

FÁBIO MOREIRA SOBREIRA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE ABÓBORA
PARA ESTABELECIMENTO DE COLEÇÃO NUCLEAR E PRÉ-
MELHORAMENTO PARA ÓLEO FUNCIONAL**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2013

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

S677d
2013

Sobreira, Fábio Moreira, 1981-

Divergência genética entre acessos de abóbora para
estabelecimento de coleção nuclear e pré-melhoramento para
óleo funcional / Fábio Moreira Sobreira. – Viçosa, MG, 2013.
viii, 87f. : il. ; 29cm.

Orientador: Derly José Henriques da Silva
Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.
Inclui bibliografia.

1. Germoplasma vegetal - Recursos. 2. *Cucurbita moschata*.
3. Óleo. 4. Ácidos graxos. 5. Compostos bioativos.
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia
Geral. Programa de Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 581.35

FÁBIO MOREIRA SOBREIRA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE ABÓBORA
PARA ESTABELECIMENTO DE COLEÇÃO NUCLEAR E PRÉ-
MELHORAMENTO PARA ÓLEO FUNCIONAL**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 07 de fevereiro de 2013.

Pedro Crescêncio Souza Carneiro
(Coorientador)

Sebastião Tavares de Rezende
(Coorientador)

Carlos Nick Gomes

Waldênia de Melo Moura

Derly José Henriques da Silva
(Orientador)

Aos meus pais, João Batista (in memoriam) e Maria Francisca

Ao meu irmão, Fabricio

A minha avó Alzira

A minha namorada, Flávea

Com todo amor, Dedico.

AGRADECIMENTOS

A DEUS, por estar sempre presente em minha vida, iluminando o meu caminho e por ter me dado uma família maravilhosa, da qual tenho muito orgulho.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade de cursar o Mestrado e o Doutorado nesta reconhecida instituição de ensino.

À CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) e ao CNPq (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) pela concessão da bolsa de estudos.

À FAPEMIG (Fundação de Amparo à Pesquisa do estado de Minas Gerais), pelo apoio financeiro em todas as atividades de pesquisa do Projeto intitulado “Avaliação de germoplasma de abóbora quanto à qualidade nutricional e potencial oleaginoso”.

Ao meu orientador, professor Derly José Henriques da Silva, pela segura orientação, pelos ensinamentos, amizade e confiança.

Ao professor Pedro Crescêncio Souza Carneiro, pelas proveitosas reuniões, valiosas sugestões, atenção, apoio e amizade.

Ao professor Sebastião Tavares de Rezende por disponibilizar o Laboratório de Análises Bioquímicas para as análises deste trabalho, pelas valiosas sugestões e amizade.

Ao Dr. Carlos Nick Gomes e a Dra. Waldênia de Melo Moura pelas valiosas sugestões.

Ao Dr. Raulindo pela amizade e disponibilidade sempre que solicitado.

Ao Marcão e ao Naldo pela colaboração para a realização das análises bioquímicas.

Ao grande amigo, Izaias pelo apoio fundamental para a realização deste trabalho, pela agradável convivência e ensinamentos, sendo para mim um exemplo de fé e determinação.

Aos amigos do Núcleo de Estudos em Olericultura (NEO): Adilson, Víctor, Rogério, Alcinei, Daniel, Mateus, Bruno, André e Marcelo pela agradável convivência e pelo aprendizado obtido nas reuniões do NEO.

Aos estagiários do Núcleo de Estudos em Olericultura (NEO): Arthur, Camila Camargo, Camila Fialho, Daniel, Dilermando, Elias, Felipe, Gabriel, Isabela, Isadora,

Juninho, Keise, Lucas, Luhan, Luiz, Mariana, Mariane, Natália, Nayara, Renato, Ricardo, Ronildo, Roxane, Sirlene, Talyta, Thuany, Vanessa e Willian, pela extrema dedicação e compromisso.

Aos funcionários da Horta-Velha: Arlindo, Carlos, Cosme, Divino, Isaías, José Maria, José Nilson, Leacir (*In memorian*), Manoel, Marcos, Reinaldo, Toninho e Wilson pelos bons momentos vividos, pela amizade e pelos esforços despendidos nos trabalhos de campo.

Aos funcionários da Divisão de Saúde da UFV, em especial ao Dr. Edimar, pelo apoio nos momentos em que mais precisei.

Às secretárias do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Rita, Edna, Rose e Virgínia, pelo apoio, dedicação, atenção e amizade.

Ao Departamento de Fitotecnia, em especial ao chefe do departamento Prof. João Galvão e às secretárias: Cássia, Marize, Livia e Letícia, pelo apoio e amizade.

Aos amigos do laboratório de Biometria: Prof. Leonardo, Léo e Bruno.

Ao professor Cosme pela amizade e disponibilidade de sempre.

Aos amigos de república: Felipe, Dalcionei, Rafael, Caio e Gustavo pela amizade e agradável convivência.

Aos amigos da Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Alegre (FAFIA) por todo carinho dedicado a mim durante o curso de Letras.

A todos os amigos do Centro de Ciências Agrárias da UFES (CCAUFES), em especial ao amigo e ex-orientador professor Frederico de Pina Matta por ter acreditado no meu potencial, ter me incentivado a ingressar no programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento da UFV e por estar sempre ao meu lado.

Aos muitos professores que tive, pela atenção, disponibilidade e ensinamentos.

A todos que colaboraram para a realização deste trabalho, meu sincero agradecimento.

BIOGRAFIA

FÁBIO MOREIRA SOBREIRA, filho de João Batista Sobreira e Maria Francisca Moreira Sobreira, nasceu na cidade de Alegre - ES, em 24 de dezembro de 1981.

Em 1997, ingressou no Ensino Médio/Técnico em Agropecuária na Escola Agrotécnica Federal de Alegre (EAFA), obtendo o diploma de Técnico em Agropecuária em 1999.

Em 2000, ingressou no curso de Técnico em Informática na EAFA, obtendo o diploma de Técnico em Informática em 2001.

Em 2002, ingressou no curso de Letras na Faculdade de Filosofia, Ciências e Letras de Alegre (FAFIA), obtendo o diploma de Licenciado em Letras em 2005.

Em 2002, ingressou no curso de Agronomia no Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Espírito Santo (CCAUFES), obtendo o diploma de Engenheiro Agrônomo em 2007.

Em 2007, ingressou no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em nível de mestrado, obtendo o título de Mestre em Genética e Melhoramento em 2009.

Em 2009, iniciou o doutorado no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa (UFV) submetendo-se à defesa de tese em 07 de fevereiro de 2013.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	vii
ABSTRACT.....	viii
1. INTRODUÇÃO GERAL.....	9
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	11
2.1 A cultura da abóbora.....	11
2.2 Bancos de Germoplasma.....	13
2.3 Germoplasma de abóbora no Brasil.....	16
2.4 Divergência genética.....	18
2.5 Coleção nuclear.....	19
2.6 Composição do óleo das sementes do gênero <i>Cucurbita</i>	24
2.6.1 Utilizações do óleo das sementes do gênero <i>Cucurbita</i>	25
2.6.2 Variabilidade genética para concentração e composição de ácidos graxos do óleo de sementes do gênero <i>Cucurbita</i>	27
2.6.3 Pré-melhoramento de abóbora para óleo funcional.....	27
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	29
Divergência genética e estabelecimento de coleção nuclear de acessos de abóbora com base em caracteres morfoagronômicos.....	38
Resumo	38
Abstract.....	39
1. Introdução	40
2. Material e métodos.....	41
3. Resultados e discussão.....	47
4. Conclusões	60
Referências bibliográficas.....	60
Pré-melhoramento de abóbora (<i>Cucurbita moschata</i>) para óleo funcional.....	66
Resumo	66
Abstract.....	67
1. Introdução	68
2. Material e métodos.....	69
3. Resultados e discussão.....	71
4. Conclusões	82
Referências bibliográficas.....	83
4. CONCLUSÕES GERAIS.....	87

RESUMO

SOBREIRA, Fábio Moreira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2013. **Divergência genética entre acessos de abóbora para estabelecimento de coleção nuclear e pré-melhoramento para óleo funcional.** Orientador: Derly José Henriques da Silva. Coorientadores: Pedro Crescêncio Souza Carneiro e Sebastião Tavares de Rezende.

Este trabalho teve como objetivos avaliar a diversidade genética e estabelecer coleção nuclear de acessos de *Cucurbita moschata* pertencentes ao BGH/UFV com base em caracteres morfoagronômicos e bioquímicos do óleo das sementes, bem como identificar acessos promissores para programas de melhoramento de óleo funcional de sementes de abóbora. Para estabelecimento de coleção nuclear foram avaliadas três intensidades de amostragem dos acessos (20%, 30% e 40%). A amostragem foi realizada a partir do agrupamento de Tocher invertido, com base na matriz de similaridade soma e a partir da matriz de similaridade Gower. A validação das coleções foi realizada pela utilização do índice de coincidência da amplitude para cada grupo de características (quantitativas ou qualitativas). Para identificar acessos promissores para programas de melhoramento de óleo funcional de sementes de abóbora considerou-se a diversidade genética dos caracteres quantitativos morfoagronômicos e bioquímicos do óleo das sementes. A divergência genética entre os acessos foi estimada, com base na matriz de Distância Euclidiana média padronizada, com posterior aplicação do método de otimização de Tocher. No estabelecimento da coleção nuclear verificou-se que inferências sobre diversidade baseadas em um grupo de características morfoagronômicas (quantitativas ou qualitativas), não podem ser extrapoladas ao outro e que o algoritmo de Gower e a soma algébrica de matrizes foram equivalentes, como medida de distância, apenas nas intensidades de amostragem de 30 e 40%. Em relação ao óleo das sementes, a concentração média nos acessos foi de 41,68% e os principais ácidos graxos foram: ácido linoléico (54,46%), oléico (21,15%), palmítico (15,07%), esteárico (9,09%) e linolênico (0,21%). Para ambas análises de diversidade realizadas foi observada expressiva variabilidade genética entre os acessos do BGH/UFV para características morfoagronômicas e bioquímicas do óleo das sementes de abóbora. A coleção nuclear será estabelecida pelos acessos provenientes da coleção Gower ou Soma, sob intensidade de amostragem de 20%. Os acessos BGH-7765, BGH-4615 e BGH-7319 são promissores para programas de melhoramento de óleo funcional de sementes de abóbora.

ABSTRACT

SOBREIRA, Fábio Moreira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2013. **Genetic divergence among accessions of pumpkin (*Cucurbita moschata*) for establishment of core collection and pre-breeding for functional oil.** Adviser: Derly José Henriques da Silva. Co-advisers: Pedro Crescêncio Souza Carneiro and Sebastião Tavares de Rezende.

This study aimed to evaluate the genetic diversity and establishing core collection of access *Cucurbita moschata* belonging BGH/UFV based on biochemical and morphological characteristics of seed oil, and to identify promising accesses for breeding programs of functional oil of pumpkin seeds. For establishment of core collection were evaluated three sampling intensities of accesses (20%, 30% and 40%). Sampling was conducted from Tocher group reversed, based on sum similarity matrix and from the similarity matrix Gower. The validation of collection was performed by use of index matching of amplitude for each group of characteristics (quantitative or qualitative). To identify promising accesses for breeding programs of functional oil of pumpkin seeds was considered the genetic diversity of biochemical and morphoagronomic quantitative characters of oil seeds. Genetic divergence among accessions was estimated based on Euclidean distance matrix standardized average, with subsequent application of the method of Tocher. In the establishment of core collection has been found that inferences on diversity based in a group of agronomic characteristics (quantitative or qualitative), can not be extrapolated to other and that the Gower algorithm and the algebraic sum of matrices were equivalent, as measure of distance, only in the sampling intensities of 30 and 40%. In relation to oil from the seeds, the average concentration in accessions was 41.68% and the major fatty acids were linoleic acid (54,46%), oleic (21,15%), palmitic (15,07%), stearic (9,09%) and linolenic (0,21%). For both diversity analysis performed was observed significant genetic variation among accessions of BGH/UFV for morphoagronomic and biochemical characteristics of the oil of pumpkin seeds. The core collection will be established by accessions from the Gower or Soma collection under sampling intensity of 20%. The accessions BGH-7765, BGH-4615 and BGH-7319 are promising for breeding programs of functional oil of pumpkin seeds.

1. INTRODUÇÃO GERAL

A abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) é utilizada para fins industriais, alimentícios e medicinais. A diversidade dessa cultura no Brasil é representada por variedades tradicionais cultivadas pelos indígenas, quilombolas e produtores da agricultura familiar (FERREIRA, 2008).

A troca de sementes entre agricultores e a hibridação favoreceram a ampliação da variabilidade genética dessa cultura (FERREIRA, 2008). Parte dessa variabilidade encontra-se em bancos de germoplasma, como no Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH/UFV), que conserva aproximadamente 340 acessos de abóbora (*C. moschata*) (SILVA *et al.*, 2001).

