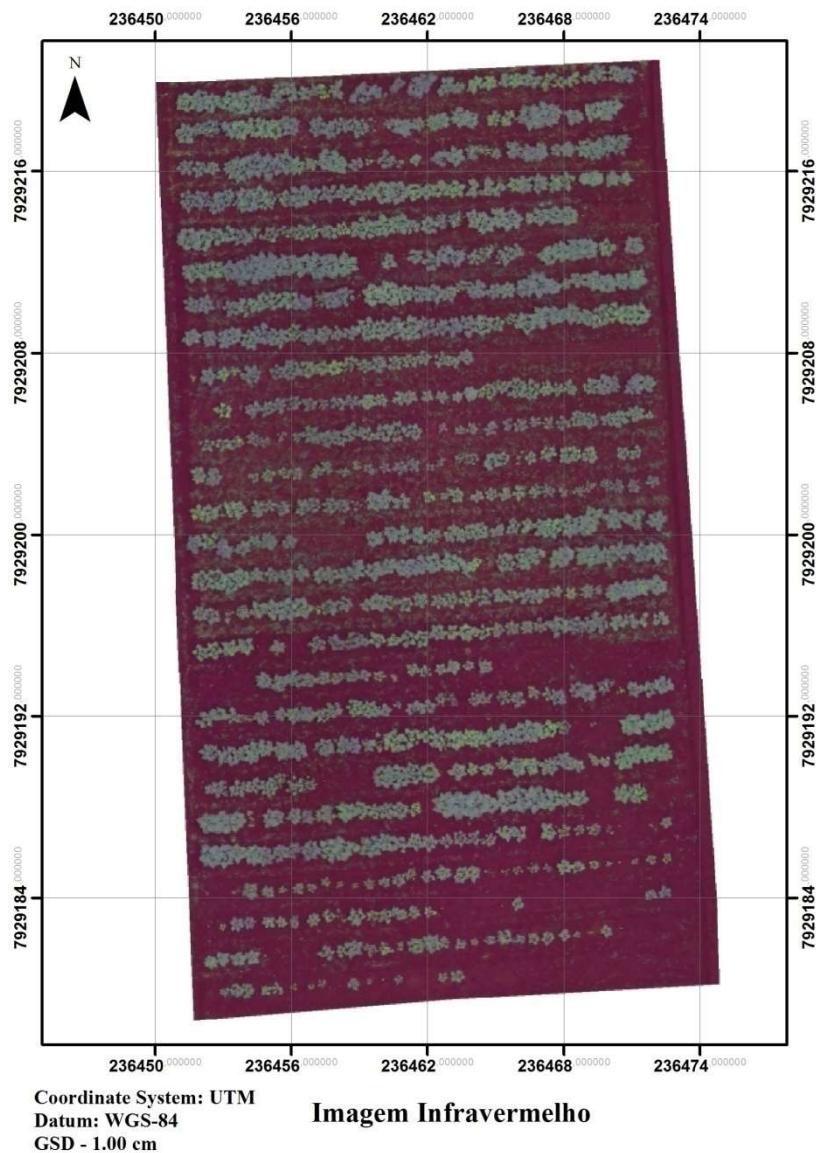


Fig. 5. Ortofoto do experimento em Infravermelho, obtida no primeiro voo. Monte Carmelo, 2018.

Calcular a área foliar através da contagem de *pixels* é um método comum. An et al. (2016) usaram câmeras digitais coloridas para estimar o comprimento das folhas e a área das rosetas, computando o número total de *pixels*.

Através do índice NDVI foi possível separar as plantas em relação ao fundo do solo (Latossolo vermelho). Este fato foi também observado por Díaz-Varela et al. (2015), no qual o NDVI pôde ser usado para separar a copa de árvores de oliveira (*Olea europaea* L.) em relação ao fundo do solo com o uso de imagens aéreas. Métodos atuais para estimar o índice de área foliar (IAF) envolvem amostragem destrutiva e não são práticos em programas de melhoramento. Tecnologias de drones e sensores proximais abrem novas oportunidades para avaliar esses traços várias vezes em grandes ensaios com pequenas parcelas (POTGIETER et al., 2017).

Os genótipos avaliados neste experimento apresentam o hábito de crescimento do tipo “moita”, com folhas sobrepostas em várias camadas, expressadas pelo “gene Bu” (*Bush*) (WU et al., 2007). Este fato é extremamente relevante no que tange a quantificação de área foliar, pois dificulta a quantificação do índice de área foliar (somatória da área de todas as folhas por unidade de área).

Diversos autores que utilizaram câmeras digitais acopladas em um UAV para estimar a área da planta encontraram desafios parecidos como Ribera et al. (2016). Estes estimaram linhagens de sorgo com o uso de imagens, que foram organizadas em mosaicos e segmentadas para verificar a localização do centro da planta, avaliar o número de folhas e o ângulo foliar. Neste estudo as folhas da planta que estavam conectadas entre si levaram a dificuldades na avaliação das plantas individualmente.

Para contornar este problema, Scharr et al. (2016) e Pape e Klukas (2015) conduziram estudos sobre segmentação de folhas sobrepostas. As folhas de plantas em formato de roseta foram abstraídas e distâncias euclidianas foram calculadas gerando um “esqueleto” da imagem. Pontos centrais da folha, pontos finais e de ramificação do “esqueleto”, foram verificados para detectar as linhas divisórias. Com esta metodologia as folhas em sobreposição foram separadas com sucesso.

No segundo voo as imagens obtidas e processadas para estimativas do NDVI e NDRE são observadas na Figura 6.

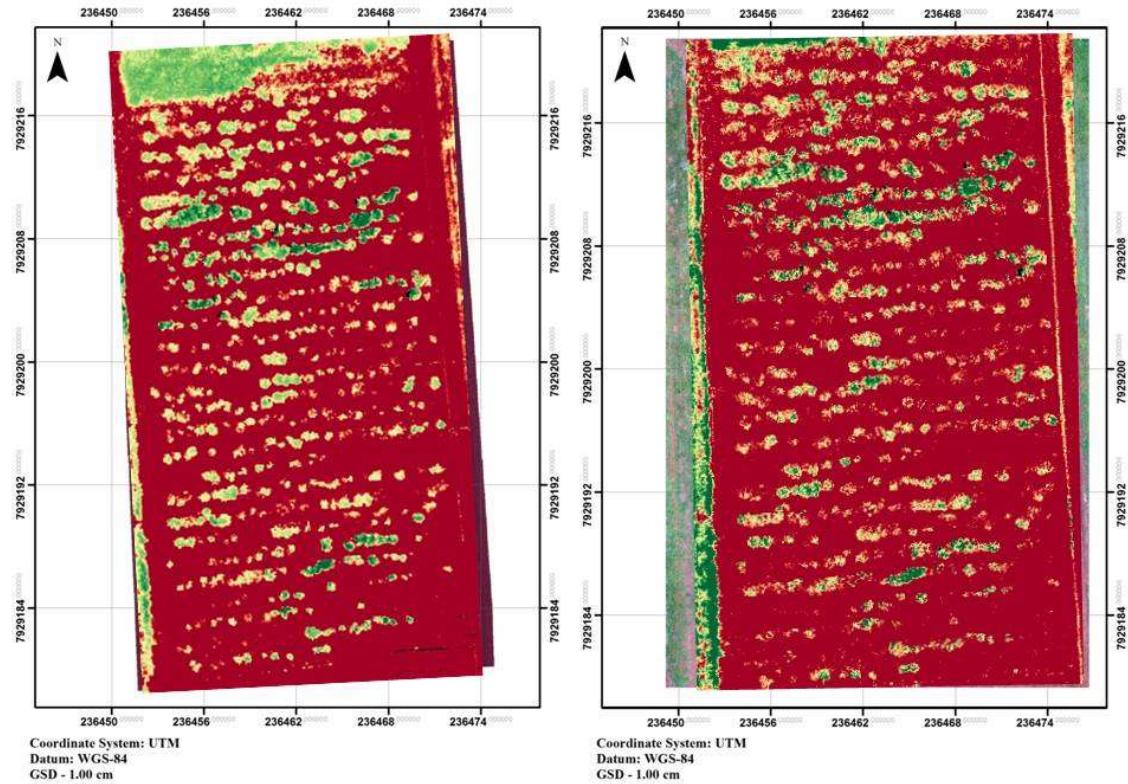


Fig. 6. Índice NDVI, à esquerda, e NDRE, à direita, no final do ciclo produtivo. Monte Carmelo, 2018.