Embora o BGH/UFV disponha de expressivo número de acessos de abóbora (*C. moschata*), poucos acessos foram caracterizados e avaliados quanto sua diversidade genética. Trabalhando com 37 acessos de *C. moschata* do BGH/UFV, Moura *et al.* (2005) observaram expressiva variabilidade genética para os caracteres morfoagronômicos, indicando que os acessos do BGH/UFV representam uma importante fonte de recursos genéticos para a espécie.

Estudos realizados em outros bancos de germoplasma também apontam importante variabilidade genética em acessos de abóbora. Ramos e Queiroz (1999) e Queiroz (1993) trabalhando com acessos de abóbora (*C. moschata*), coletados no nordeste brasileiro, verificaram expressiva variabilidade entre os genótipos para caracteres morfoagronômicos. Na região central do Brasil, Ferreira (2008), verificou nos estados do Tocantins e de Mato Grosso grande variabilidade nos padrões de frutos de *C. moschata*, indicando expressiva variabilidade entre os acessos.

A variabilidade genética observada nos estudos prévios indica a possibilidade de divergência para outras características de interesse na espécie, como a concentração de óleo e composição de ácidos graxos do óleo presente nas sementes.

Apesar da riqueza de recursos genéticos de *C. moschata* no Brasil e da importância socioeconômica da cultura no país, apenas uma pequena parte desse germoplasma encontra-se caracterizada e avaliada. Tal fato além de restringir o uso dos acessos em programas de melhoramento, impossibilita o manejo otimizado do germoplasma e conseqüentemente, onera a conservação do mesmo (FRANCO *et al.*, 2005; GEPTS, 2006; SUDRÉ *et al.*, 2007; SUDRÉ *et al.*, 2010).

A caracterização e avaliação dos acessos, além da importância já comentada, facilita o estabelecimento de coleção nuclear. Esta consiste num conjunto de acessos, provenientes de uma coleção de germoplasma, escolhidos para representar a máxima variabilidade genética da coleção inicial ou base, com o mínimo de redundância (BROWN *et al.*, 1999). Estabelecida essa coleção, torna-se possível otimizar o uso e conservação do germoplasma, possibilitando a realização de avaliações mais detalhadas em um menor número de acessos.

A elevada composição de ácidos graxos insaturados, associada à presença de componentes bioativos como: tocoferóis, carotenóides e β -sitosterol, elevam o óleo de sementes de abóbora à classe dos óleos funcionais, pois além dos efeitos nutricionais seu consumo provê muitos benefícios à saúde (CAILI *et al.*, 2006). Os benefícios à saúde proporcionados pelo consumo deste óleo são relatados por diversos autores (FAHIM *et al.*, 1995; AL-ZUHAIR *et al.*, 1997; AL-ZUHAIR *et al.*, 2000; CAILI *et al.*, 2006; RYAN *et al.*, 2007; STEVENSON *et al.*, 2007; EI-AZIZ *et al.*, 2011).

Apesar dos efeitos benéficos à saúde proporcionados pelo consumo deste óleo, estudos relacionados ao tema, principalmente em *C. moschata*, ainda são incipientes e pouco se conhece sobre a variabilidade genética desta espécie quanto aos caracteres morfoagronômicos e bioquímicos relacionados às propriedades funcionais deste óleo.

Assim, este trabalho teve como objetivos avaliar a diversidade genética e estabelecer coleção nuclear de acessos de *Cucurbita moschata* pertencentes ao BGH/UFV com base em caracteres morfoagronômicos e bioquímicos do óleo das sementes, bem como indicar acessos promissores para programas de melhoramento de óleo funcional de sementes de abóbora.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A cultura da abóbora

A abóbora (*Cucurbita moschata* Duch) é uma olerácea pertencente ao gênero *Cucurbita* (2n=40), o qual faz parte da divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, subclasse Dilleniidae, ordem Violales e família Cucurbitaceae. O gênero *Cucurbita* é formado por 24 espécies, cinco dessas cultivadas (*C. argyrosperma*, *C. ficifolia*, *C. maxima*, *C. moschata* e *C. pepo*), e representa parte fundamental de diversos aspectos da vida humana, especialmente na dieta, dada à versatilidade culinária e riqueza em fibras, caroteno, ferro, cálcio, magnésio, potássio e vitaminas A, B e C (FERREIRA, 2008), além das sementes serem excelentes fontes de proteína (32 a 44%) e óleo (ácidos graxos) (34 a 50%) (ANDRES, 2000; ALFAWAZ, 2004; AMOO *et al.*, 2004; FRUHWIRTH; HERMETTER, 2007; CERQUEIRA *et al.*, 2008).

Quanto aos aspectos botânicos, a planta de abóbora possui caule herbáceo, rastejante, provido de gavinhas e de raízes adventícias, nos pontos de contato com o solo, que auxiliam na fixação da planta. Em geral, o hábito de crescimento é indeterminado, com ramos extensos, folhas grandes, de coloração verde-escura e com manchas prateadas, e pecíolos longos. O hábito de florescimento é monóico, havendo substancial predominância de flores masculinas sobre as femininas, na maioria das cultivares. As flores são amarelas, grandes e vistosas, sendo que as femininas possuem ovário bem destacado e com formato que prenuncia aquele do futuro fruto (FILGUEIRA, 2006).

De acordo com Ferreira (2008), a abóbora foi domesticada na América Latina, porém não se tem conhecimento do local específico. Registros arqueológicos indicam que é cultivada há mais de 5.000 anos em toda a América Latina. É um cultivo que se maneja principalmente em zonas de baixa altitude e de clima quente com alta umidade. No entanto, coletas foram realizadas no Estado de Oaxaca, México, em regiões com altitude superior a 2.200 m.

Embora, alguns autores considerem a abóbora como sendo originária da América do Norte, região Central do México, tem sido indicado que seu centro de origem de variabilidade é na Colômbia, mas registros arqueológicos mais antigos dessa espécie (4.900-3.500 a.C.) foram recuperados no Noroeste do México e em alguns sítios das Américas do Sul e Central. Filgueira (2006) refere-se à abóbora como uma cultura

tipicamente tropical, cujo cultivo já era praticado pelos indígenas séculos antes da chegada dos colonizadores europeus.

É ampla a diversidade genética existente nas Américas, onde as espécies de *Cucurbita* são encontradas nas mais variadas cores, texturas, formas, tamanhos e sabores. No Brasil, espécies do gênero *Cucurbita*, especialmente *C. moschata* e *C. maxima*, faziam parte da alimentação dos povos indígenas antes do descobrimento e da colonização.

A diversidade dessas espécies no Brasil é representada pelas inúmeras variedades tradicionais cultivadas pelos indígenas, quilombolas e produtores da agricultura de base familiar. A seleção praticada durante todo esse tempo, em conjunto com o fato de haver trocas de sementes entre as pessoas favorecem a ampliação da base genética (FERREIRA, 2008).

A abóbora é uma hortaliça-fruto de fácil colocação no mercado, o que a torna uma cultura bastante popular. Além de fazer parte da alimentação básica das populações de várias regiões brasileiras e do mundo, a abóbora é usada para diversos fins, industriais, alimentícios e medicinais, representando uma importante fonte de emprego e renda em diferentes sistemas de cultivo. As abóboras são de fácil produção, amplamente disponíveis por todo o ano, com polpa rica em carotenóides e sementes com alta concentração de óleo. Diferentes variedades desta hortaliça-fruto podem ser encontradas em toda a América Latina e ao redor do mundo (RODRÍGUEZ-AMAYA, 1999).

Quanto aos sistemas de cultivo utilizados na cultura da abóbora destacam-se o policultivo, realizado principalmente por agricultores familiares e os cultivos solteiros com ou sem uso de maiores aportes tecnológicos, como sementes de variedades comerciais, fertilizantes, defensivos agrícolas, mecanização e irrigação.

Considerando as espécies cultivadas de abóbora, incluindo a *C. moschata*, a China destaca-se como a maior produtora, representando cerca de 30% da produção mundial (DU *et al.*, 2011). No Brasil, *C. moschata* é explorada em todas as regiões e o maior número de produtores concentra-se na região Nordeste, compreendendo os estados do Maranhão, Rio Grande do Norte, Bahia e Pernambuco. Em 2009, o volume total de abóbora comercializado no país foi de 36 mil toneladas, sendo economicamente importante no abastecimento do mercado nacional (AGRIANUAL, 2010).

No Brasil, embora não se disponha de dados oficiais, de acordo com levantamento realizado nas principais centrais de abastecimento de alimentos brasileiras, estima-se que o volume comercializado de abóboras em 2009 tenha superado 36 mil toneladas e,

ao incluir o híbrido interespecífico ‘Tetsukabuto’, este número ultrapassa 103 mil toneladas, evidenciando a importância da cultura para o Brasil.

2.2 Bancos de germoplasma

Os recursos fitogenéticos podem ser entendidos como a variabilidade de plantas, integrantes da biodiversidade, de interesse socioeconômico atual ou potencial para utilização em programas de melhoramento genético, biotecnologia e outras ciências afins (VALOIS *et al.*, 1996). Uma vez que suprem as necessidades básicas e ajudam na resolução de problemas como a fome e a pobreza, tais recursos são à base da subsistência da humanidade (JARAMILLO; BAENA, 2000).

Apesar da elevada diversidade, o número de plantas utilizadas pelo homem é mínimo quando comparado ao número de espécies e genótipos vegetais existentes na natureza. Durante sua história, o homem conheceu aproximadamente 300.000 espécies comestíveis, no entanto apenas 300 foram utilizadas como alimento. Atualmente, cerca de 90% da alimentação humana é oriunda de 15 espécies, sendo oito dessas responsáveis por 75% da contribuição vegetal para a nutrição humana (NASS *et al.*, 2001). Essa situação favorece considerável perda de diversidade genética vegetal, representando ao longo do tempo erosão genética.

A substituição de variedades tradicionais (*landraces*) por variedades melhoradas é uma das principais causas de erosão genética, posto que com a substituição ocorre a perda do recurso genético, ainda não caracterizado e assegurado para possível uso em programas de melhoramento (GOEDERT, 2006).

A dependência dos seres humanos por recursos genéticos é fato, por isso, sua conservação em longo prazo é estratégica fundamental para assegurar genes de interesse de espécies com importância socioeconômica atual e potencial, para a alimentação (GOEDERT, 2006).

A manutenção desses recursos realiza-se por meio do estabelecimento de áreas de proteção ambiental e pela coleta e conservação dos genótipos os quais passam a ser denominados germoplasma. O termo germoplasma é originário das expressões “plasma” ou material primordial dos seres vivos e “germinal” referente às células germinativas, capazes de gerar novas células por simples divisão ou por união com outros elementos germinais (PEREIRA, 1989). Segundo Allard (1971), germoplasma é definido como a soma total dos genótipos de cada espécie. Assim, estes poderão ser na

forma de plantas, anteras, pólen, sementes e tecidos (meristema, calo), células ou estruturas simples.

O ideal é que cada unidade de germoplasma represente uma cópia única do genótipo e este represente parte da variabilidade da espécie. Esta variabilidade genética do germoplasma pode estar contida nas variedades primitivas, obsoletas, tradicionais, modernas, parentes silvestres, os quais podem ser utilizados no presente ou futuro (OLIVEIRA, 2011).

As coleções de germoplasma foram propostas para conservar a diversidade genética de espécies cultivadas e de outras consideradas estrategicamente importantes, reduzindo a erosão genética causada por diversos fatores, como a utilização de cultivares modernos em substituição às variedades tradicionais (BROWN, 1989b).

O manejo de banco de germoplasma envolve diferentes etapas sequenciais que permitem a correta identificação, conhecimento, conservação e utilização do germoplasma (RAMOS *et al.*, 2007; GONÇALVES *et al.*, 2008; SUDRÉ *et al.*, 2010).

Os recursos genéticos podem ser conservados dentro ou fora do seu habitat natural e combinando as duas alternativas. Quando fora do seu habitat, a conservação é denominada conservação *ex situ*. Quando o recurso genético é conservado dentro do seu habitat natural utiliza-se a denominação conservação *in situ*, ou de maneira complementar *in situ/ex situ*. Quando a conservação busca também possibilidades de exploração, sendo realizada junto a agricultores é denominada conservação *on farm*.

A principal forma de conservação praticada pelos bancos de germoplasma é a *ex situ*, uma vez que estes locais normalmente conservam recursos de diferentes partes do mundo. A principal crítica feita a este tipo de conservação é que desta forma não ocorre a seleção natural sobre os genótipos. Assim esses não sofrem o processo de evolução normal em função das alterações das condições ambientais. Devido a essa exclusão dos fatores naturais do ambiente, um banco de germoplasma *ex situ* deve ser considerado como um banco de genes e não como um banco de genótipos.

Os bancos de genes existentes no mundo mantêm coleções de recursos genéticos para preservação a longo, médio e curto prazo, a fim de auxiliar melhoristas de plantas e pesquisadores. Nas últimas décadas tem-se observado maior preocupação em reunir e conservar esses recursos (VAN HINTUM *et al.*, 2000).

O mais antigo registro de interesse por recurso fitogenético é do antigo Egito quando a rainha Hatshepsut despachou uma expedição, no ano de 1500 a.C., para

coletar plantas de uma árvore conhecida como Punt, que produzia uma goma aromatizada que era utilizada no templo de al Bahar (GUARINO *et al.*, 1995).