Nas imagens obtidas no segundo voo (final do ciclo produtivo), ainda é possível fazer uma diferenciação dos genótipos, mesmo com a progressão da senescência foliar (Figura 5). Os genótipos 8, 25, 27, 39, 42, 55, 57, 60, 64, 65, 66, 67, 68 e 69 obtiveram valores elevados de IAF e valores elevados de NDVI e NDRE.

Ao analisar a Figura 7 a imagem do espectro NDVI e NDRE demonstra que há coerência entre os resultados obtidos pelos sensores quando comparado à imagem RGB. Nela é visível a diferença entre os genótipos 38, 68 e 64 no espectro visível (RGB). Estas diferenças se acentuam quando calculados os índices NDVI e NDRE. Não há diferença estatística entre os genótipos 68 e 64 para todas as variáveis analisadas. Já o genótipo 38 apresentou menor IAF em relação aos demais.

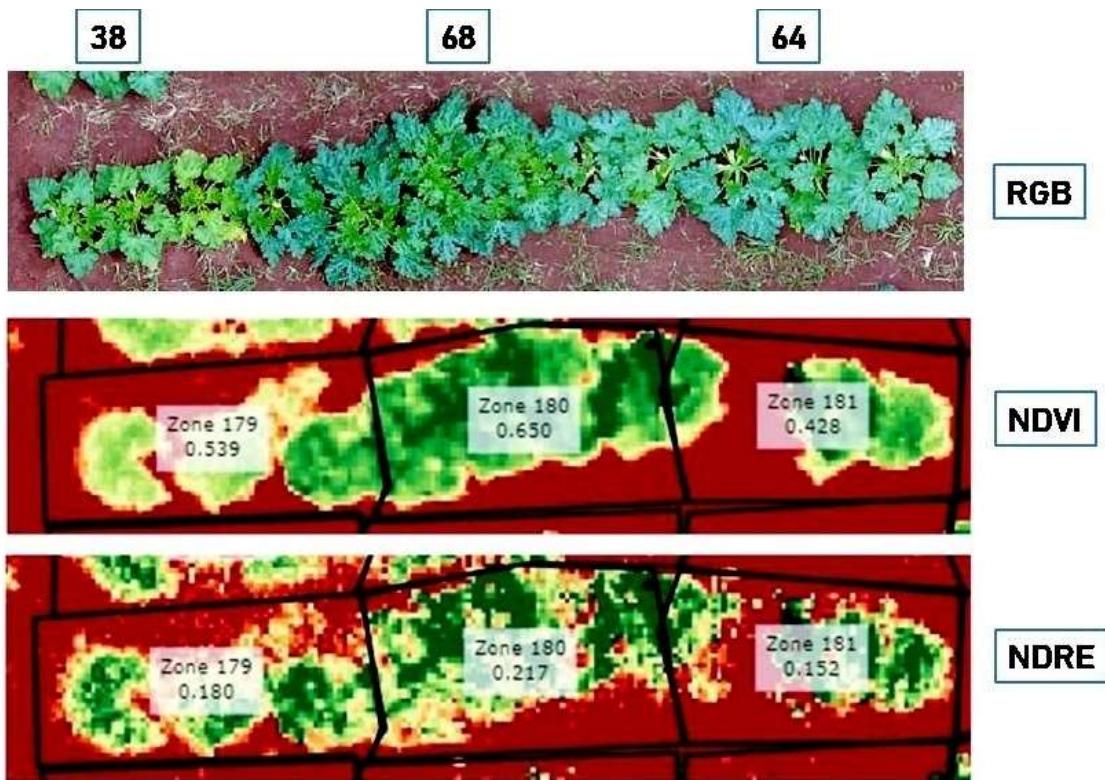


Fig. 7. Genótipos 38, 68 e 64, no Bloco 1. De cima para baixo, foto em RGB e mensuração dos índices NDVI e NDRE. Monte Carmelo, 2018.

O NDVI é influenciado pelas diferentes condições climáticas, como temperatura e regime hídrico (CRUSIOL et al., 2016; FORKEL et al., 2013). O ângulo de visão do sensor, o ângulo solar, a calibração radiométrica e o solo também influenciam a refletância do dossel da cultura, por isso a seleção dos instrumentos ideais e condições de medição para monitorar e prever os parâmetros de crescimento da cultura é crucial (MULLA, 2013). Em grandes programas de melhoramento, estimativas precisas de biomassa não destrutiva podem ser úteis na seleção, particularmente se forem rápidas, baratas e fáceis de realizar (DUAN et al., 2017).

O processo de fenotipagem pode requerer um grande esforço humano, além do fato de que a avaliação de algumas variáveis em certos ambientes limita o rendimento deste processo. Isto é descrito por Furbank e Tester, (2011) como um dos gargalos do processo de fenotipagem. Em particular este processo é demorado e, como tal, bastante caro. A utilização da avaliação por imagens é uma grande ferramenta para contornar estes entraves por ser não invasivas, serem rápidas e com elevada correlação para

características anatômicas, fisiológicas e bioquímicas das plantas (GUO e ZHU, 2014; WALTER et al., 2015).

No entanto, uma desvantagem comum ou limitação de sensores ópticos é a grande quantidade e a complexidade dos dados coletados. Nesse contexto, os métodos de mineração de dados estão sendo constantemente introduzidos nas ciências agrárias e estão se tornando uma tecnologia fundamental (MAHLEIN, 2015; NEGIN e MOSHELION, 2017).

Cada vez mais, o uso de imagens aéreas para seleção utilizando veículos aéreos não tripulados (UAVs) com uma variedade de sensores diversos, torna-se disponíveis e permitem aos pesquisadores monitorarem o desempenho genotípico em parcelas experimentais. O avanço adicional da fenotipagem de plantas pode se beneficiar do desenvolvimento de disciplinas como sensoriamento remoto, robótica, visão computacional e inteligência artificial (FIORANI e SCHURR, 2013).

4 CONCLUSÕES

Os genótipos Abobrinha 11#1 (8), Abobrinha 78#1 (39), Abobrinha 85#1 (42), UFU-E (64), UFU-B (65), UFU-C (66), PX13067051 (67), UFU-G (68) demonstraram elevado potencial agronômico.

O banco de germoplasma analisado possui variabilidade genética.

O uso da fenotipagem por imagem a partir do uso dos sensores NDVI e NDRE foi eficiente para identificar genótipos com diversidade para vigor de plantas em *C. pepo*.

REFERÊNCIAS

ABOELGHAR, M.; ARAFAT, S.; ABO YOUSEF, M.; EL-SHIRBENY, M.; NAEEM, S.; MASSOUD, A.; SALEH, N. Using SPOT data and leaf area index for rice yield estimation in Egyptian Nile delta. **The Egyptian Journal of Remote Sensing and Space Sciences**, [s.l.], v. 14, n. 2, p. 81-89, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ejrs.2011.09.002>.

AN, N.; PALMER, C.M.; BAKER, R.L.; MARKELZ, R.J.C.; TA, J.; COVINGTON, M.F.; MALOOF, J. N.; WELCH, S. M.; WEINIG, C. Plant high-throughput phenotyping using photogrammetry and imaging techniques to measure leaf length and rosette area. **Computers and Electronics in Agriculture**, [s.l.], v. 127, p. 376–394, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.compag.2016.04.002>.

BENDIG, J.; BOLTEN, A.; BENNERTZ, S.; BROSCHET, J.; EICHFUSS, S.; BARETH, G. Estimating Biomass of Barley Using Crop Surface Models (CSMs) Derived from UAV-Based RGB Imaging. **Remote Sensing**, [s.l.], v. 6, n.11, p. 10395–10412, 2014. DOI: <https://doi.org/10.3390/rs61110395>.

BERTAN, I; CARVALHO, FIF; OLIVEIRA, AC; SILVA, JAG; BENIN, G; VIEIRA, EA; SILVA, GO; HARTWIG, I; VALÉRIO, IP; FINATTO, T. Dissimilaridade genética entre genótipos de trigo avaliados em cultivo hidropônico sob estresse por alumínio. **Bragantia**, Campinas, v. 65, p. 55-63, 2006. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052006000100008>.

CRUSIOL, L. G. T.; CARVALHO, J. F. C.; SIBALDELLI, R. N. R.; NEIVERTH, W.; RIO, A.; FERREIRA, L. C.; PROCÓPIO, S. O.; MERTZ-HENNING, L. M.; NEPOMUCENO, A. L.; NEUMAIER, N.; FARIA, J. R. B. NDVI variation according to the time of measurement, sampling size, positioning of sensor and water regime in different soybean cultivars. **Precision Agriculture**, [s.l.], v. 18, p. 1–21, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11119-016-9465-6>.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012.

CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta scientiarum**, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>

DÍAZ-VARELA, R.; DE LA ROSA, R.; LEÓN, L.; ZARCO-TEJADA, P. High-resolution airborne uav imagery to assess olive tree crown parameters using 3d photo reconstruction: Application in Breeding Trials. **Remote Sensing**, [s.l.], v. 7, n. 4, p. 4213-4232, 2015. DOI: <https://doi.org/10.3390/rs70404213>.

DUAN, T.; CHAPMAN, S.C.; GUO, Y.; ZHENG, B. Dynamic monitoring of NDVI in wheat agronomy and breeding trials using an unmanned aerial vehicle. **Field crops research**, [s.l.], v. 210, p. 71–80, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2017.05.025>.

FORKEL, M.; CARVALHAIS, N.; VERBESSELT, J.; MAHECHA, M. D.; NEIGH, C. S. R.; REICHSTEIN, M. Trend change detection in NDVI time series: effects of inter-

annual variability and methodology. **Remote Sensing**, [s.l.], v. 5, p. 2113–2144, 2013. DOI: <https://doi.org/10.3390/rs5052113>.

FORMISANO, G.; ROIG C.; ESTERAS, C.; ERCOLANO, M. R.; NUEZ, F.; MONFORTE, A. J.; PICÓ, M. B. Genetic diversity of Spanish *Cucurbita pepo* landraces: an unexploited resource for summer squash breeding. **Genetic Resources and Crop Evolution**, [s.l.], 59, p. 1169-1184, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10722-011-9753-y>.

FURBANK, R.T.; TESTER, M. Phenomics: technologies to relieve the phenotyping bottleneck. **Trends in plant science**, [s.l.], v. 16, p. 635–644, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2011.09.005>.

GITELSON, A. A.; GRITZ, Y.; MERZLYAK, M. N. Relationships between leaf chlorophyll content and spectral reflectance and algorithms for non-destructive chlorophyll assessment in higherplant leaves. **Journal of Plant Physiology**, [s.l.], v. 160, p. 271–282, 2003. DOI: <https://doi.org/10.1078/0176-1617-00887>.

GUO, Q.; ZHU, Z. Phenotyping of Plants. In: ENCYCLOPEDIA of Analytical Chemistry. Amsterdam: Elsevier, 2014. p. 1-15.

HAGHIGHATTALAB, A.; GONZÁLEZ PÉREZ, L.; MONDAL, S.; SINGH, D.; SCHINSTOCK, D.; RUTKOSKI, J.; ORTIZ-MONASTERIO, I.; SINGH, R. P.; GOODIN, D.; POLAND, J. Application of unmanned aerial systems for high throughput phenotyping of large wheat breeding nurseries. **Plant Methods**, [s.l.], v.12, n. 35, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13007-016-0134-6>.

HEIDEN, G.; BARBIERI, R.L.; NEITZKE, R. S. **Chave para identificação das espécies de abóboras (Cucurbita, Cucurbitaceae) cultivadas no Brasil**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2007.

HUANG, Y.; BRAND, H. J.; SUI, R.; THOMSON, S.J.; FURUKAWA, T.; WAYNE, E. M. Cotton yield estimation using very high-resolution digital images acquired with a low-cost small unmanned aerial vehicle. **Transactions of the ASABE**, [s.l.], v. 59, n. 6, 2016. DOI: <https://doi.org/10.13031/trans.59.11831>.

INMAN, D.; KHOSLA, R.; REICH, R.; WESTFALL, D. G. Normalized difference vegetation index and soil color-based management zones in irrigated maize. **Agronomy journal**, [s.l.], v. 100, p. 60–66, 2008. DOI: <https://doi.org/10.2134/agronj2007.0020>

JONCKHEERE, I.; FLECK, S.; NACKAERTS, K.; MUYS, B.; COPPIN, P.; WEISS, M.; BARET, F. Review of methods for *in situ* leaf area index determination. **Agricultural and Forest Meteorology**, [s.l.], v. 121, p. 19–35, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2003.08.001>.

JOHANN, J. A.; ROCHA, J. V.; DUFT, D. G.; LAMPARELLI, R. A. C. Estimation of summer crop areas in the state of Paraná, Brazil, using multitemporal EVI/Modis images. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 9, p. 1270–1278, 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2012000900015>.

KANDIANNAN, K.; PARTHASARATHY, U.; KRISHNAMURTHY, K. S.; THANKAMANI, C. K.; SRINIVASAN, V. Modeling individual leaf area of ginger

(*Zingiber officinale* Roscoe) using leaf length and width. **Scientia Horticulturae**, [s.l.], v. 120, p. 532–537, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2008.11.037>.

KÖPPEN, W.; GEIGER, R. **Handbuch der Klimatologie**. Berlin: G. Borntraeger, 1939. v. 6.

KOUNDINYA, A. V. V.; DHANKHAR, S. K.; YADAV, A. C. Genetic variability and divergence in okra (*Abelmoschus esculentus*). **Indian Journal of Agricultural Science**, [s.l.], v. 83, p. 97-100, 2013. DOI: <https://doi.org/10.15740/HAS/IJAS/11.1/158-160>.

KUSKA, M. T.; MAHLEIN, A. K. Aiming at decision making in plant disease protection and phenotyping by the use of optical sensors. **European Journal of Plant Pathology**, [s.l.], v. 152, p. 987–992, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10658-018-1464-1>.

LABBAFI, M.; KHALAJ, H.; ALLAHDADI, I.; NAJAFI, F.; ABASS AKBARI, G. Using models to estimation of leaf area index in *Cucurbita pepo* L. **Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences**, [s.l.], v. 18, p. 55-60, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jssas.2016.12.006>.

LIU, K.; YAZHEN, L. I.; HUIWEN, H. U. Estimating the effect of urease inhibitor on rice yield based on NDVI at key growth stages. **Frontiers of Agricultural Science and Engineering**, [s.l.], v.1, p. 150–157, 2014. DOI: <http://doi.org/10.15302/J-FASE-2014028>.

MACIEL, G. M.; GALLIS, R. B. A.; BARBOSA, R. L.; PEREIRA, L. M.; SIQUIEROLI, A. C. S.; PEIXOTO, J. V. M. Image phenotyping of inbred red lettuce lines with genetic diversity regarding carotenoid levels. **International Journal Applied Earth Observation Geoinformation**, [s.l.], v. 81, p. 154–160, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jag.2019.05.016>.

MAHLEIN, A. K. Plant disease detection by imaging sensors - parallels and specific demands for precision agriculture and plant phenotyping. **Plant Disease**, [s.l.], v. 2, p. 241–251, 2016. DOI: <http://doi.org/10.1094/PDIS-03-15-0340-FE>.

MAKANZA, R.; ZAMAN-ALLAH, M.; CAIRNS, J. E.; MAGOROKOSHO, C.; TAREKEGNE, A.; OLSEN, M.; PRASANNA, B. M. High-throughput phenotyping of canopy cover and senescence in maize field trials using aerial digital canopy imaging. **Remote Sensing**, [s.l.], v.10, n. 2, p. 1–13, 2018. DOI: <http://doi.org/10.3390/rs10020330>.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and generalized regression approach. **Cancer Research**, [s.l.], v. 27, p. 209-220, 1967.

MARTI, J.; BORT, J.; SLAFTER, G. A.; ARAUS, J. L. Can wheat yield be assessed by early measurements of normalized difference vegetation index? **Annals of Applied Biology**, [s.l.], v. 150, p. 253–257, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2007.00126.x>.

MULLA, D. J. Twenty-five years of remote sensing in precision agriculture: key advances and remaining knowledge gaps. **Biosystems Engineering**, [s.l.], v. 114, p. 358–371, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.biosystemseng.2012.08.009>.

NEGIN, B.; MOSHELION, M. The advantages of functional phenotyping in pre-field screening for drought-tolerant crops. **Functional Plant Biology**, [s.l.], v. 44, p. 107–118, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1071/FP16156>.

NOGUEIRA, D. W.; MALUF, W. R.; FIGUEIRA, A. R.; MACIEL, G. M.; GOMES, L. A. A.; BENAVENTE, C. A. T. Combining ability of summer-squash lines with different degrees of parthenocarpy and PRSV-W resistance. **Genetics and Molecular Biology**, [s.l.], v. 34, n. 4, p. 616-623, 2011. DOI: <https://dx.doi.org/10.1590/S1415-47572011005000039>.

PARIS, H. S. History of the cultivar-groups of *Cucurbita pepo*. *Horticultural reviews*, v. 25, p. 71-170, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1002/9780470650783.ch2>

PATIL, P.; BIRADAR, P.; BHAGAWATHI, A. U.; HEJJEGAR, I. S. A Review on Leaf Area Index of Horticulture Crops and Its Importance. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, [s.l.], v. 7, n. 4, p. 505-513, 2018. DOI: <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2018.704.059>.

PAPE, J. M.; KLUKAS, C. 3-D histogram-based segmentation and leaf detection for rosette plants. Switzerland: Springer International Publishers, 2015. p. 61. DOI: https://doi.org/10.1007/978-3-319-16220-1_5.

PICOLI, M. C. A.; LAMPARELLI, R. A. C.; SANO, E.; DE MELLO, J. R. B.; ROCHA, J. V. Effect of sugar cane planting row directions on ALOS/PALSAR satellite images. **GIsci. Remote Sensing**, [s.l.], v. 50, n. 3, p. 349–357, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1080/15481603.2013.808457>.

PÔRTO, M. L.; PUIATTI, M.; FONTES, P. C. R.; CECON, P. R.; ALVES, J. C.; ARRUDA, J. A. Índice SPAD para o diagnóstico do estado de nitrogênio na cultura da abobrinha. **Horticultura brasileira**, Brasília, v. 29, p. 311-315, 2011. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362011000300009>.

POTGIETER, A. B.; GEORGE-JAEGGLI, B.; CHAPMAN, S. C.; LAWS, K.; SUÁREZ CADAVÍD, L. A.; WIXTED, J.; WATSON, J.; ELDRIDGE, M.; JORDAN, D.R.; HAMMER, G. L. Multi-Spectral Imaging from an Unmanned Aerial Vehicle Enables the Assessment of Seasonal Leaf Area Dynamics of Sorghum Breeding Lines. **Frontiers in Plant Science**, [s.l.], v. 8, n. 1532, 2017. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01532>.

PRIORI, D.; BARBIERI, R. L.; CASTRO, C. M.; OLIVEIRA, A. C.; VILELA, J. C. B.; MISTURA, C. C. Diversidade genética de *Cucurbita pepo*, *C. argyrosperma* e *C. ficifolia* empregando marcadores microssatélites. **Horticultura brasileira**, Brasília, v. 31, p. 361-368, 2013. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362013000300004>.

QIU, R. C.; WEI, S; ZHANG, M.; SUN, H., LI, H.; LIU, G.; LI, M. Sensors for measuring plant phenotyping: a review. **International Journal of Agricultural and Biological Engineering**, [s.l.], v. 11, n. 2, p. 1–17, 2018. DOI: <https://doi.org/10.25165/j.ijabe.20181102.2696>.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R**: A language and environment for statistical computing, 2019. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2019. DOI: <https://www.r-project.org/>.

RIBERA, J.; HE, F.; CHEN, Y.; HABIB, A. F.; DELP, E. J. Estimating phenotypic traits from UAV based RGB imagery. In: PROCEEDINGS OF THE 22ND ACM SIGKDD CONFERENCE ON KNOWLEDGE DISCOVERY AND DATA MINING, 2016, San Francisco, California. **Anais** [...] San Francisco, California: [s.n.], 2016. p. 13-17. DOI: <http://dx.doi.org/10.1145/1235>.

RISSO, J.; RIZZI, R.; RUDORFF, B. F. T.; ADAMI, M.; SHIMABUKURO, Y. E.; FORMAGGIO, A. R.; EPIPHANIO, R. D. V. Índices de vegetação modis aplicados na discriminação de áreas de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 9, p. 1317-1326, 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2012000900017>.

SCHARR, H.; MINERVINI, M.; FRENCH, A. P.; KLUKAS, C.; KRAMER, D.; LIU, X.; LUENGO, I.; PAPE, J.M.; POLDER, G.; VUKADINOVIC, D.; YIN, X.; TSAFTARIS, S. Leaf segmentation in plant phenotyping: a collation study. **Machine Vision and Applications**, [s.l.], v. 27, n. 4, p. 585–606, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00138-015-0737-3>.

SIMKO, I.; JIMENEZ-BERNI, J. A.; SIRALULT, X. R. R. Phenomic approaches and tools for phytopathologists. **Phytopathology**, [s.l.], v. 107, p. 6-17, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-02-16-0082-RVW>.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, [s.l.], v. 41, p. 237-245, 1981.

SPITKÓ, T.; NAGY, Z.; ZSUBORI, Z.T.; SZŐKE, C.; BERZY, T.; PINTÉR, J.; MARTON, C.L. Connection between normalized difference vegetation index and yield in maize. **Plant soil and environment**, [s.l.], v. 62, p. 293-298, 2016. DOI: <https://doi.org/10.17221/676/2015-PSE>.

STRASSBURGER, A. S.; PEIL, R. M. N.; FONSECA, L. A.; AUMONDE, T. Z.; MAUCH, C. R. Dinâmica de crescimento da abobrinha italiana em duas estações de cultivo. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 33, n. 2, p. 283-289, 2011. DOI: <https://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v33i2.5952>.

SWIADER, J. M.; MOORE, A. SPAD chlorophyll response to nitrogen fertilization and evaluation of nitrogen status in dryland and irrigated pumpkins. **Journal of Plant Nutrition**, [s.l.], v. 25, p. 1089-1100, 2002. DOI: <https://doi.org/10.1081/PLN-120003941>.

TUBAÑA, B. S.; HARRELL, D. L.; WALKER, T.; TEBOH, J.; LOFTON, J.; KANKE, Y. In-season canopy reflectance-based estimation of rice yield response to nitrogen. **Agronomy Journal**, [s.l.], v. 104, n. 6, p. 1604-1611, 2012. DOI: <https://doi:10.2134/agronj2012.0214>.

ULASSENYIGIT, N. M.; ATILLAŞKIN, A. K.; YUSUF, U. **Variation of leaf area index and leaf water potential of young dwarf apple trees under different irrigation methods**. Oddział w Krakowie: Polskaakademianauk, 2013. p. 85-98.

VICENTE, L. E.; GOMES, D.; VICTORIA, D. DE C.; GARÇON, E. A. M.; BOLFE, E. L.; ANDRADE, R. G.; SILVA, G. B. S. NDVI temporal series from the SPOT Vegetation sensor and SAM algorithm applied to sugarcane mapping. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, n. 9, p. 1337–1345, 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2012000900019>.

VIÑA, A.; GTELSON, A. A.; NGUY-ROBERTSON, A. L.; PENG, Y. Comparison of different vegetation indices for the remote assessment of green leaf area index of crops. **Remote Sensing of Environment**, [s.l.], v. 115, p. 3468–3478, 2011. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.rse.2011.08.010>.

WALTER, A.; LIEBISCH, F.; HUND, A. Plant phenotyping: from bean weighing to image analysis. **Plant Methods**, [s.l.], v.11, n. 14, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.1186/s13007-015-0056-8>.

WU, T.; ZHOU, J.; ZHANG, Y.; CAO, J. Characterization and inheritance of a bush-type in tropical pumpkin (*Cucurbita moschata* Duchesne). **Scientia Horticulturae**, [s.l.], v. 114, p. 1-4, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2007.04.014>.

ZHAO, S.; LIU, D.; LING, N.; CHEN, F.; FANG, W.; SHEN, Q. Bio-organic fertilizer application significantly reduces the *Fusarium oxysporum* population and alters the composition of fungi communities of watermelon Fusarium wilt rhizosphere soil. **Biology and Fertility of Soils**, [s.l.], v. 50, n. 5, p. 1-10, 2014. DOI: <http://dx.doi.org/10.1007/s00374-014-0898-7>.

CAPÍTULO 3.

PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE *Cucurbita pepo* COM BASE EM ÍNDICES DE SELEÇÃO

RESUMO

BELOTI, IGOR FORIGO. **Parâmetros genéticos e seleção de linhagens de *Cucurbita pepo* com base em índices de seleção.** 2020. Uberlândia: UFU, 2020. P. 61-81. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia - MG.