Em tempos mais modernos as coleções de germoplasma foram formadas pelos hospitais que tinham interesse em armazenar plantas medicinais para utilizar nos doentes, principalmente nos séculos XVI e XVII na Itália renascentista. Entretanto, a mais significativa coleção formada foi iniciada no século XX, entre os anos de 1920 e 1930 pelo *All-Union Research Institute of Applied Botany and New Crops* de St. Petersburg sob a coordenação de Nikolai Ivanovik Vavilov. Este instituto atualmente chama-se *Nikolai I. Vavilov All-Russian Scientific Research Institute of Plant Industry (VIR)*. Hoje, o instituto é considerado o primeiro banco de sementes e sua coleção uma das maiores de germoplasma vegetal, onde mais de 380.000 genes foram identificados representando a variabilidade de 2.500 espécies de plantas.

No Brasil, a preocupação com a coleta e preservação de recursos genéticos teve impulso na década de 70, com a criação do IPGRI (*International Plant Genetic Resources Institute*) e da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia-CENARGEN (GOEDERT, 2006).

Na Universidade Federal de Viçosa, a preocupação com a coleta de recursos genéticos de hortaliças, visando resgatar a variabilidade de populações de grande importância, antecede a criação do IPGRI (*International Plant Genetic Resources Institute*) e do CENARGEN, na década de 70. Segundo Silva *et al.* (2001), em 1966, a Universidade Federal de Viçosa, com o apoio da Fundação Rockefeller, criou o Banco de Germoplasma de Hortaliças (BGH) com a finalidade de resgatar espécies nativas ou introduzidas, de preservar, documentar e manter intercâmbio de germoplasma de outras regiões do globo. Os recursos genéticos do BGH representam 23 anos de coleta, com início em 1964. As famílias com maiores participações no BGH/UFV são Solanaceae (44,21%), Leguminosae (16,83%) e Cucurbitaceae (15,70%), sendo que dentre as espécies da família Cucurbitácea o BGH/UFV conta com 341 acessos de *C. moschata*.

O Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH/UFV) mantêm diversas atividades de pesquisa e de rotina. A avaliação da germinação, multiplicação e regeneração dos acessos fazem parte da rotina do banco. Entre as atividades de pesquisa o BGH/UFV mantêm processos contínuos de caracterização e avaliação dos recursos genéticos que tem sob seu controle (SILVA *et al.*, 2001).

A caracterização e a avaliação contribuem para um maior conhecimento dos acessos do banco de germoplasma, permitindo inferir sobre a variabilidade da coleção e sobre potenciais usos em programas de melhoramento genético (GONÇALVES *et al.*, 2009; TORRES FILHO *et al.*, 2009).

A caracterização e avaliação dos recursos genéticos além do aspecto informativo tem também caráter estratégico, pois, segundo a convenção internacional de direitos de recursos genéticos, para que um país tenha posse assegurada de um determinado recurso genético é fundamental que o mesmo esteja devidamente caracterizado e avaliado pelos técnicos daquele país (JARAMILLO; BAENA, 2000).

Através da caracterização pode-se identificar acessos registrados em duplicata, em função de sinónimas e diferentes doadores do mesmo germoplasma (VALOIS *et al.*, 1996). A presença de tais duplicatas onera as atividades por consumirem recursos físicos, humanos e financeiros para a conservação de mesmo germoplasma. Desta forma, a caracterização permite não só a utilização dos recursos genéticos armazenados em bancos de germoplasma como também a redução dos custos de manutenção dos bancos, devido à redução do número de acessos a serem conservados (VALOIS *et al.*, 1996).

É importante destacar que qualquer programa de melhoramento genético depende de germoplasma. E o melhorista somente utilizará de maneira eficiente o germoplasma que necessita se este estiver devidamente caracterizado, para que os fenótipos de interesse possam ser incorporados em cultivares de alto potencial para a agricultura. Na verdade, quanto maior a variabilidade disponível, maiores as chances de sucesso no melhoramento genético (PATERNIANI *et al.*, 2000).

2.3 Germoplasma de abóbora no Brasil

O Brasil destaca-se como país detentor de importante variabilidade genética da cultura da abóbora, contudo existe alta probabilidade de perda desses genes devido a vários fatores (QUEIROZ, 1993), o que se denomina erosão genética da espécie. Visando minimizar os efeitos negativos da erosão genética sobre a cultura da abóbora, bem como de outras espécies da família Cucurbitaceae, foram realizadas várias expedições de coleta de acessos em território nacional, estabelecendo-se seis Bancos de Germoplasma no Brasil, incluindo o Banco de Germoplasma de Hortaliças (BGH) da Universidade Federal de Viçosa (UFV).

Segundo Ferreira (2008), no Brasil existem coleções de germoplasma de *Cucurbita* em seis instituições, a saber: Embrapa Clima Temperado (Pelotas, RS), Embrapa Hortaliças (Brasília, DF), Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Brasília, DF), Embrapa Semi-Árido (Petrolina, PE), Universidade Federal de Viçosa (Viçosa, MG) e Instituto Agronômico de Campinas (Campinas, SP). A coleção existente na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia consiste no acervo conservado em longo prazo (Coleção de Base de Germoplasma Semente - Colbase), enquanto as demais coleções conservam germoplasma em médio prazo (Bancos Ativos de Germoplasma – BAG's). Nestas coleções, as espécies *C. moschata* e *C. maxima* são as que possuem maior número de acessos conservados, com 4.444 e 1.861 acessos, respectivamente.

Embora o BGH/UFV disponha de expressivo número de acessos de abóbora (*C. moschata*), aproximadamente 340 acessos, poucos acessos foram caracterizados e avaliados quanto à diversidade genética. Trabalhando com 37 acessos de *C. moschata* do BGH/UFV, Moura *et al.* (2005) observaram expressiva variabilidade genética para os caracteres morfoagronômicos, indicando que os acessos do BGH/UFV representam uma importante fonte de recursos genéticos para a espécie.

Estudos realizados em outros bancos de germoplasma apontam importante variabilidade genética em acessos de abóbora. Queiroz (1993) detectou grande variabilidade genética nas populações de abóboras e jerimuns coletadas no Nordeste do Brasil, quanto às características de fruto como cor da polpa, cavidade interna, tamanho e formato do fruto e cor da casca. No estudo realizado por Ramos e Queiroz (1999) avaliando a variabilidade morfoagronômica de abóbora (*C. moschata*) do Nordeste brasileiro, também se verificou que há variabilidade morfológica para a maioria dos descritores aplicados, no qual se indicou, inclusive, alguns acessos que poderiam constituir futuras populações para seleção visando determinadas estratégias de melhoramento de abóbora como ciclo e características de fruto.

Na parte central do Brasil também existe importante variabilidade genética de *C. moschata*. Ferreira (2008) verificou nos estados do Tocantins e Mato Grosso grande variabilidade nos padrões de frutos de *C. moschata*, no tamanho, formato, padrão da casca dos frutos e cor da polpa. Constatou ainda, que os produtores desses estados praticam um cultivo tradicional de abóbora, sem o uso de insumos químicos, para consumo da própria família, e com o uso de variedades locais presentes há muitos anos

nessas regiões, havendo ainda relatos de que as sementes são conservadas pelas famílias há mais de 40 anos.

2.4 Divergência genética

Estudos de divergência genética são importantes para o conhecimento da variabilidade genética das populações e possibilitam o monitoramento de bancos de germoplasma (CRUZ *et al.*, 2011). As informações obtidas são úteis para a conservação e uso dos acessos (TOQUICA *et al.*, 2003). Esses estudos permitem a identificação de possíveis duplicatas e fornecem parâmetros para escolha de progenitores. Estes, ao serem cruzados considerando a divergência genética, tem maior probabilidade de efeito heterótico na progênie, favorecendo a obtenção de ganhos genéticos nos programas de melhoramento.

Para avaliação da divergência genética, técnicas biométricas, baseadas na quantificação da heterose, ou por processos preditivos, tem sido comumente utilizadas. Na predição da divergência genética, vários métodos multivariados podem ser empregados. Dentre esses, citam-se os métodos aglomerativos, a análise por componentes principais e por variáveis canônicas. A análise multivariada tem sido empregada tanto para características quantitativas quanto qualitativas, comumente utilizadas em caracterizações/avaliações de acessos de bancos de germoplasma. Para os descritores qualitativos geralmente são avaliados os que apresentam várias classes, considerados, portanto, multicategóricos (PEREIRA *et al.*, 2003).

Segundo Cruz *et al.* (2011) quando a diversidade genética é estudada a partir de características de diferentes naturezas, diferentes estratégias de análises podem ser recomendadas. Uma primeira alternativa é subdividir as características em grupos e utilizar para cada grupo a medida de dissimilaridade mais apropriada, dadas as particularidades das mensurações efetuadas. Dessa forma são obtidas várias matrizes de dissimilaridade, as quais podem ser utilizadas individualmente, em análises futuras de projeções ou agrupamento. Outra opção é adotar uma única medida de dissimilaridade que possa contemplar simultaneamente grupos de características de diferentes naturezas. Em geral, as análises de diversidade genética são realizadas considerando os caracteres de diferentes naturezas individualmente (AMARAL JÚNIOR *et al.*, 1999; MENEZES SOBRINHO *et al.*, 1999; RAMOS *et al.*, 1999; MARITA *et al.*, 2000; RAMOS *et al.*, 2000; RIZZO; BRAZ, 2002; PEIXOTO *et al.*, 2002; MOHAMMADI;

PRASANNA, 2003; TOQUICA *et al.*, 2003; ZEWDIE *et al.*, 2004; KARASAWA *et al.*, 2005; SUDRÉ *et al.*, 2006; BENTO *et al.*, 2007; BUZAR *et al.*, 2007; OLIVEIRA *et al.*, 2007).

Algumas metodologias de integração de dados de diferentes naturezas foram propostas para a análise de diversidade genética. Destacam-se as estratégias de transformação de dados (MARTINS *et al.*, 2011), soma de matrizes de dissimilaridade (MARTINS *et al.*, 2011) e o algoritmo de Gower (GOWER, 1971). Entretanto, poucos trabalhos têm utilizado a estratégia de quantificar a divergência genética entre acessos de bancos de germoplasma considerando, simultaneamente, variáveis de diferentes naturezas.

2.5 Coleção nuclear

As coleções de germoplasma inicialmente foram estabelecidas para conservar a variabilidade genética existente, antes que essa fosse perdida em virtude, por exemplo, da utilização de cultivares modernos em substituição às variedades tradicionais (OLIVEIRA, 2011).

O estímulo financeiro dado pelo “*Internacional Board for Plant Genetic Resources*” (IBPGR), na década de 1980, para atividades relacionadas aos recursos genéticos, resultou no crescimento substancial das coleções, as quais não eram totalmente, ou mesmo parcialmente caracterizadas e avaliadas. Este incremento no número de acessos atrelado a falta de caracterização e avaliação dos recursos genéticos prejudicaram a qualidade das coleções, limitando consideravelmente o uso dessas no melhoramento de plantas (HOLDEN, 1984; MARSHALL, 1989).

A ênfase dada na importância de conservar os recursos genéticos tem conduzido à formação e manutenção de coleções muito grandes e com acessos muito próximos geneticamente. Embora a representatividade da coleção possa ser conseguida através de coleções grandes (FRANKEL; BENNETT, 1970), a acessibilidade, custos de manutenção e a própria utilidade dessas é inversamente relacionada ao seu tamanho (FRANKEL; SOULÉ, 1981).

Pelo fato de que grandes coleções de germoplasma poderiam ser extintas, nos casos em que a manutenção dessas fosse inviável financeiramente. Frankel (1984) propôs pela primeira vez o conceito de “coleção nuclear” (“*core collection*”), com o objetivo de melhorar a utilização, acessibilidade e minimizar as dificuldades citadas.

Segundo Frankel e Brown (1984) essa coleção seria formada por um número reduzido de acessos e representaria, com um mínimo de repetibilidade, a diversidade genética da espécie e espécies primitivas relacionadas. Segundo Malosetti e Abadie (2001), o desenvolvimento de coleção nuclear representa uma estratégia de baixo custo para melhorar a avaliação e utilização do germoplasma, bem como favorecer as atividades do curador.

Assim, uma coleção nuclear consiste de um grupo limitado de acessos, escolhidos dentre uma coleção de germoplasma, para representar o espectro genético da coleção completa, incluindo o máximo possível da diversidade genética (BROWN, 1995).

A coleção nuclear deve ser delineada com base em informações sobre a origem e análises de diversidade genética dos acessos existentes no Banco de Germoplasma. De modo que os acessos escolhidos para compô-la representem o máximo possível da variabilidade genética, mantendo, no entanto, um número reduzido de acessos, visando facilitar o manuseio e reduzir os custos associados a conservação desses (BROWN, 1989a).

A partir do momento em que o estabelecimento de coleção nuclear foi considerado ferramenta efetiva para o gerenciamento do banco de genes, o “*Internacional Board for Plant Genetic Resources*” (IBPGR) decidiu adotá-la como política, para encorajar seu estabelecimento.

Deve-se entender que as coleções nucleares não são estabelecidas para substituir a coleção de germoplasma, mas para reter grande parte da diversidade genética em uma coleção menor, de forma mais acessível aos usuários, podendo ser considerada como amostra permanente disponível, ou criada em resposta a uma necessidade específica (ZEULI; QUALSET, 1993).

Uma boa coleção nuclear deve conservar o máximo possível da diversidade genética dentro da coleção de germoplasma, não ter redundância, representar a coleção base em relação a espécies, subespécies, e regiões geográficas, e ser ampla para permitir inferências sobre a coleção base, no entanto pequena para facilitar o manejo dos recursos genéticos (BROWN, 1989a). Um número reduzido de acessos na coleção nuclear possibilita uma avaliação mais detalhada para muitos outros caracteres, especialmente aqueles difíceis e/ou de alto custo para se avaliar.

Desde que Frankel (1984) propôs o conceito de coleção nuclear, trabalhos foram realizados sobre a teoria e a prática do uso de coleções nucleares, incluindo muitos

exemplos de sua adequação. As coleções nucleares têm se tornado ferramentas úteis para melhorar a conservação e o uso das coleções, passando a ser sugerida no manejo de recursos genéticos. O Plano Global de Ação para a Conservação e Utilização Sustentável de Recursos Genéticos de Plantas para a Alimentação e a Agricultura recomenda o desenvolvimento de coleção nuclear com o objetivo principal de melhorar a conservação da coleção e tornar seu uso mais eficiente (VAN HINTUM *et al.*, 2000).

Segundo Brown (1989b) o estabelecimento de coleção nuclear resulta em vantagens para os curadores e para os melhoristas. A coleção nuclear implica numa mudança na organização da coleção, estabelecendo dois níveis hierárquicos: a coleção nuclear e a coleção reserva. Baseado nisso, os curadores podem priorizar os acessos da coleção nuclear, em relação as atividades de conservação, regeneração, caracterização e avaliação.

A coleção nuclear é o primeiro passo na procura por alelos desejáveis, e se necessário pode-se pesquisar na coleção reserva. Entretanto, esta pesquisa pode ser restrita entre aquelas entradas representadas pelos acessos na coleção que mostraram performance superior para as características avaliadas, reduzindo custos (HOLBROOK *et al.*, 1993).

O levantamento realizado pelo “*International Plant Genetic Resources Institute*” (IPGRI) nos bancos de germoplasma, avaliando os aspectos envolvidos na implementação de coleção nuclear, demonstrou que geralmente mais de um critério é usado para estabelecer a coleção nuclear. Entre esses, o mais usado foi a origem geográfica dos acessos (95% das coleções nucleares), seguido das características morfológicas (77%), dos grupos taxonômicos específicos e intraespecíficos (63%), regiões ecogeográficas (34%) e marcadores moleculares (10%) (BROWN *et al.*, 1999).

Embora a coleção nuclear deva armazenar o máximo de diversidade possível, em muitos casos é dada alta prioridade para características de interesse econômico, reduzindo a variabilidade da coleção nuclear, mas aumentando a utilidade desta. Tal mudança pode ser vista como uma evolução do conceito de coleção nuclear, agora definido como uma coleção de germoplasma que representa uma específica diversidade genética (HINTUM *et al.*, 1999).

O desenvolvimento de uma coleção nuclear é, basicamente, um exercício de amostragem que adota como critério a ser maximizado, a representação dos alelos existentes na coleção inicial. No entanto, nem todos os alelos devem ser incluídos na coleção nuclear, pois é impossível incluir toda a variação genética numa amostra

reduzida, além disso, nem todos os alelos têm igual valor para o uso futuro em programas de melhoramento (FRANKEL; BROWN, 1984; ALLARD, 1992; FRANKEL *et al.*, 1995).

Na prática, a maioria das coleções nucleares possui entre 5% e 20% dos acessos das coleções das quais elas foram estabelecidas (VAN HINTUM *et al.*, 2000). De modo geral, a correlação é negativa entre o tamanho da coleção base e a sua porcentagem amostrada para formar a coleção nuclear. Assim, coleções base de tamanho de algumas centenas de acessos apresentam coleção nuclear em torno de 25%, enquanto coleções da ordem de dez mil acessos apresentam uma coleção nuclear em torno de 5% ou menos (BROWN *et al.*, 1999).

Yonezawa *et al.* (1995) concluíram que o tamanho ótimo da coleção nuclear depende do grau da redundância genética entre os acessos, dos recursos para a manutenção dos acessos da coleção nuclear e da frequência necessária para regeneração dos acessos. Os autores não encontraram um tamanho ótimo, mas a proporção de 20% a 30% foi recomendada. Bisht *et al.* (1998) e Charmet e Balfourier (1995) analisando o tamanho e a estratégia de agrupamento encontraram como ótimo o tamanho de 5% a 10%, representando 75% a 90% da diversidade. Em contraste, Noirot *et al.* (1996) tem sugerido a necessidade de percentagens maiores (20-30%), principalmente quando o objetivo é representar a diversidade genética de características com herança quantitativa.

Além dos aspectos genéticos descritos acima, outras considerações como recursos disponíveis, disponibilidade de área, necessidades dos usuários, entre outras, guiará o curador na decisão do tamanho da coleção nuclear. De modo que é preferível em alguns casos ter uma pequena, mas bem utilizada coleção do que uma grande, mas raramente requisitada (VAN HINTUM *et al.*, 2000).

Decidido o tamanho da coleção nuclear segue-se a escolha da estratégia de amostragem para identificar os acessos que irão compor a coleção. Duas estratégias de amostragem têm sido discutidas, a amostragem aleatória simples e a amostragem estratificada ao acaso (BROWN, 1989b; HU *et al.*, 2000).

A amostragem aleatória simples permite que cada acesso na coleção tenha a mesma chance de ser incluído na coleção nuclear. Esta estratégia é fácil de ser executada e livre de viés. Zeuli e Qualset (1993) sugerem utilizar a amostragem aleatória simples para montar a coleção nuclear, quando a coleção base apresentar pouco ou nenhum dado de caracterização e avaliação.

Na estratégia de amostragem estratificada ao acaso, a coleção é dividida em grupos ou estratos não sobrepostos, seguidos pela amostragem aleatória simples dentro de cada grupo. Tal estratégia é mais adequada quando a coleção pode ser agrupada por características ou categorias como: espécies, subespécies, regiões geográficas, cultivares, grupos de maturação, número de cromossomos, resistência a doenças, tolerância a estresses entre outros caracteres (BROWN, 1989a).

Uma estratégia alternativa para a seleção dos acessos é a técnica de agrupamento de Tocher com critério de aglomeração invertido, proposta por Vasconcelos *et al.* (2007). Esta técnica consiste na formação de um único grupo, a partir do agrupamento de acessos com maior dissimilaridade, que correspondem à coleção nuclear. O emprego do agrupamento de Tocher com critério de aglomeração invertido tem sido empregado com sucesso no estabelecimento de coleções nucleares (VASCONCELOS *et al.*, 2007; MARTINS *et al.*, 2011; OLIVEIRA, 2011).

Estabelecida a coleção nuclear, é necessário avaliar a sua representatividade e o seu grau de repetitividade. Para validar a coleção nuclear comumente compara-se esta com a coleção inicial da qual foi obtida. O conceito estatístico de representatividade é difícil de ser aplicado para definir a qualidade da coleção nuclear em relação à coleção inicial, pois se apenas o significado estatístico for levado em consideração, representatividade da coleção nuclear pode significar média, variância, simetria e curtose semelhantes ou iguais à coleção base (OLIVEIRA, 2011).

A representatividade da coleção nuclear em relação à coleção inicial para fins de melhoramento significa manutenção da variabilidade genética, ou seja, são desejáveis igualdade entre médias, amplitudes, correlações entre as características das coleções. Significa também diferenças entre as distribuições uma vez que ocorrem desigualdades de variância (variância da coleção inicial < variância da coleção nuclear) e curtose (curtose da coleção inicial > curtose da coleção nuclear) (OLIVEIRA, 2011).

Um erro muito frequente, no processo de validação, é usar somente a variância (CHARMET; BALFOURIER, 1995) ou a média de características quantitativas como medida de validação. Esse erro é cometido quando é considerado que a variância e/ou a média da coleção nuclear deveriam ser o mais próximo possível daquelas da coleção inicial. Uma coleção nuclear deve captar o maior número de alelos diferentes possíveis, incluindo os extremos, de forma que a distribuição das características quantitativas seja diferente e mais uniforme que na coleção inicial. Este fato ocasionará o aumento da variância e poderá alterar a média (OLIVEIRA, 2011). Por esta razão a amplitude das

características quantitativas tem sido o melhor critério para avaliar a qualidade da coleção nuclear (HOLBROOK *et al.*, 1993), indicando se todos os extremos estão representados (HOLBROOK *et al.*, 1999).

A amplitude da coleção nuclear em relação à coleção inicial é avaliada através do índice de coincidência da amplitude (CA). Também conhecido por coeficiente de similaridade ou índice de retenção da variabilidade – IRV (OLIVEIRA, 2005). Este índice inicialmente era utilizado apenas para a validação de coleções nucleares quanto a caracteres quantitativos (DIWAN *et al.*, 1995; SKINNER *et al.*, 1999; MALOSETTI; ABADIE, 2001). Recentemente, Martins (2011) utilizou este índice considerando as amplitudes de características quantitativas, multicategóricas e moleculares.

Skinner *et al.* (1999) utilizaram a amplitude das características para avaliar a representatividade da coleção nuclear, obtendo grandes desvios padrões das características na coleção nuclear em relação à coleção total, o que segundo os autores era esperado devido à amostragem dos extremos. Em trabalho utilizando o índice de coincidência da amplitude como critério para estabelecimento de coleção nuclear de acessos de alfafa, Diwan *et al.* (1995) obtiveram valores entre 74% e 81% de índice de coincidência da amplitude entre as coleções estabelecidas e a coleção inicial. Enquanto Malosetti e Abadie (2001) em trabalho com milho obtiveram 91% de índice de coincidência da amplitude entre a coleção estabelecida e a inicial.

Como nas estimativas de diversidade genética, as coleções nucleares propostas consideram apenas informações de passaporte ou de grupos separados de características, quantitativas, qualitativas ou moleculares. Considerando que o estabelecimento de coleção nuclear visa conservar o máximo de variabilidade genética com o menor número de acessos possível. Acredita-se que a utilização em conjunto de informações de natureza quantitativa e qualitativa resulte na formação de melhores coleções nucleares, ou seja, coleções capazes de conservar maior quantidade de variabilidade associada a um menor número de acessos amostrados.

2.6 Composição do óleo das sementes do gênero *Cucurbita*

O óleo da semente de *C. pepo* apresenta coloração verde-escura, sabor e aroma característicos, contém cerca de 98% de ácidos graxos, dos quais cerca de 70% são ácidos graxos insaturados. Os principais ácidos graxos são o linoléico - 18:2 (35,2 – 60,8%), oléico - 18:1 (21,0- 46,9%), palmítico - 16:0 (9,5 -14,5%) e esteárico - 18:0

(3,1 – 7,4%). Além desses, alguns traços de ácidos graxos polinsaturados como o linolênico - 18:3 (0,2%) foram encontrados (MURKOVIC *et al.*, 1996; ALFAWAZ, 2004; STEVENSON *et al.*, 2007). Os 2% restantes, consistem de hidrocarbonetos, álcoois graxos, carotenóides, pigmentos, tocoferóis e tocotrienóis, fitoesteróis, compostos fenólicos e pequenos compostos glicéricos (RYAN *et al.*, 2007).

Composição semelhante é observada nas sementes de *C. maxima*, estas possuem acima de 70% de ácidos graxos insaturados. Segundo Jamieson (1943) as frações de ácidos graxos de *C. maxima* cultivadas na América do Norte é composta por 6% de ácido esteárico, 12% de ácido palmítico, 35% de ácido oléico e 41% de ácido linoléico. Em *C. moschata*, o extrato lipídico de abóboras derivadas desta espécie, cultivadas no Egito, apresentou 6,3% de ácido palmítico, 13,1% de ácido esteárico, 26,2% de ácido oléico e 53,2% de ácido linoléico (AL-KHALIFA, 1996).

Estudando sementes de abóbora, Tsaknis *et al.* (1997) observaram que os ácidos graxos insaturados predominantes foram o linoléico (42%) e o oléico (38%). Já os ácidos graxos saturados predominantemente encontrados foram o palmítico (12,7%) e o esteárico (6%). Os autores concluíram que o óleo extraído das sementes de abóbora é similar a diversos óleos vegetais extensamente usados (algodão, milho, entre outros). Em pesquisa semelhante, Amoo *et al.* (2004) investigaram várias propriedades físico-químicas do óleo extraído das sementes com solventes apolares. Em ambos os trabalhos, os autores concluíram que o óleo proveniente das sementes de abóbora tem potencial para substituir, em muitos casos, óleos comumente usados.