No melhoramento de abóboras a seleção baseada em um ou poucos caracteres de interesse tende a ser inadequada, levando a um produto final superior apenas em relação aos poucos caracteres selecionados. Para maximizar a seleção simultânea de múltiplas características de interesse, utilizam-se índices de seleção, através dos quais se obtêm um valor numérico resultante da combinação dos caracteres sobre os quais se deseja praticar a seleção simultânea. Objetivou-se determinar parâmetros genéticos e os índices de seleção mais adequados em linhagens de abobrinha-italiana (*C. pepo*). As análises estatísticas foram realizadas com base em 65 genótipos pertencentes ao banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia. As variáveis analisadas foram: Índice de área foliar, Precocidade, Índice SPAD, Produção. planta⁻¹, Nº de frutos. planta⁻¹, Temperatura foliar, Índice NDVI e Índice NDRE. Foram utilizados os índices: de Smith (1936) e Hazel (1943), da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978), e Willians (1962). As metodologias de seleção direta e indireta selecionaram 10 indivíduos (15% dos genótipos). Os valores encontrados para h^2 (%) variaram entre 36,92% (SPAD) e 59,65% (precocidade). Os valores obtidos no quociente CVg/CVe ficaram abaixo de 1 variando de 0,18 para temperatura foliar até 0,70 para ciclo, com as demais variáveis próximas a 0,5. O coeficiente de variação genético CVg (%) também foi baixo, variando de 1,84% para temperatura foliar a 30,94% para produção. Os maiores ganhos obtidos com seleção direta e indireta foram para os caracteres produção (35,92%), NDRE (33,04%), número de frutos (28,93%) e índice de área foliar (22,72%). O índice de Mulamba e Mock (1978) apresentou maior valor de ganho de seleção total, proporcionando distribuição equilibrada de ganhos de seleção, elegendo-se os genótipos: Abobrinha 11#1 (8), Abobrinha 62#1 (31), Abobrinha 69#1 (34), Abobrinha 77#1(38), Abobrinha 85#1 (42), UFU-E(64), UFU-B (65), UFU-C (66), PX13067051(67) e UFU-G (68).

Palavras-chave: Abobrinha-italiana, ganhos de seleção, melhoramento genético.

ABSTRACT

BELOTI, IGOR FORIGO. **Genetic parameters and selection of *Cucurbita pepo* lines based on selection indices.** 2020. Uberlândia: UFU, 2020. P. 61-81. Thesis (Doctorate in Agronomy) – Federal University of Uberlândia, Uberlândia- MG, Brazil.

In the improving of pumpkins culture, the selection based on one or a few characters of interest tends to be inadequate, leading to a higher end product only over the few selected characters. To maximize the simultaneous selection of multiple characteristics of interest, selection indexes are used, through a numerical value resulting from the combination of the characters on which they want to practice simultaneous selection. The objective of this study was to determine the most appropriate genetic parameters and selection indexes in summer squash lines (*C. pepo*). The statistical analyzes were performed based on 65 genotypes belonging to the vegetable germplasm bank of the Federal University of Uberlândia. The variables analyzed were: Leaf Area Index, Precocity, SPAD Index, Productivity. plant⁻¹, No. of fruits. Plant⁻¹, Leaf Temperature, NDVI Index and NDRE Index. The selection indexes used were: Smith (1936) and Hazel (1943), the sum of ranks of Mulamba and Mock (1978), and Willians (1962). The methodologies of direct and indirect selection has selected, only 10 individuals (15% of the genotypes) . The values found for H² (%) in the present study ranged from 36.92% (SPAD) to 59.65% (precocity). The values obtained in the quotient CV_g / CV_e were below 1 ranging from 0.18 for leaf temperature to 0.70 for cycle, with the other variables close to 0.5. The coefficient of genetic variation CV_g (%) was also low, ranging from 1.84% for leaf temperature to 30.94% for production. The greatest gains obtained with direct and indirect selection were for the production characters (35.92%), NDRE (33.04%), number of fruits (28.93%) and leaf area index (22.72%). The index of Mulamba and Mock (1978) presented the highest total selection gain value, providing a balanced distribution of selection gains, choosing the genotypes: Abobrinha 11#1 (8), Abobrinha 62#1 (31), Abobrinha 69#1 (34), Abobrinha 77#1(38), Abobrinha 85#1 (42), UFU-E (64), UFU-B (65), UFU-C (66), PX13067051(67) e UFU-G (68).

Keywords: selection gains, Summer squash, breeding.

1 INTRODUÇÃO

Considera-se no processo de seleção em abóboras, o aspecto das progêniess quanto às características agronômicas, principalmente: precocidade do ciclo, hábito de crescimento, produtividade, resistência às pragas e doenças, aspectos dos frutos como coloração, firmeza, formato além dos teores de carotenóides (BEZERRA NETO et al., 2006; SILVA, 2010; BLANK et al., 2013; FERREIRA et al., 2016; SILVA, 2016; FAUSTINO, 2017; BORGES et al., 2019).

Um programa de melhoramento genético de plantas depende da existência de variabilidade genética para seleção de genótipos superiores, que reunirão diversas características favoráveis satisfazendo as exigências do mercado. A seleção baseada em um ou poucos caracteres mostra-se inadequada, levando a um produto final superior apenas em relação aos poucos caracteres selecionados. É um processo complexo, pois os caracteres de importância agronômica são de natureza quantitativa, geralmente correlacionados entre si e, em sua maioria, de baixa herdabilidade (BÁRBARO et al., 2009; VASCONCELOS et al., 2010; ALMEIDA et al., 2010; NOGUEIRA et al., 2012; LEITE et al., 2016).

Com o uso de índices, obtém-se um valor numérico que funciona como caráter resultante da combinação linear ótima de determinados caracteres escolhidos, sobre os quais se deseja praticar a seleção simultânea. De modo geral, o ganho sobre o caráter é reduzido, no entanto essa redução é compensada por uma melhor distribuição dos ganhos favoráveis nos demais caracteres. Diferentes índices referem-se à alternativa de seleção e de ganhos, identificando de maneira rápida e eficiente as progêniess que podem ser mais adequadas para os propósitos do melhorista (BÁRBARO et al., 2007; VASCONCELOS et al., 2010; ROSADO et al., 2012; REZENDE et al., 2014).

As diferentes metodologias de índices de seleção possibilitam alternativas de seleção e, consequentemente, diferentes percentuais de ganhos genéticos (REZENDE et al., 2014). Os principais índices de seleção utilizados em programas de melhoramento são: índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice base de Willians (1962) e o índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) (TEIXEIRA, 2017).

O índice clássico, proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), consiste em uma combinação linear de vários caracteres de importância econômica. Os coeficientes de

ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e o agregado genotípico. Este é estabelecido por outra combinação linear, envolvendo os valores genéticos, os quais são ponderados por seus respectivos valores econômicos. O índice base de Willians (1962) propõe o estabelecimento de índices mediante a combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres, os quais são ponderados diretamente pelos seus respectivos pesos econômicos (TEIXEIRA, 2017).

O índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. Esse índice apresenta como vantagem a eliminação da necessidade de se estabelecerem pesos econômicos e a estimativa de variâncias e covariâncias (REZENDE et al., 2014).

Diante da necessidade de seleção com base em mais caracteres é fundamental o estudo de índices, visando obter melhor predição de ganhos e maior eficiência no processo seletivo. O presente trabalho teve como objetivos determinar o (s) índice (s) mais adequado (s) nas condições experimentais e o (s) genótipo (s) superior (es) obtido (s) a partir deste (s).

2 MATERIAL E MÉTODOS

As análises estatísticas foram realizadas com base nas variáveis obtidas dos 65 genótipos avaliados no capítulo 1 (Capítulo 1, Tabelas 1 e 2): Índice de área foliar, Precocidade, Índice SPAD, Produção. planta⁻¹, Nº de frutos. planta⁻¹, Temperatura foliar, Índice NDVI e Índice NDRE.

Com o intuito de avaliar a existência de variabilidade genética para os caracteres quantitativos, realizaram-se análises de variância conforme o modelo abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \epsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij}: é o valor de cada caráter para o i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ: média geral;

G_i: efeito do i-ésimo genótipo

B_j: efeito do j-ésimo bloco;

ε_{ij}: erro aleatório.

Os dados obtidos foram analisados, visando estimativas do ganho de seleção. Além disso, foi realizada análise de variância ($F=0,01$ e $F=0,05$) com os quadrados médios (QMG) das características avaliadas, bem como a verificação do coeficiente de variação (CV), herdabilidade (H^2), coeficiente de variação genético (CVg) e a relação entre o coeficiente genético (CVg) e o ambiental (CVe) – CVg/CVe, para cada variável. Todas as análises foram realizadas por meio do software Genes (CRUZ, 2013). Os parâmetros genéticos e as correlações fenotípicas, genotípicas e residuais foram obtidos pelos seguintes estimadores:

Herdabilidade no sentido amplo (h^2):

$$h^2 = \sigma_P^2 / (QMT/r)$$

$$\sigma_P^2 = (QMT - QMR)/r$$

Em que:

h²: herdabilidade no sentido amplo;

σ_P : componente quadrático genético;

QMT: quadrado médio de genótipos;

QMR: quadrado médio do resíduo;

r: número de repetições.