Apesar da semelhança de composição entre os óleos extraídos das sementes de *Cucurbita* sp., a espécie *C. pepo* possui em alguns genótipos, a característica semente sem casca (*hull-less*), que torna o processo de extração do óleo simplificado em relação as demais espécies de sementes com casca, por essa vantagem, a produção comercial de óleo tem se restringido às sementes da espécie *C. pepo* (ALFAWAZ, 2004; STEVENSON *et al.*, 2007).

2.6.1 Utilizações do óleo das sementes do gênero *Cucurbita*

Em muitos países, as sementes de cucurbitáceas são comumente exploradas para a produção de óleo. Na Iugoslávia, o óleo produzido das sementes de abóbora, tem lugar de destaque entre os demais óleos vegetais comestíveis. Na Nigéria, as sementes são comumente utilizadas nas aldeias para a extração do óleo (KAMEL *et al.*, 1982). Na

Áustria a utilização das sementes de *C. pepo* para a extração de óleo para salada acontece há mais de 100 anos e o óleo extraído da semente é aproveitado como tempero para saladas em função de seu aroma e sabor característico (EL-ADAWY; TAHA, 2001). Para exploração de biocombustíveis, alguns trabalhos tem sido realizados na Europa, visando à inclusão do gênero *Cucurbita* dentre as espécies passivas de serem exploradas para suprimento da matriz energética. Schinas *et al.* (2009) afirma que, apesar de ter detectado alto teor de óleo em sementes de *C. pepo* (45%) e com elevadas propriedades físico-químicas e esta constituir-se numa cultura de baixo custo de produção, ainda há dificuldade de produção em larga escala. Ressaltam, ainda, que a emissão de gases deste biocombustível comparado a proveniente de outras espécies oleaginosas carece de mais estudos.

Em regiões da Iugoslávia, Áustria, Hungria e Eslovênia o cultivo de *C. pepo* destina-se primariamente a produção de sementes, visando o consumo destas como alimento, após tostadas, ou como fonte para a produção de óleo para saladas (MURKOVIC *et al.*, 1996; WINKLER, 2000).

Segundo Lazos (1992), o óleo das sementes de Cucurbitáceas, em virtude da alta concentração de ácidos graxos insaturados, tem sido sugerido como substituto dos óleos saturados nas dietas. Outros efeitos benéficos do consumo do óleo das sementes de abóbora a saúde humana também foram relatados. Segundo Gossel-Williams *et al.* (2006), o óleo das sementes de abóbora pode atuar inibindo a hiperplasia da próstata induzida pela testosterona, tornando o óleo útil no tratamento da hiperplasia prostática benigna. Atribuiu-se também ao óleo das sementes de abóbora, efeito inibidor da progressão de problemas relacionados à hipertensão e artrites, e como atuante na redução dos níveis de câncer de mama, do pulmão, do estômago e colorretal (STEVENSON *et al.*, 2007).

Na medicina popular, as sementes são utilizadas como vermífugo, devido à ação anti-helmíntica que apresentam. Além disso, pesquisas toxicológicas com ratos mostraram que o extrato hidroalcoólico de sementes da moranga, na dose de 5000 mg.kg⁻¹, não acarreta toxicidade aguda e apresenta boa margem de segurança (CRUZ *et al.*, 2006).

Embora haja o consumo dessas sementes em determinadas regiões do mundo, tal aproveitamento corresponde apenas a uma pequena parcela das sementes de abóbora que são desperdiçadas cotidianamente. Para minimizar esse desperdício e agregar benefícios econômicos ao produtor da abóbora, a extração do óleo presente nas

sementes é uma das principais alternativas. Além do óleo, a farinha obtida após a prensagem das sementes é um alimento em potencial uma vez que as sementes de abóbora apresentam elevado teor protéico (58 – 64%) e certas propriedades funcionais e eletroforéticas (LAZOS, 1992).

2.6.2 Variabilidade genética para concentração e composição de ácidos graxos do óleo de sementes do gênero *Cucurbita*

Estudo de variabilidade genética entre 12 cultivares de moranga (*C. maxima*) foi realizado por Stevenson *et al.* (2007), tendo observado variações de 10,9 a 30,9% quanto à concentração de óleo, de 73,1 a 80,5% na concentração de ácidos graxos insaturados e uma variabilidade ainda mais expressiva quanto a concentração de tocoferol. Este é um dos poucos estudos feitos com outra espécie do gênero *Cucurbita*, além da *C. pepo*.

Applequist *et al.* (2006), avaliaram variedades de quatro espécies do gênero *Cucurbita* quanto à composição dos ácidos graxos das sementes. Os autores afirmaram que, em produção comercial de óleo sementes de abóbora, variedades de *C. pepo* são comumente empregadas em razão destas produzirem sementes sem casca “*hull-less*”, o que simplifica o processamento das sementes. Por outro lado, estes autores consideraram que certas cultivares de outras espécies, especialmente *C. moschata*, podem conter lipídios de igual, ou melhor, qualidade, representando fontes de recursos genéticos para o desenvolvimento de novas variedades. Acrescentam ainda que algumas cultivares primitivas (*landraces*) que apresentam pequenos frutos e outras características agronômicas inferiores, muitas vezes tem na semente elevada concentração de óleo, o que sugere o uso de acessos, como fonte valiosa de variabilidade genética para o melhoramento de espécies oleaginosas de *Cucurbita* sp.

2.6.3 Pré-melhoramento de abóbora para óleo funcional

Embora o cenário tenha apresentado mudanças na concepção de interação de recursos genéticos e programas de melhoramento, ainda existe uma lacuna entre essas atividades (NASS *et al.*, 2001). O processo de pré-melhoramento serve de elo entre pesquisa de coleta e conservação da variabilidade dos recursos genéticos e a exploração da diversidade genética disponível nos programas.

Conceitua-se pré-melhoramento como o conjunto de atividades que visam à identificação de caracteres e/ou genes de interesse, presentes em germoplasma exótico e germoplasma semiexótico (PATERNIANI *et al.*, 2000). Programas de pré-melhoramento como os de sorgo, tomate e milho são relatados (SMITH; DUVICK, 1989; HOYT, 1992; PATERNIANI *et al.*, 2000) como importantes estratégias para a formação dos materiais modernos, adaptados a climas diferenciados, resistentes a moléstias, de melhor qualidade de grãos, tolerantes a estresse abiótico e com melhor estabilidade.

Considerando o pré-melhoramento de abóbora, verifica-se que a produção de frutos ricos em carboidratos é geralmente tema de maior preocupação, sendo a produção de sementes raramente investigada. Entretanto, quando relatada, observa-se grandes variações no tamanho de sementes, no número de sementes por fruto e, em plantas de variedades tradicionais, no número de frutos por planta. Tais observações indicam que a seleção deve aumentar a produtividade de sementes por fruto. Como exemplo, estima-se que a produtividade de *C. foetidissima*, *C. digitata* e *C. palmata*, em cultivo nativo em áreas desérticas, seja de 230 a 1360 kg de sementes/ha. Tal produtividade assemelha-se à de sementes de espécies oleaginosas cultivadas comercialmente.

Berenji e Papp (2000) trabalhando com moranga (*C. maxima*) realizaram estudo de correlações entre características dos frutos e das sementes de abóbora. Os autores observaram que o peso dos frutos, peso das sementes por fruto, massa de sementes e o teor de óleo das sementes podem ser alterados e combinados conforme o objetivo do programa de melhoramento, em função da baixa correlação entre essas características.

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGRIANUAL. **Anuário da agricultura brasileira**. São Paulo. 2010.

ALFAWAZ, M. A. Chemical composition and oil characteristics of pumpkin (*Cucurbita maxima*) seed kernels. **Food Science Agricultural Research Bull**, v. 129, p. 5-18, 2004.

AL-KHALIFA, A. S. Physicochemical characteristics, fatty acid composition, and lipoxigenase activity of crude pumpkin and melon seed oils. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 44, n. 4, p. 964-966, 1996.

ALLARD, R. W. Predictive methods for germplasm identification. In: Stalker HT, Murphy JP (Ed.) **Plant breeding in the 1990's**. Oxon: Wallingford, 1992. p.119- 146.

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. Edgard Blucher, 1971.

AL-ZUHAIR, H. A. L.; ABD EL-FATTAH, A. A.; EL-SAYED, M. I. Pumpkin-seed oil modulates the effect of felodipine and captopril in spontaneously hypertensive rats. **Pharmacological Research**, v. 41, n. 5, p. 555-563, 2000.

AL-ZUHAIR, H.; ABD EL-FATTAH, A. A.; ABD EL LATIF, H. A. Efficacy of simvastatin and pumpkin-seed oil in the management of dietary-induced hypercholesterolemia. **Pharmacological Research**, v. 35, n. 5, p. 403-408, 1997.

AMARAL JÚNIOR, A. T.; CASALI, V. W. D.; CRUZ, C. D.; FINGER, F. L. Divergência genética entre acessos de moranga do banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Viçosa. **Horticultura Brasileira**, v. 17, p. 3-6, 1999.

AMOO, I. A.; ELEYINMI, A. F.; ILELABOYE, N. O. A.; AKOJA, S. S. Characterisation of oil extracted from gourd (*Cucurbita maxima*) seed. **Journal of Food Agriculture and Environment**, v. 2, p. 38-39, 2004.

ANDRES, T. C. An overview of the Oil Pumpkin. **Report Cucurbit Genetics Cooperative**, v. 23, p. 87-88, 2000.

APPLEQUIST, W. L.; AVULA, B.; SCHANEBERG, B. T.; WANG, Y. H.; KHAN, I. A. Comparative fatty acid content of seeds of four *Cucurbita* species grown in a common (shared) garden. **Journal of Food Composition and Analysis**, v. 19, n. 6, p. 606-611, 2006.

BENTO, C. S.; SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; PEREIRA, M. G. Descritores qualitativos e multicategóricos na estimativa da variabilidade fenotípica entre acessos de pimentas. **Scientia Agraria**, v. 8, n. 2, p. 149-156, 2007

BERENJI, J.; PAPP, D. Interrelations among fruit and seed characteristics of oil pumpkin. In: **VII EUCARPIA MEETING ON CUCURBIT GENETICS AND BREEDING 510**, 2000, **Anais.**, 2000. p. 101-104.

- BISHT, I. S.; MAHAJAN, R. K.; LOKNATHAN, T. R.; AGRAWAL, R. C. Diversity in Indian sesame collection and stratification of germplasm accessions in different diversity groups. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 45, n. 4, p. 325-335, 1998.
- BROWN, A. H. D. Core collections: a practical approach to genetic resources management. **Genome**, v. 31, n. 2, p. 818-824, 1989b.
- BROWN, A. H. D. The case for core collections. In: BROWN, A. H. D. F., O. H.; MARSHALL, D. R.; WILLIAMS, J. T. (Ed.). **The use of plant genetic resources**. Cambridge: Cambridge University Press: IPGRI. p. 136-156, 1989a
- BROWN, A. H. D. The core collection at the crossroads. In: HODGKIN, T. B., A. H. D.; HINTUM, T. J. L. VAN; MORALES, E. A. V. (Ed.). **Core collections of plant genetic resources**. 1995. p.
- BROWN, A. H. D.; SPILLANE, C.; JOHNSON, R. C.; HODGKIN, T. Implementing core collections principles, procedures, progress, problems and promise. In: JOHNSON, R. C.; HODGKIN, T. (Ed.). **Core collections for today and tomorrow**. Rome, Italy: IPGRI, 1999. p. 1-9.
- BUZAR, A. G. R.; OLIVEIRA, V. R.; BOITEUX, L. S. Estimativa da diversidade genética de germoplasma de cebola via descritores morfológicos, agronômicos e bioquímicos. **Horticultura Brasileira**, v. 25, n. 04, p. 513-518, 2007.
- CAILI, F.; HUAN, S.; QUANHONG, L. A review on pharmacological activities and utilization technologies of pumpkin. **Plant Foods for Human Nutrition (Formerly Qualitas Plantarum)**, v. 61, n. 2, p. 70-77, 2006.
- CERQUEIRA, P. M.; FREITAS, M. C. J.; PUMAR, M.; SANTANGELO, S. B. Efeito da farinha de semente de abóbora (*Cucurbita maxima*, L) sobre o metabolismo glicídico e lipídico em ratos. **Revista de nutrição**, v. 21, n. 2, p. 129-136, 2008
- CHARMET, G.; BALFOURIER, F. The use of geostatistics for sampling a core collection of perennial ryegrass populations. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 42, n. 4, p. 303-309, 1995.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco-MG: Suprema, 2011. 620 p.
- CRUZ, R.; MEURER, C.; SILVA, E.; SCHAEFER, C.; SANTOS, A.; BELLA CRUZ, A.; CECHINEL FILHO, V. Toxicity Evaluation of *Cucurbita maxima*. Seed Extract in Mice. **Pharmaceutical biology**, v. 44, n. 4, p. 301-303, 2006.
- DIWAN, N.; MCINTOSH, M.; BAUCHAN, G. Methods of developing a core collection of annual Medicago species. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 90, n. 6, p. 755-761, 1995.

- DU, X.; SUN, Y.; LI, X.; ZHOU, J. Genetic divergence among inbred lines in *Cucurbita moschata* from China. **Scientia Horticulturae**, v. 127, n. 3, p. 207-213, 2011.
- EI-AZIZ, A. B. A.; EI-KALEK, H. H. A.; CITY, N. Antimicrobial proteins and oil seeds from pumpkin (*Cucurbita moschata*). **Nature and Science**, v. 9, n. 3, p. 105-119, 2011.
- EL-ADAWY, T. A.; TAHA, K. M. Characteristics and composition of watermelon, pumpkin, and paprika seed oils and flours. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 49, n. 3, p. 1253-1259, 2001.
- FAHIM, A. T.; ABD-EL FATTAH, A. A.; AGHA, A. M.; GAD, M. Z. Effect of pumpkin-seed oil on the level of free radical scavengers induced during adjuvant-arthritis in rats. **Pharmacological Research**, v. 31, n. 1, p. 73-79, 1995.
- FERREIRA, M. Abóboras e Morangas das Américas para o Mundo. In: BARBIERI, R. L. e STUMPF, E. R. T. (Eds.). **Origem e evolução de plantas cultivadas** ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. p. 59-88.
- FILGUEIRA, F. A. R. **Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. 3. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2007. 421 p.
- FRANCO, J.; CROSSA, J.; TABA, S.; SHANDS, H. A sampling strategy for conserving genetic diversity when forming core subsets. **Crop Science**, v. 45, n. 3, p. 1035-1044, 2005.
- FRANKEL, O. H. Genetic perspectives of germplasm conservation. In: ARBER, W. K.; LLIMENSEE, K.; PEACOCK, W. J.; STARLINGER, P. (Eds.) **Genetic manipulation: impact on man and society**. Cambridge: Cambridge University Press, 1984. p. 161-170.
- FRANKEL, O. H.; BENNETT, E. **Genetic resources in plants: their explorations and conservation**. Oxford: Blackwell, 1970. 554p. (International Biological Programme, Handbook, 11).
- FRANKEL, O. H.; BROWN, A. H. D. Plant genetic resources today: a critical appraisal. In. **Crop genetic resources: conservation and evaluation**., 1984. p. 249-257.
- FRANKEL, O. H.; BROWN, A. H. D.; BURDON, J. J. **The conservation of plant biodiversity**. Cambridge University Press, 1995.
- FRANKEL, O. H.; SOULÉ, M. **Conservation and evolution**. Londres: Cambridge University Press, 1981. 327p.
- FRUHWIRTH, G. O.; HERMETTER, A. Seeds and oil of the Styrian oil pumpkin: Components and biological activities. **European Journal of Lipid Science and Technology**, v. 109, n. 11, p. 1128-1140, 2007.

- GEPTS, P. Plant genetic resources conservation and utilization. **Crop Science**, v. 46, n. 5, p. 2278-2292, 2006.
- GOEDERT, C. Conservação *ex situ* de recursos genéticos de plantas: caso Embrapa. **Magistra**, v. 18, p. 15-18, 2006.
- GONÇALVES, L.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; KARASAWA, M.; SUDRÉ, C. Heirloom tomato gene bank: assessing genetic divergence based on morphological, agronomic and molecular data using a Ward-modified location model. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 1, p. 364-374, 2009.
- GONÇALVES, L.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.; KARASAWA, M.; SUDRÉ, C. Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. **Genetics and Molecular Research**, v. 7, n. 4, p. 1289-1297, 2008.
- GOSSELL-WILLIAMS, M.; DAVIS, A.; O'CONNOR, N. Inhibition of testosterone-induced hyperplasia of the prostate of sprague-dawley rats by pumpkin seed oil. **Journal of Medicinal Food**, v. 9, n. 2, p. 284-286, 2006.
- GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, p. 857-871, 1971.
- GUARINO, L.; RAO, V. R.; REID, R. **Collecting plant genetic diversity: technical guidelines**. CAB international, 1995.
- HINTUM, T. J. L.; JOHNSON, R.; HODGKIN, T. The general methodology for creating a core collection. In: JOHNSON, R. C. H., T. (Ed.). **Core collections for today and tomorrow**.ed., 1999. p. 10-17.
- HOLBROOK, C. C.; ANDERSON, W. F.; PITTMAN, R. N. Selection of a core collection from the US germplasm collection of peanut. **Crop Science**, v. 33, n. 4, p. 859-861, 1993.
- HOLBROOK, C.; JOHNSON, R.; HODGKIN, T. Testing and utilization of a core collection for the US germplasm collection of peanut. In: JOHNSON, R. C. H., T. (Ed.). **Core collections for today and tomorrow**.ed., 1999. p. 68-73.
- HOLDEN, J. The second ten years. **Crop genetic resources: Conservation and Evaluation**. London: **G. Allen and Unwin**, 1984.
- HOYT, E. **Conservação dos parentes silvestres das plantas cultivadas**. Addison-Wesley Iberoamericana, 1992.
- HU, J.; ZHU, J.; XU, H. Methods of constructing core collections by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic values of crops. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 101, n. 1, p. 264-268, 2000.
- JAMIESON, G. S. **Vegetable fats and oils**. Reinhold, 1943.

JARAMILLO, S.; BAENA, M. **Material de apoyo a la capacitación en conservación ex situ de recursos fitogenéticos**. Cali: Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos 2000.

KAMEL, B.; DEMAN, J.; BLACKMAN, B. Nutritional, fatty acid and oil characteristics of different agricultural seeds. **International Journal of Food Science & Technology**, v. 17, n. 2, p. 263-269, 1982.

KARASAWA, M.; RODRIGUES, R.; SUDRÉ, C. P.; SILVA, M. P.; RIVA, E. M.; AMARAL JUNIOR, A. T. Aplicação de métodos de agrupamento na quantificação da divergência genética entre acessos de tomateiro. **Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 4, p. 1000-1005, 2005.

LAZOS, E. S. Certain functional properties of defatted pumpkin seed flour. **Plant Foods for Human Nutrition (Formerly Qualitas Plantarum)**, v. 42, n. 3, p. 257-273, 1992.

MALOSETTI, M.; ABADIE, T. Sampling strategy to develop a core collection of Uruguayan maize landraces based on morphological traits. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 48, n. 4, p. 381-390, 2001.

MARITA, J. M.; RODRIGUEZ, J. M.; NIENHUIS, J. Development of an algorithm identifying maximally diverse core collections. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 47, n. 5, p. 515-526, 2000.

MARSHALL, D. Limitations to the use of germplasm collections. In: BROWN, A. H. D. F., O.H.; MARSHALL, D.R.; WILLIAMS, J. T. (Ed.). **The Use of Germplasm Collections**, ed. Cambridge: University Press, Cambridge, 1989. p. 105-120.

MARTINS, F. A. **Integração de dados morfoagronômicos, moleculares e fitopatológicos para estabelecimento de coleção nuclear**. 2011. 106 f. Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, 2011.

MARTINS, F. A.; CARNEIRO, P. C. S.; DA SILVA, D. J. H.; CRUZ, C. D.; CARNEIRO, J. E. S. Integração de dados em estudos de diversidade genética de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 11, p. 1496-1502, 2011.

MENEZES SOBRINHO, J.; CHARCHAR, J.; ARAGÃO, F. Caracterização morfológicas de germoplasma de alho por análises multivariada componentes principais e variáveis canônicas. **Horticultura Brasileira**, v. 17, n. 2, p. 96-101, 1999.

MOHAMMADI, S.; PRASANNA, B. Analysis of genetic diversity in crop plants salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, v. 43, n. 4, p. 1235-1248, 2003.

MOURA, M. C. C. L.; ZERBINI, F. M.; DA SILVA, D. J. H.; DE QUEIROZ, M. A. Reação de acessos de *Cucurbita* sp. ao Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV). **Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 2, p. 206-210, 2005.

MURKOVIC, M.; HILLEBRAND, A.; WINKLER, J.; LEITNER, E.; PFANNHAUSER, W. Variability of fatty acid content in pumpkin seeds (*Cucurbita pepo* L.). **Zeitschrift für Lebensmitteluntersuchung und-Forschung A**, v. 203, n. 3, p. 216-219, 1996.

NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In: NASS, L. L. V., A.C.C.; MELO, I.S. DE; VALADARES INGLIS, M.C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantased**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 30-55.

NOIROT, M.; HAMON, S.; ANTHONY, F. The principal component scoring: a new method of constituting a core collection using quantitative data. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 43, n. 1, p. 1-6, 1996.

OLIVEIRA, M. F. **Avaliação de cinco estratégias de amostragem para a obtenção da coleção nuclear de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. 2011a. 143 f. (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 2011.

OLIVEIRA, M. S. P. **Caracterização molecular e morfo-agronômica de germoplasma de açaizeiro**. 2005. 171 f. (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras-MG, 2005.

OLIVEIRA, M. S. P.; AMORIM, E. P.; SANTOS, J. B.; FERREIRA, D. F. Diversidade genética entre acessos de açaizeiro baseada em marcadores RAPD. **Ciencia e Agrotecnologia**, v. 31, n. 6, p. 1645-1653, 2007.

PATERNIANI, E.; NASS, L.; SANTOS, M. X.; UDRY, C.; DUARTE, W. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil: uma abordagem histórica da utilização do germoplasma. In. **Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos**ed. Brasília: Paralelo, v. 15, 2000. p. 11-14.

PEIXOTO, N.; BRAZ, L. T.; BANZATTO, D. A.; MORAES, E. A.; MOREIRA, F. M. Características agronômicas, produtividade, qualidade de vagens e divergência genética em feijão-vagem de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 03, p. 447-451, 2002.

PEREIRA, A. **Utilização de análise multivariada na caracterização de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz)**. 1989. 180 f. (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, 1989.

PEREIRA, F. H. F.; PUIATTI, M.; MIRANDA, G. V.; SILVA, D. J. H.; FINGER, F. L. Divergência genética entre acessos de taro utilizando caracteres morfo-qualitativos de inflorescência. **Horticultura Brasileira**, v. 21, n. 3, 2003.

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

- RAMOS, S. R. R.; QUEIRÓZ, M. A.; CASALI, V. W. D.; CRUZ, C. D. Divergência genética em germoplasma de abóbora procedente de diferentes áreas do Nordeste. **Horticultura Brasileira**, v. 18, n. 3, 2000.
- RAMOS, S. R. R.; QUEIRÓZ, M. A.; CASALI, V. W. D.; CRUZ, C. D.; QUEIRÓZ, M.; GOEDERT, C.; RAMOS, S. Recursos genéticos de *Cucurbita moschata*: caracterização morfológica de populações locais coletadas no Nordeste brasileiro. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro**, v. 1, 1999.
- RAMOS, S.; QUEIROZ, M. A. Caracterização morfológica: experiência do BAG de cucurbitáceas da Embrapa Semi-Árido, com acessos de abóbora e moranga. **Horticultura Brasileira**, v. 17, p. 9-12, 1999.
- RAMOS, S.; QUEIROZ, M. A.; PEREIRA, T. Recursos genéticos vegetais: manejo e uso. **Magistra**, v. 19, p. 265-273, 2007.
- RIZZO, A. A. N.; BRAZ, L. T. Divergência genética entre cinco genótipos de melão rendilhado. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 2, 2002.
- RODRÍGUEZ AMAYA, D. Latin American food sources of carotenoids. **Archivos Latinoamericanos De Nutricion**, v. 49, n. 3, supl. 1, p. 74-84S, 1999.
- RYAN, E.; GALVIN, K.; O'CONNOR, T.; MAGUIRE, A.; O'BRIEN, N. Phytosterol, squalene, tocopherol content and fatty acid profile of selected seeds, grains, and legumes. **Plant Foods for Human Nutrition (Formerly Qualitas Plantarum)**, v. 62, n. 3, p. 85-91, 2007.
- SCHINAS, P.; KARAVALAKIS, G.; DAVARIS, C.; ANASTOPOULOS, G.; KARONIS, D.; ZANNIKOS, F.; STOURNAS, S.; LOIS, E. Pumpkin (*Cucurbita pepo* L.) seed oil as an alternative feedstock for the production of biodiesel in Greece. **Biomass and Bioenergy**, v. 33, n. 1, p. 44-49, 2009.
- SILVA, D. J. H.; MOURA, M.; CASALI, V. W. D. Recursos genéticos do banco de germoplasma de hortaliças da UFV: histórico e expedições de coleta. **Horticultura Brasileira**, v. 19, n. 2, p. 108-114, 2001.
- SKINNER, D.; BAUCHAN, G.; AURICHT, G.; HUGHES, S.; JOHNSON, R.; HODGKIN, T. Developing a core collection from a large annual *Medicago* germplasm collection. **Core collections for today and tomorrow.**, p. 61-67, 1999.
- SMITH, J. S. C.; DUVICK, D. N. Germplasm collections and the private plant breeder. In. **The use of plant genetic resources.** ed. New York: Cambridge University, 1989. p. 17-31.
- STEVENSON, D. G.; ELLER, F. J.; WANG, L.; JANE, J. L.; WANG, T.; INGLET, G. E. Oil and tocopherol content and composition of pumpkin seed oil in 12 cultivars. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 55, n. 10, p. 4005-4013, 2007.