Os parâmetros “Coeficiente de variação experimental (CVe)” e “Coeficiente de variação genético (CVg)” indicam, respectivamente, a magnitude das variações causadas pelos desvios da média devido aos efeitos de ambiente e aquelas devido aos efeitos genéticos. São calculados como segue:

Coeficiente de variação genético (CVg):

$$CVg\% = (\sigma_P^{0,5}/M) \times 100$$

$$\sigma_P = (QMT - QMR)/r$$

Em que:

M: média experimental;

QMT: quadrado médio de genótipos;

QMR: quadrado médio do resíduo;

r: número de repetições.

Coeficiente de variação experimental (CVe):

$$CVe = (\sigma_E / M) \times 100$$

Em que:

σ_E : desvio-padrão do resíduo experimental, igual a $QME^{0,5}$;

M: média experimental.

O ganho de seleção foi obtido através do produto do valor da herdabilidade pelo valor do diferencial de seleção, apresentando-se os resultados em valores percentuais.

Ganho de seleção (GS%):

$$GS (\%) = (X_{Si} - X_{Oi})h^2_i = DS_i h^2_i \times 100$$

Em que:

X_{Si}: média das linhagens selecionados para o caráter i;

X_{Oi}: média original da população;

D_S i: diferencial de seleção praticado na população;

h²_i: herdabilidade do caráter i, no sentido amplo.

Em seguida, as estimativas dos ganhos de seleção foram obtidas por intermédio das metodologias utilizando-se diferentes índices: índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) e índice base de Willians (1962).

O índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) foi estimado pelo índice de seleção (I) e o agregado genotípico (H) descritos como a seguir:

$$I = b_1 y_1 + b_2 y_2 + \dots + b_n y_n = \sum_{i=1}^n b_i y_i = y' b$$

$$H = a_1 g_1 + a_2 g_2 + \dots + a_n g_n = \sum_{i=1}^n a_i g_i = g' a$$

Em que:

n: número de caracteres avaliados;

b: vetor de dimensão 1 x n dos coeficientes de ponderação do índice de seleção a ser estimado;

y: matriz de dimensão n x p (plantas) de valores fenotípicos dos caracteres;

a: é o vetor de dimensão 1 x n de pesos econômicos previamente estabelecidos;

g: matriz de dimensão n x p de valores genéticos desconhecidos dos n caracteres considerados.

O vetor **b** = $P^{-1} G a$, em que P^{-1} é o inverso da matriz, de dimensão n x n, de variâncias e covariâncias fenotípicas entre os caracteres. **G** é a matriz, de dimensão n x n, de variâncias e covariâncias genéticas entre os caracteres.

O ganho esperado para o caráter j foi expresso por:

$$\Delta g_{j(i)} = DS_{j(i)} h^2_j$$

Em que:

$\Delta g_{j(i)}$: ganho esperado para o caráter j , com a seleção baseada no índice I ;

$DS_{j(i)}$: diferencial de seleção do caráter j , com a seleção baseada no índice I ;

h^2_j : herdabilidade do caráter j , no sentido amplo.

No índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) foram somadas as ordens de cada genótipo, resultando no índice de seleção, como descrito a seguir:

$$I = r_1 + r_2 + \dots + r_n$$

Em que:

I : valor do índice para determinado indivíduo ou família;

r_j : classificação (ou “rank”) de um indivíduo em relação ao j -ésimo caráter;

n : número de caracteres considerados no índice.

Os pesos foram dados por:

$$I = p_1 r_1 + p_2 r_2 + \dots + p_n r_n$$

Em que:

p_j : peso econômico atribuído ao j -ésimo caráter.

Para o índice base de Willians (1962), utilizou-se o seguinte índice como critério de seleção:

$$I = a_1 y_1 + a_2 y_2 + \dots + a_n y_n = \sum_{i=1}^n a_i y_i = y' a$$

Em que:

y : são as médias;

a : são os pesos econômicos dos caracteres estudados.

O critério de seleção utilizado foi reduzir o caractere precocidade e aumentar os demais caracteres para os índices de seleção direta e Mulamba e Mock (1978). Nos índices Smith (1936) e Hazel (1943) e índice base de Willians (1962) foi considerado acréscimo para todas as características. O peso econômico adotado foi o coeficiente de variação genético de cada variável, conforme recomendado por Cruz et al. (2012).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se a existência de variabilidade genética para os caracteres: Produção. planta⁻¹, Número de frutos. planta⁻¹, índice de área foliar, precocidade, NDVI e NDRE ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F. A variável SPAD foi significativa ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F e a variável temperatura foliar não foi significativa (Tabela 1). A significância para os efeitos dos genótipos indica a existência de variabilidade genética, e consequentemente, evidenciando a possibilidade de selecionar acessos agronomicamente superiores para as características analisadas (CRUZ et al., 2012).

Tabela 1. Quadrados médios, coeficientes de variância e parâmetros genéticos de variáveis dos 65 genótipos de abóbora. Monte Carmelo, 2018.

Variáveis ¹	QMG	h ² (%)	CVg (%)	CVe (%)	CVg/CVe	CV (%)
P	0,5738**	47,76	30,94	56,26	0,55	56,05
NF	3,0138**	47,96	25,62	46,58	0,55	46,23
T	7,3469 ^{ns}	8,83	1,84	10,22	0,18	10,26
IAF	0,0231**	45,81	18,70	35,28	0,53	35,22
C	57,5878**	59,65	9,82	14,03	0,70	13,99
SPAD	498,9583*	36,92	11,07	25,16	0,44	25,06
NDVI	0,0163**	46,78	17,51	32,43	0,54	32,35
NDRE	0,0023**	54,65	26,32	41,78	0,63	41,52

¹P: produção. planta⁻¹; NF: número de frutos. planta⁻¹; T: temperatura foliar; IAF: índice de área foliar; C: precocidade; SPAD: índice SPAD; NDVI: índice NDVI; NDRE: índice NDRE. ²QMG: quadrado médio dos genótipos; h²: coeficiente de determinação genotípica; CV: coeficiente de variação geral; CVg: coeficiente de variação genética; CVe: coeficiente de variação experimental; ** e * significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F; ns: não significativo.

Para o coeficiente de variação genético (CVg%), adotado como peso econômico, as variáveis em ordem decrescente foram: produção. planta⁻¹, número de frutos planta⁻¹, índice de área foliar, NDRE, NDVI, SPAD, Precocidade e temperatura foliar.

O coeficiente de variação (CV%) apresentou valores de 56,05% para produção, 46,23% para número de frutos, 35,22% para índice de área foliar, 32,25% para NDVI e 41,52% para NDRE. Um coeficiente de variação acima de 30% é considerado alto,

indicando alta dispersão dos dados experimentais, o que talvez tenha sido causado pela diferença genética e fenotípica entre os materiais estudados. Um elevado coeficiente de variação também pode ser explicado pelo fato de serem caracteres quantitativos controlados por muitos genes e altamente afetados pelo ambiente (TEIXEIRA, 2017).

Silva (2016) avaliou a diversidade genética de 13 populações de abóboras, sendo nove “abóboras de leite” (*C. moschata* Duchesne) e quatro “caboclas” (*C. maxima* Duchesne), utilizando 15 descritores fenológicos e agronômicos. Os coeficientes de variação (CV%) estimados para todos os caracteres avaliados variaram de baixos a altos. Os mais altos foram observados nas características massa da placenta do fruto (37,66%) e massa fresca de sementes por fruto (29,03%).

O conhecimento da herdabilidade no sentido amplo (h^2) permite estabelecer estimativa do ganho genético a ser obtido e define a melhor estratégia para ser utilizada no programa de melhoramento genético (BALDISSERA et al., 2014). Os valores de h^2 variam com os diferentes caracteres e, geralmente, são considerados altos quando superiores a 0,7 (RAMALHO et al., 2012), embora Borges et al., (2019) relata que valores de herdabilidade acima de 30% indicam forte possibilidade de sucesso em um programa de seleção de abóboras.

Os valores encontrados para h^2 (%) no presente trabalho variaram de 36,92% (SPAD) a 59,65% (precocidade), exceto temperatura foliar que obteve baixo h^2 (8,83%). Os valores obtidos no quociente CVg/CVe ficaram abaixo de 1 variando de 0,18 para temperatura foliar até 0,70 para precocidade com as demais variáveis próximas a 0,5. O coeficiente de variação genético CVg (%) também foi baixo, variando de 1,84% (temperatura foliar) a 30,94% (produção). A seleção é adequada para obtenção de ganhos quando a relação CVg/CVe tende a valores maiores ou iguais a 1,0 (VENCovsky e BARRIGA, 1992).

Ferreira et al. (2016) obtiveram informações sobre os parâmetros genéticos de 55 acessos pertencentes ao banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV) e três cultivares comerciais de abóbora. Foram avaliados 11 descritores morfoagronômicos sendo estimados os parâmetros genéticos, ganho esperado com a seleção, correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. O maior coeficiente de herdabilidade foi encontrado para a característica massa de frutos, concordando com os resultados de Bezerra Neto et al. (2006) que também encontraram alta herdabilidade para esta característica.

Borges et al. (2019) estimaram e previram os ganhos em parâmetros genéticos, visando selecionar indivíduos por características morfo-econômicas e de qualidade da polpa em *C. moschata*. Dez progêneres derivadas de acessos coletados no nordeste do Brasil foram avaliadas para 17 características morfo-econômicas e de qualidade química da polpa, incluindo os totais carotenóides e β-caroteno; estes estimaram os parâmetros genéticos nas progêneres. Foram encontrados valores de herdabilidade acima de 30% nas 13 variáveis analisadas.

Ao avaliar 133 acessos de *C. moschata* na Colômbia, Montes et al. (2004) obtiveram valores médios de herdabilidade, variando de 47% até 77%. Em relação ao número de frutos. planta⁻¹ foi encontrado 0,54, produção por planta valor de 0,55 e ciclo 0,48. Mohanty (2000), estudando a herança quantitativa em oito linhagens derivadas de cruzamentos dialélicos e oito cultivares de *C. moschata* observou valor inferior a 10% para herdabilidade em relação a produção.

Silva (2010) avaliou o comportamento fenotípico e genotípico para desenvolvimento de uma nova cultivar de abóbora (*C. moschata*) com formato cordiforme e polpa espessa. Foram encontrados valores da relação CVg/CVe superiores a 1 para os caracteres altura do fruto, largura do fruto, espessura da polpa no pedúnculo, espessura da polpa mediana, largura da cavidade, altura da cavidade, rendimento dos frutos, número de sementes e massa de sementes, sendo uma condição favorável à seleção das variáveis estudadas.

No trabalho de Silva (2016), na relação CVg/CVe foram encontrados valores maiores que 1,0 nos caracteres massa do fruto, espessura da polpa, comprimento do fruto, diâmetro do fruto, altura da cavidade interna do fruto, largura da cavidade interna do fruto e produtividade, sendo uma condição favorável à seleção das variáveis estudadas. Verificou-se perspectiva de ganhos genéticos para todas as características, exceto o caráter comprimento do pedúnculo da folha. As estimativas de herdabilidade em relação à produtividade foram de 89,35%.

Blank et al. (2013) estimaram parâmetros genéticos, fenotípicos e ambientais para caracteres morfológicos e agronômicos em sete genótipos de abóbora (*Cucurbita* sp.). Na relação CVg/CVe foram encontrados valores maiores que 1,0 para os caracteres comprimento e largura do fruto, espessura da polpa nas regiões do pedúnculo e mediana do fruto, largura e altura da cavidade interna do fruto, rendimento de frutos, número de sementes/ fruto e massa fresca de 100 sementes, sendo uma condição favorável à sele-

ção das variáveis estudadas. Somente a variável espessura da polpa na região inferior do fruto observou-se relação CVg/CVe nula.

Os maiores ganhos obtidos com seleção direta e indireta foram nos caracteres produção. planta⁻¹ (35,92%), NDRE (33,04%), número de frutos. planta⁻¹ (28,93%) e índice de área foliar (22,72%) (Tabela 2). Já a seleção do caráter precocidade e temperatura foliar retornou o menor ganho individual (0,25%) e (0,96%), respectivamente (Tabela 2), o que condiz com o baixo CVg (9,82% e 1,84%, respectivamente). Maiores estimativas dos coeficientes de variação genotípica indicam a maior possibilidade de progressos genéticos com a seleção (FREITAS et al., 2009).

Tabela 2. Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidos para nove caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta, para 65 genótipos de abóbora. Monte Carmelo, 2018.

Variáveis	GS%								
	P ¹	NF	T	IAF	C	SPAD	NDVI	NDRE	Total
P	35,92*	25,75	-0,25	9,52	-3,44	2,74	1,57	3,26	75,07
NF	31,00	28,93	-0,02	3,23	-4,65	-1,62	-1,90	-2,60	52,37
T	-15,12	-12,6	0,96	-6,72	-2,46	-0,37	-2,88	-5,65	-58,32
IAF	13,44	5,05	-0,21	22,72	-2,11	-0,02	5,80	9,13	53,08
C	15,5	16,59	-0,03	0,25	0,25	-9,27	-0,76	0,48	24,15
SPAD	6,65	5,08	-0,03	4,23	-3,55	9,94	6,88	11,94	41,14
NDVI	12,56	3,38	-0,03	11,05	-1,99	4,86	18,53	31,64	80,00
NDRE	13,65	9,57	-0,05	9,81	-2,63	5,71	17,29	33,04	86,39

¹P: produção. planta⁻¹; NF: número de frutos . planta⁻¹; T: temperatura foliar; IAF: índice de área foliar; C: precocidade; SPAD: índice SPAD; NDVI: índice NDVI e NDRE: índice NDRE.

*Em negrito, valores correspondentes ao ganho de seleção nas variáveis

O índice de Mulamba e Mock (1978) apresentou os maiores ganhos de seleção em relação a produção. planta⁻¹ (25,11%), número de frutos. planta⁻¹ (17,00%) e índice de área foliar (14,18%), assim como o maior valor de ganho de seleção total (Tabela 3).

Tabela 3. Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidos para nove variáveis, entre 65 genótipos de abóbora, obtidos pelo índice clássico proposto por Smith e Hazel (SH),

índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (MM) e índice base de Willians (W). Monte Carmelo, 2018.

Índice	GS%								Total
	P ¹	NF	T	IAF	C	SPAD	NDVI	NDRE	
W	6,14	7,93	0,11	2,79	3,20	9,08	3,36	6,08	38,69
SH	6,07	5,15	-0,09	6,49	0,60	7,97	15,12	29,29	70,60
MM	25,11	17,00	-0,26	14,18	-4,30	5,48	15,44	25,31	97,96

¹P: produção. planta⁻¹; NF: número de frutos. planta⁻¹; T: temperatura foliar; IAF: índice de área foliar; C: precocidade; SPAD: índice SPAD; NDVI: índice NDVI e NDRE: índice NDRE.

Em trabalho de Ferreira et al. (2016) os maiores ganhos esperados com a seleção (GS%) foram encontrados nas características massa do fruto (96,80%) e localização do nó da primeira flor masculina (64,32%). Já nas características número de ramas e número de ramificações da gavinha foram observadas as menores estimativas de ganho esperado com a seleção (-3,48 e -7,60%, respectivamente), o que pode ser justificado pela menor variabilidade genética nestas características.

No presente trabalho, as linhagens 8, 31, 42, 68 destacaram-se como genótipos superiores concomitantemente aos índices de seleção de Willians (1962) e Mulamba e Mock (1978) (Tabela 4). Não há nenhum genótipo selecionado pelo índice de Smith (1936) e Hazel (1943) que fora selecionado pelos demais índices. O índice de Mulamba e Mock (1978) apresentou maior valor de ganho de seleção total, proporcionando uma distribuição equilibrada de ganhos de seleção sendo selecionados os genótipos: Abobrinha 11#1 (8), Abobrinha 62#1 (31), Abobrinha 69#1 (34), Abobrinha 77#1(38), Abobrinha 85#1 (42), UFU-E (64), UFU-B (65), UFU-C (66), PX13067051 (67) e UFU-G (68). Este fato corrobora com os resultados encontrados no Capítulo 1, no qual os genótipos Abobrinha 11#1 (8), Abobrinha 78#1 (39), Abobrinha 85#1 (42), UFU-E (64), UFU-B (65), UFU-C (66), PX13067051 (67), UFU-G (68) foram apresentados como aqueles com maior potencial agronômico para uso em seleção.

Tabela 4. Indicação dos dez genótipos superiores de abóbora, selecionados a partir da produção. planta⁻¹, pelo índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) e índice base de Willians. Monte Carmelo, 2018.

Willians (1962)	Índices de seleção	
	Smith (1936) e Hazel (1943)	Mulamba e Mock (1978)
8	9	8
20	11	31
28	12	34
29	13	38
31	27	42
42	33	64
44	36	65
66	39	66
68	45	67
69	50	68

Para as estimativas dos ganhos de seleção, foram selecionados apenas 10 indivíduos (15% dos genótipos) com as metodologias de seleção direta e indireta (CRUZ et al., 2012); índice clássico, proposto por Smith (1936) e Hazel (1943); índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) e índice base de Willians (1962) (Tabela 4).