- SUDRÉ, C. P.; CRUZ, C. D.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; SILVA, D. J. H.; PEREIRA, T. N. S. Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. **Horticultura Brasileira**, v. 24, n. 01, p. 88-93, 2006.
- SUDRÉ, C. P.; LEONARDECZ, E.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; MOURA, M. C. L.; GONÇALVES, L. S. A. Genetic resources of vegetable crops: a survey in the Brazilian germplasm collections pictured through papers published in the journals of the Brazilian Society for Horticultural Science. **Horticultura Brasileira**, v. 25, n. 4, p. 496-503, 2007.
- SUDRÉ, C.; GONÇALVES, L.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; RIVA-SOUZA, E.; BENTO, C. S. Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 9, n. 01, p. 283-294, 2010.
- TOQUICA, S. P.; RODRÍGUEZ, F.; MARTÍNEZ, E.; CRISTINA DUQUE, M.; TOHME, J. Molecular characterization by AFLPs of *Capsicum* germplasm from the Amazon department in Colombia. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 50, n. 6, p. 639-647, 2003.
- TORRES FILHO, J.; NUNES, G. H. S.; VASCONCELOS, J. J. C.; COSTA FILHO, J. H.; COSTA, G. G. Caracterização morfológica de acessos de meloeiro coletados no nordeste brasileiro. **Revista Caatinga**, v. 22, n. 3, 2009.
- TSAKNIS, J.; LALAS, S.; LAZOS, E. S. Characterization of crude and purified pumpkin seed oil. **Grasas y aceites**, v. 48, n. 5, p. 267-272, 1997.
- VALOIS, A. C. C.; SALOMÃO, A. N.; ALLEM, A. C. **Glossário de recursos genéticos vegetais**. Embrapa-SPI: Embrapa-Cenargen, 1996.
- VAN HINTUM, T. J. L.; BROWN, A. H. D.; SPILLANE, C.; HODKIN, T. **Core collections of plant genetic resources**. Bioversity International, 2000.
- VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; FERREIRA, A. Estratégias de amostragem e estabelecimento de coleções nucleares. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 42, n. 4, p. 507-514, 2007.
- WINKLER, J. Breeding of hull-less seeded pumpkins (*Cucurbita pepo*) for the use of the oil. In: **VII EUCARPIA MEETING ON CUCURBIT GENETICS AND BREEDING 510**, 2000, **Anais.**, 2000. p. 123-128.
- YONEZAWA, K.; NOMURA, T.; MORISHIMA, H. Sampling strategies for use in stratified germplasm collections. In: HEDGKIN T.;BROWN, A. H. D. V., T.J.L. (Ed.). **Core collections of plant genetic resources**.ed. Chichester: John Wiley & Sons, 1995. p.
- ZEULI, P. L. S.; QUALSET, C. Evaluation of five strategies for obtaining a core subset from a large genetic resource collection of durum wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 87, n. 3, p. 295-304, 1993.

ZEWDIE, Y.; TONG, N.; BOSLAND, P. Establishing a core collection of Capsicum using a cluster analysis with enlightened selection of accessions. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 51, n. 2, p. 147-151, 2004.

Divergência genética e estabelecimento de coleção nuclear de acessos de abóbora com base em caracteres morfoagronômicos

Resumo: Este trabalho teve como objetivos avaliar a diversidade genética e estabelecer coleção nuclear de acessos de abóbora (*Cucurbita moschata*) pertencentes ao BGH/UFV com base em caracteres morfoagronômicos. A diversidade genética entre os acessos foi estimada considerando caracteres quantitativos e qualitativos individualmente e conjuntamente. A existência de correlação entre as matrizes de dissimilaridade obtidas foi verificada pelo teste de Mantel e os acessos agrupados pelo método de Tocher. Para estabelecimento de coleção nuclear foram avaliadas três intensidades de amostragem dos acessos (20%, 30% e 40%). A amostragem dos acessos componentes de cada coleção foi realizada a partir do agrupamento de Tocher invertido, com base na matriz de similaridade soma e a partir da matriz de similaridade Gower. A validação das coleções foi realizada pela utilização do índice de coincidência da amplitude para cada grupo de características (quantitativas ou qualitativas). No estabelecimento da coleção nuclear verificou-se que inferências sobre diversidade baseadas em um grupo de características morfoagronômicas (quantitativas ou qualitativas), não podem ser extrapoladas ao outro e que o algoritmo de Gower e a soma algébrica de matrizes foram equivalentes, como medida de distância, apenas nas intensidades de amostragem de 30 e 40%. Há ampla variabilidade genética entre os acessos para as características morfoagronômicas. A coleção nuclear será estabelecida pelos acessos provenientes da coleção Gower ou Soma, sob intensidade de amostragem de 20%.

Palavras-chave: *Cucurbita moschata*, análise multivariada, germoplasma, recursos genéticos vegetais.

Genetic divergence and establishment of core collection accessions of pumpkin based on morphological characteristics

Abstract: This study aimed to evaluate the genetic diversity and establishing core collection of access to pumpkin (*Cucurbita moschata*) belonging to the genebank of Vegetables of Federal University of Viçosa (BGH/UFV) based on morphological characters. Genetic diversity among accessions was estimated considering quantitative and qualitative characters individually and jointly. The correlation between the dissimilarity matrices obtained was verified by the Mantel test and accessions were grouped Tocher method. For establishment of core collection were evaluated three sampling intensities of accesses (20%, 30% e 40%). Sampling of accesses components of each collection was conducted from Tocher group reversed, based on the similarity matrix sum and from the similarity matrix Gower. The validation of collection was performed by use of index coincidence of the amplitude for each group of characteristics (quantitative or qualitative). In the establishment of core collection has been found that inferences on diversity based in a group of agronomic characteristics (quantitative or qualitative), can not be extrapolated to other and that the Gower algorithm and the algebraic sum of matrices were equivalent, as measure of distance, only in the sampling intensities of 30 and 40%. There is wide genetic variability among accessions for agronomic characteristics. The core collection will be established by accessions from the Gower or Soma collection under sampling intensity of 20%.

Keywords: *Cucurbita moschata*, multivariate analysis, germplasm, plant genetic resources.

1. Introdução

A abóbora (*Cucurbita moschata* Duch.) é utilizada para fins industriais, alimentícios e medicinais. A diversidade dessa cultura no Brasil é representada por variedades tradicionais cultivadas pelos indígenas, quilombolas e produtores da agricultura familiar (FERREIRA, 2008).

A troca de sementes entre agricultores, a hibridação e a recombinação favoreceram a ampliação da variabilidade genética dessa cultura (FERREIRA, 2008). Parte dessa variabilidade encontra-se em bancos de germoplasma, como no Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH/UFV), que conserva aproximadamente 340 acessos de abóbora (*C. moschata*) (SILVA *et al.*, 2001).

A manutenção, a conservação e a caracterização dessa variabilidade em bancos de germoplasma são de suma importância para o melhoramento dessa espécie, pois otimizam o uso desse recurso genético (FRANCO *et al.*, 2005; GEPTS, 2006; SUDRÉ *et al.*, 2007; SUDRÉ *et al.*, 2010). Na caracterização dos acessos de um banco de germoplasma são utilizadas variáveis de natureza quantitativa e qualitativa (FRANCO *et al.*, 2001; GONÇALVES *et al.*, 2009; BARBÉ *et al.*, 2010). Dentre as qualitativas podem ser observadas as multicategóricas nominais e ordinais. Para cada grupo de variáveis de mesma natureza são utilizadas medidas de distância genética específicas. De forma geral, as análises de diversidade genética são realizadas considerando estes grupos de variáveis individualmente (AMARAL JÚNIOR *et al.*, 1999; MENEZES SOBRINHO *et al.*, 1999; RAMOS; QUEIROZ, 1999; MARITA *et al.*, 2000; RAMOS *et al.*, 2000; PEIXOTO *et al.*, 2002; RIZZO; BRAZ, 2002; MOHAMMADI; PRASANNA, 2003; TOQUICA *et al.*, 2003; ZEWDIE *et al.*, 2004; KARASAWA *et al.*, 2005; SUDRÉ *et al.*, 2006; BENTO *et al.*, 2007; BUZAR *et al.*, 2007; OLIVEIRA *et al.*, 2007).

Algumas metodologias de integração de dados de diferentes naturezas foram propostas para a análise de diversidade genética considerando simultaneamente diferentes grupos de variáveis. Destacam-se as estratégias de transformação de dados (MARTINS *et al.*, 2011), soma de matrizes de dissimilaridade (MARTINS *et al.*, 2011) e o algoritmo de Gower (GOWER, 1971). Entretanto, poucos trabalhos têm utilizado a estratégia de quantificar a divergência genética entre acessos de bancos de germoplasma considerando, simultaneamente, variáveis de diferentes naturezas.

A ênfase dada à conservação do germoplasma tem levado à formação de grandes coleções (FRANKEL; BENNETT, 1970). A acessibilidade e utilização de uma coleção é inversamente relacionada com o seu tamanho (FRANKEL; SOULÉ, 1981). Visando melhorar a utilização, acessibilidade e manutenção dos acessos em banco de germoplasma, Frankel (1984) propôs o estabelecimento de coleção nuclear. Uma coleção nuclear consiste num conjunto de acessos provenientes de uma coleção de germoplasma escolhido para representar a máxima variabilidade genética da coleção inicial ou base com o mínimo de redundância (BROWN *et al.*, 1999).

Assim, os objetivos com este trabalho foram avaliar a diversidade genética e estabelecer coleção nuclear de acessos de abóbora (*C. moschata*) pertencentes ao BGH/UFV com base em caracteres morfoagronômicos.

2. Material e métodos

Estabelecimento e condução da cultura no campo

O experimento foi conduzido no Campo Experimental (20°45'14" S, 42°52'53" W e 648,74 m) do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (DFT/UFV), Viçosa-MG, Brasil, de janeiro a julho de 2011. Foram utilizados 54 acessos de abóbora do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH/UFV), provenientes de diversas regiões geográficas (SILVA *et al.*, 2001) (Tabela 1).

Tabela 1 - Descrição da origem e ano de coleta de acessos de abóbora do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH/UFV). Viçosa, MG

Acesso (Nº BGH)	Origem		Ano
	Local	Coordenadas geográficas	
BGH-35	Teófilo Otoni-MG, Brasil	17°47'50" S e 41°29'55" O	1966
BGH-672	São Gonçalo do Sapucaí-MG, Brasil	21°53'14" S e 45°35'24" O	1966
BGH-900	Campinas-SP, Brasil	22°52'47" S e 47°03'35" O	1966
BGH-1207	Rio Casca-MG, Brasil	20°12'35" S e 42°39'32" O	1967
BGH-1219	Queimados-RJ, Brasil	22°42'32" S e 43°33'16" O	1967
BGH-1514	São José do Rio Pardo-SP, Brasil	21°34'48" S e 46°53'22" O	1967
BGH-1922	Mutum-MG, Brasil	19°47'58" S e 41°26'28" O	1967
BGH-1946	Colatina-ES, Brasil	19°30'19" S e 40°38'08" O	1967
BGH-1956	Santa Tereza-ES, Brasil	19°53'45" S e 40°36'04" O	1967
BGH-3333	Nova Délhi*, Índia	28°40'08" N e 77°13'37" L	1969
BGH-3581	Osaka, Japão	34°42'02" N e 135°30'08" L	1970
BGH-4139	Rio Doce-MG, Brasil	20°15'03" S e 42°53'39" O	1967
BGH-4360	Raul Soares-MG, Brasil	20°05'00" S e 42°26'23" O	1968
BGH-4514	Sul de Minas Gerais (Lavras*), Brasil	21°13'52" S e 45°00'02" O	1974
BGH-4515	Sul de Minas Gerais (Lavras*), Brasil	21°13'52" S e 45°00'02" O	1974
BGH-4585	Santa Leopoldina-ES, Brasil	20°04'17" S e 40°32'02" O	1975
BGH-4586	Santa Leopoldina-ES, Brasil	20°04'17" S e 40°32'02" O	1975
BGH-4600	Costa do Aruanã-AM, Brasil	02°41'26" S e 60°07'41" O	1975
BGH-4615	Careiro-AM, Brasil	03°48'35" S e 60°20'44" O	1975
BGH-4617	Manacapuru-AM, Brasil	03°13'22" S e 60°38'00" O	1975
BGH-4623	Ilha Jucurutu (Rio Solimões*)-AM, Brasil	01°44'08" S e 55°06'26" O	1975
BGH-4628	Itacoatiara-AM, Brasil	03°04'48" S e 58°26'50" O	1975
BGH-5210	Teófilo Otoni-MG, Brasil	17°47'50" S e 41°29'55" O	1975
BGH-5232	Indaiabira-MG, Brasil	15°21'30" S e 42°12'14" O	1975
BGH-5233	Montezuma-MG, Brasil	15°05'16" S e 42°31'21" O	1975
BGH-5235	Montezuma-MG, Brasil	15°05'16" S e 42°31'21" O	1975
BGH-5253	Indaiabira-MG, Brasil	15°21'30" S e 42°02'14" O	1975
BGH-5257	Indaiabira-MG, Brasil	15°21'30" S e 42°02'14" O	1975
BGH-5449	Esalq - Piracicaba-SP, Brasil	22°40'29" S e 47°39'01" O	1984
BGH-5621	CNPH, Brasília-DF, Brasil (PI: Nebraska*)	41°43'19" N e 99°52'36" O	1984
BGH-5622	CNPH, Brasília-DF, Brasil (PI: Nebraska*)	41°43'19" N e 99°52'36" O	1984
BGH-5635	CNPH, Brasília-DF, Brasil (Ceará-CE, Brasil*)	03°41'14" S e 38°32'34" O	1984
BGH-6153	Viçosa-MG, Brasil	20°44'24" S e 42°53'01" O	1986
BGH-6154	Viçosa-MG, Brasil	20°44'24" S e 42°53'01" O	1986
BGH-6996	Maranhão-MA, Brasil	02°29'35" S e 44°18'33" O	2000
BGH-6997	Maranhão-MA, Brasil	02°29'35" S e 44°18'33" O	2000
BGH-6999	Fortaleza-CE, Brasil	03°41'14" S e 38°32'34" O	2000
BGH-7003	Fortaleza-CE, Brasil	03°41'14" S e 38°32'34" O	2000
BGH-7316	Maranhão-MA, Brasil	02°29'35" S e 44°18'33" O	2003
BGH-7317	Maranhão-MA, Brasil	02°29'35" S e 44°18'33" O	2003