Faustino (2017) avaliou 11 genótipos de abóbora (*C. moschata*) para caracteres qualitativos e quantitativos morfoagronômicos e de qualidade química da polpa, incluindo teor de carotenóides. Utilizou os índices multiefeito e o índice proposto por Mulamba e Mock (1978), com uma intensidade de seleção de 10%. O ranqueamento de indivíduos, tanto de variáveis com maior relevância comercial como através de índice de seleção considerando todos os caracteres avaliados selecionou dois genótipos potencialmente interessantes para um próximo ciclo de seleção em abóbora com formato piriforme.

Borges et al. (2019) avaliando dez progêneres para 17 características morfoeconômicas e de qualidade química da polpa, utilizaram uma intensidade de seleção de 10%, também através do índice de seleção de Mulamba e Mock (1978). Bezerra Neto et al. (2006) avaliaram cinco caracteres morfoagronômicos, em sete linhagens de abóbora (*C. moschata*), submetidos à estimação de parâmetros genéticos e à análise de correlações simples e canônicas. Neste trabalho, genótipos de interesse comercial,

contendo fruto de menor tamanho e polpa espessa, puderam ser obtidos com o emprego da técnica do índice de seleção.

4 CONCLUSÕES

O índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) foi considerado neste trabalho como o critério mais adequado para a situação analisada.

Através do índice de Mulamba e Mock (1978) os genótipos: Abobrinha 11#1 (8), Abobrinha 62#1 (31), Abobrinha 69#1 (34), Abobrinha 77#1(38), Abobrinha 85#1 (42), UFU-E(64), UFU-B (65), UFU-C (66), PX13067051 (67) e UFU-G (68) como os genótipos superiores às características de interesse avaliadas.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000100014>
- BALDISSERA, J. N. DA C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, Lages, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- BÁRBARO, I. M.; MAURO, A. O.; CENTURIM, M. A. P. C.; MACHADO. P. C.; BARBARO JUNIOR, S. B. Análise genética em populações de soja resistentes ao cancro da haste e destinadas para áreas de reforma de canavieiras. **Colloquium Agrariae**, Presidente Prudente, v. 5, p. 7-24, 2009.
- BLANK, A. F.; SILVA, T. B.; MATOS, M. L.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; SILVA-MANN, R. Parâmetros genotípicos, fenotípicos e ambientais para caracteres morfológicos e agronômicos em abóbora. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 31, p. 106-111, 2013. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362013000100017>.
- BEZERRA NETO, F. V.; LEAL, N. R.; COSTA, F. R.; GONÇALVES, G. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; VASCONCELLOS, H.O.; MIGUEL MELLO, M. Análise biométrica de linhagens de abóbora. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 24, p. 378-380, 2006. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362006000300022>.
- BORGES, R. M. E. B.; LIMA, M. A. C.; LIMA NETO, I. S. MELO, N. F. Prediction of genetic and selection parameters in pumpkin (*Cucurbita moschata* Duch.) progenies for morphoagronomic characteristics and pulp quality. **Australian Journal of Crop Science**, [s.l.], v.13, n. 2, p. 199-207, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.21475/ajcs.19.13.02.p1192>.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4th edn. Viçosa, Editora UFV, 2012. 514 p.
- CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, [s.l.], v. 35, p. 271-276, 2013. DOI: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>
- FAUSTINO, R. M. E. B. **Predição de parâmetros genéticos e incremento da qualidade em frutos de progênies de aboboreira (*Cucurbita moschata* duch.)** 2017. 99 f. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, 2017.
- FERREIRA, M. G.; SALVADOR, F. V.; LIMA, M. N. R.; AZEVEDO, A. M.; LIMA NETO, I. S.; SOBREIRA, F. M.; SILVA, D. J. H. Parâmetros genéticos, dissimilaridade e desempenho *per se* em acessos de abóbora. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 34, p. 537-546, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620160413>.

FREITAS, R. G.; VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; ROSADO, A. M.; ROCHA, R. B.; TAKAMI, L. K. Predição de ganhos genéticos em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus urograndis* cultivadas em diferentes ambientes e submetidas a diferentes procedimentos de seleção. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 33, p. 255-263, 2009. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-67622009000200007>.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, [s.l.], v. 28, p. 476-49, 1943.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, [s.l.], v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016. DOI: <https://doi.org/10.14295/cs.v7i3.1176>.

MOHANTY, B. K. Quantitative inheritance in pumpkin: a combining ability analysis. **Indian Journal**, New Delhi, v. 57, p. 160-163, 2000. DOI: <http://dx.doi.org/10.3329/agric.v14i1.29097>.

MONTES, R. C; VALLEJO, C. F. A; BAENA, G. D. Diversidad genética de germoplasma colombiano de zapallo (*Cucurbita moschata* Duchesne Exp. Prior). **Acta Agronómica**, Sede Palmira, v. 53, p. 43 – 50, 2004.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, [s.l.], v.7, p. 40-51, 1978.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012. 522 p.

REZENDE, J. C.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B.; SILVA, F. L.; CARVALHO, G. R.; PEREIRA, A. A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, Lavras, v. 9, p. 347-353, 2014. DOI: <http://dx.doi.org/10.25186/cs.v9i3.643>.

ROSADO, L. D. S.; SANTOS, C. E. M. D.; BRUCKNER, C. H.; NUNES, E. S.; CRUZ, C. D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 1, p. 95-101, 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0034-737X2012000100014>.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, [s.l.], v. 7, p. 240-250, 1936. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>

SILVA, T. B. **Seleção, comportamento fenotípico e genotípico e desenvolvimento de uma nova cultivar de abóbora (*Cucurbita moschata* Dusch).** 2010. 34 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Sergipe, Sergipe, 2010.

SILVA, P. C. **Variabilidade genética de abóboras na região metropolitana de Manaus, Estado do Amazonas.** 2016. 71 f. Dissertação (Mestrado) - Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Amazônia, 2016.

TEIXEIRA, F. G. **Herança da precocidade e de caracteres agronômicos em soja e seleção de linhagens com base em índices de seleção.** 2017. 88 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2017.

VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 57 p. 205-210, 2010. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0034-737X2010000200011>.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica aplicada no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: SBG, 1992. 496 p.

WILLIANS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, [s.l.], v. 18, p. 375-393, 1962.

CONCLUSÕES GERAIS

O banco de germoplasma analisado possui variabilidade genética, sendo o uso da fenotipagem por imagem a partir do uso dos sensores NDVI e NDRE eficiente para identificar genótipos com diversidade para vigor de plantas em *C. pepo*. A maior contribuição relativa foi referente ao índice de área foliar na discriminação dos genótipos avaliados.

O índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) foi considerado neste trabalho como o critério mais adequado para a situação analisada. Neste índice foram selecionados os genótipos: Abobrinha 11#1 (8), Abobrinha 62#1 (31), Abobrinha 69#1 (34), Abobrinha 77#1(38), Abobrinha 85#1 (42), UFU-E (64), UFU-B (65), UFU-C (66), PX13067051 (67) e UFU-G (68) como os genótipos superiores às características de interesse avaliadas.

Os genótipos UFU-C X UFU-A#18#3;1, UFU-C X UFU-F#19#11;3, UFU-F#4#9;1, UFU-D X UFU-F#7#21;1 e a cv.“Emanuella” são uma alternativa para a produção de novas cultivares de abóbora ou híbridos resistentes a ZYMV e SqMV.

ANEXOS

Anexo 1. Quadriculação para cálculo do índice NDVI realizada no programa *SOLVI* (solvi.nu), respectivamente Blocos 1, 2 e 3.

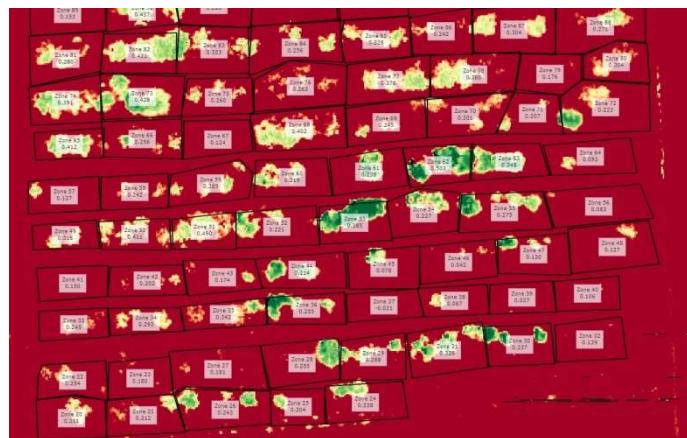
Bloco 1



Bloco 2



Bloco 3



Anexo 2. Quadriculação para cálculo do índice NDRE realizada no programa *SOLVI* (solvi.nu), respectivamente Blocos 1, 2 e 3.

Bloco 1



Bloco 2



Bloco 3