BGH-7318	Maranhão-MA, Brasil	02°29'35" S e 44°18'33" O	2003
BGH-7319	Maranhão-MA, Brasil	02°29'35" S e 44°18'33" O	2003
BGH-7660	Campinas-SP, Brasil	22°52'47" S e 47°03'35" O	1966
BGH-7661	Rio Grande-RS, Brasil	31°58'40" S e 52°06'21" O	1967
BGH-7662	Parma, Itália	44°48'17" N e 10°20'18" L	1967
BGH-7663	São Marcos-RS, Brasil	28°57'23" S e 51°04'09" O	1967
BGH-7664	(Moscou*), Rússia	55°46'52" N e 37°36'42" L	1990
BGH-7665	Salvador-BA, Brasil	12°56'15" S e 38°30'50" O	2009
BGH-7666	Irati-PR, Brasil	25°26'13" S e 50°39'08" O	2009
BGH-7667	Ponta Grossa-PR, Brasil	24°58'16" S e 50°11'27" O	2009
BGH-7671	Pernambuco-PE, Brasil	08°02'12" S e 34°52'53" O	2009
BGH-7764	Viçosa-MG, Brasil	20°44'26" S e 42°52'59" O	1968
BGH-7765	Lavras-MG, Brasil	21°13'52" S e 45°00'02" O	1974
BGH-7766	Urucará-AM, Brasil	02°30'24" S e 57°45'48" O	1975

*Local de referência de coleta ou introdução de acesso.

Os 54 tratamentos foram alocados em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições e parcelas de cinco plantas, sendo a parcela útil constituída das três plantas centrais. As mudas foram produzidas em bandejas de poliestireno expandido de 72 células, contendo substrato comercial Tropstrato® e transplantadas para o campo no estágio de primeira folha definitiva totalmente expandida. O solo foi previamente preparado por meio de gradagem e coveamento. Adotou-se o espaçamento de 4,0 m entre fileiras e 3,0 m entre plantas, foram aplicados os tratos culturais e fitossanitários típicos para a cultura na região. A colheita foi realizada quando os frutos atingiram o ponto de maturação comercial, indicado pelo pedúnculo seco.

Caracterização morfoagronômica

Foram aplicados os descritores morfoagronômicos essenciais, propostos pelo *International Plant Genetic Resources Institute* – IPGRI (ESQUINAS-ALCAZAR; GULICK, 1983) e outros considerados pertinentes, seja pela variabilidade observada em campo ou pela utilidade agrônômica. Esses descritores foram subdivididos em 76 descritores quantitativos e 21 qualitativos (Tabela 2).

Tabela 2 - Descritores aplicados para caracterização morfoagronômica de 54 acessos de abóbora do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH/UFV). Viçosa, MG

Fase / Órgão da cultura	Descritores Quantitativos
Plântulas	(%) emergência; Índice de Velocidade de Emergência; Comprimento e largura do cotilédone; Comprimento e diâmetro do hipocótilo; Índice SPAD da 1ª folha definitiva
Fase vegetativa	Comprimento da rama principal (7, 14, 21, 28 e 35 dias após o transplântio - DAT); Taxa de crescimento da rama principal (14, 21, 28 e 35 DAT); Hábito de crescimento; Nº de ramos e de ramificações da gavinha; e Nota para o aspecto fitossanitário da planta.
Fase reprodutiva	Dias para emissão da 1ª flor feminina; Dias para emissão da 1ª flor masculina; N° de surgimento da 1ª flor masculina; Prolificidade (número de frutos por planta) e Produtividade.
Frutos	Massa e Nº de cores e; Sólidos solúveis; Cor da polpa (Carta de Munsell); Espessura da casca voltada para o sol, para a terra e nas regiões do pedúnculo e inflorescência; Espessura média da casca; Espessura da polpa voltada para o sol, para a terra e nas regiões do pedúnculo e inflorescência; Espessura média da polpa; Comprimento e Diâmetro da cavidade interna; Comprimento e Diâmetro do fruto; Diâmetro menor do fruto; Firmeza da polpa nas regiões do pedúnculo e da inflorescência; Firmeza média da polpa; Massa seca da polpa; Parâmetros colorimétricos da polpa: L*, a*, b*, C e H; Carotenóides totais e luteína com base em parâmetros colorimétricos (CTa, LUTb e LUTc)
Sementes	Massa total de sementes do fruto; Relação massa de sementes/massa do fruto; Massa de 100 sementes; Número de sementes/fruto; Comprimento, largura e espessura de sementes; % de óleo e de ácidos graxos (palmítico, esteárico, oléico, linoléico e linolênico); Produtividade de sementes, de óleo e dos ácidos palmítico, esteárico, oléico, linoléico e linolênico.
Fase / Órgão da cultura	Descritores Qualitativos
Plântulas	Formato do cotilédone; Ápice do cotilédone; Aparência de nervuras cotiledonares e Cor do hipocótilo
Fase vegetativa	Cor da haste principal
Frutos	Formato do fruto; Cicatriz floral; Formato do pedúnculo; cor predominante da casca; Cor secundária da casca; Desenho da cor secundária; Topografia da superfície do fruto; Profundidade dos gomos; Textura da casca; Separação do pedúnculo; Dureza da casca; Bojo; Textura da polpa;
Sementes	Formato de sementes; Aparência e textura do tegumento; Cor do tegumento e da borda

Diversidade morfoagronômica

Inicialmente foi realizada análise de diversidade genética para cada grupo de caracteres (quantitativos e qualitativos). Para os caracteres quantitativos, a matriz de dissimilaridade foi obtida a partir da distância euclidiana média padronizada. Enquanto que para os dados qualitativos a matriz de dissimilaridade foi obtida por meio do complemento aritmético do índice de coincidência simples.

A existência de correlação entre as matrizes de dissimilaridade foi verificada pelo teste Z de Mantel e pelo teste t, a 5% de probabilidade. A partir de cada uma das

matrizes de dissimilaridade, procedeu-se à análise de diversidade genética pelo método de agrupamento de Tocher, conforme Cruz *et al.* (2012).

Para a análise de diversidade genética considerando os dois grupos de caracteres (quantitativos e qualitativos) simultaneamente foram utilizadas as seguintes medidas de dissimilaridade:

- Soma de matrizes, proveniente da soma algébrica das matrizes de dissimilaridade obtidas individualmente para cada grupo de caracteres. É importante enfatizar que as matrizes de dissimilaridade obtidas individualmente, basearam-se na distância euclidiana média padronizada e complemento aritmético do índice de coincidência simples para os caracteres quantitativos e qualitativos, respectivamente;

- Algoritmo de Gower (GOWER, 1971), expresso por:

$$S_{ij} = \frac{\sum_{k=1}^p W_{ijk} \cdot S_{ijk}}{\sum_{k=1}^p W_{ijk}}$$

Em que:

K = o número de variáveis ($k = 1, 2, \dots, p$); **i** e **j** = dois indivíduos que representem o acesso; **W_{ijk}** = peso dado à comparação **ijk**, atribuindo valor **1** para comparações válidas e valor **0** para comparações inválidas (quando o valor da variável está ausente em um ou ambos indivíduos); **S_{ijk}** = contribuição da variável **k** na similaridade entre os indivíduos **i** e **j**, com valores entre **0** e **1**. Para uma variável qualitativa (nominal), se o valor da variável **k** é o mesmo para ambos os indivíduos, **i** e **j**, então **S_{ijk} = 1**, caso contrário, é igual a **0**; para uma variável quantitativa (contínua) **S_{ijk} = 1 - |x_{ik} - x_{jk}| / R_k** onde **x_{ik}** e **x_{jk}** são os valores da variável **k** para os indivíduos **i** e **j**, respectivamente, e **R_k** é o intervalo (valor máximo menos valor mínimo), da variável **k** na amostra. A divisão por **R_k** elimina as diferenças entre escalas das variáveis, produzindo um valor dentro do intervalo **[0, 1]** e pesos iguais.

Foi estimado a 5% de probabilidade, pelo teste Z de Mantel e pelo teste t, o coeficiente de correlação entre a matriz de dissimilaridade obtida com base na soma de matrizes e a obtida pelo algoritmo de Gower. Posteriormente, foi realizada a análise da diversidade genética pelo método de agrupamento de Tocher, a partir da matriz de dissimilaridade (Soma) que contemplou as informações quantitativas e qualitativas, simultaneamente. O mesmo procedimento foi realizado a partir da matriz de

dissimilaridade proveniente da utilização do algoritmo de Gower, também obtida considerando dados quantitativos e qualitativos simultaneamente.

Coleção nuclear

Intensidade de amostragem e escolha dos acessos

Foram avaliadas três intensidades de amostragem dos 54 acessos de abóbora do BGH/UFV: 20, 30 e 40%, correspondendo a 11, 16 e 22 acessos, respectivamente. Para a amostragem dos acessos componentes das coleções nucleares foi utilizada a técnica de agrupamento de Tocher, porém com uma modificação, que consiste em agrupar acessos com maior dissimilaridade, ou seja, método de Tocher com critério de aglomeração invertido.

A amostragem dos acessos que compuseram as coleções nucleares foi realizada de acordo com a sequência do agrupamento pelo método de Tocher invertido até que o número de acessos atingisse o número pré-determinado pela intensidade de amostragem (VASCONCELOS *et al.*, 2007).

Coleções nucleares avaliadas

Foram avaliadas seis coleções nucleares, representativas dos 54 acessos de abóbora do BGH/UFV, estabelecidas a partir das seguintes estratégias:

- SOMA-20: amostragem multivariada a partir da integração de dados quantitativos, e qualitativos por meio da soma algébrica de matrizes e intensidade de amostragem de 20%;
- SOMA-30: amostragem multivariada a partir da integração de dados quantitativos e qualitativos por meio da soma algébrica de matrizes e intensidade de amostragem de 30%;
- SOMA-40: amostragem multivariada a partir da integração de dados quantitativos, e qualitativos por meio da soma algébrica de matrizes e intensidade de amostragem de 40%;
- GOWER-20: amostragem multivariada a partir de dados quantitativos e qualitativos por meio da matriz de dissimilaridade de Gower e intensidade de amostragem de 20%;

– GOWER-30: amostragem multivariada a partir de dados quantitativos e qualitativos por meio da matriz de dissimilaridade de Gower e intensidade de amostragem de 30%;

– GOWER-40: amostragem multivariada a partir de dados quantitativos e qualitativos por meio da matriz de dissimilaridade de Gower e intensidade de amostragem de 40%;

Validação das coleções nucleares

A validação das coleções nucleares estabelecidas foi realizada por meio da comparação das mesmas com a coleção inicial. Essas comparações foram baseadas no índice de coincidência da amplitude (CA) para cada grupo de características (quantitativas ou qualitativas).

O índice de coincidência da amplitude (CA) para cada coleção nuclear foi obtido para cada grupo de características (quantitativas ou qualitativas), por meio da equação (HU *et al.*, 2000; WANG *et al.*, 2007):

$$CA = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{A_i SC}{A_i CI}$$

Em que:

CA = índice de coincidência da amplitude;

$A_i SC$ = amplitude da i -ésima característica na coleção nuclear;

$A_i CI$ = amplitude da i -ésima característica na coleção inicial;

n = número de características para determinado grupo.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2006).

3. Resultados e discussão

Diversidade morfoagronômica

Os agrupamentos realizados pelo método de otimização de Tocher, utilizando como medidas de dissimilaridade a distância euclidiana média padronizada (para os dados quantitativos) e o complemento aritmético do índice de coincidência simples (para os dados qualitativos) resultaram na formação de 10 grupos para os caracteres quantitativos e 18 grupos para os qualitativos, evidenciando a existência de variabilidade genética entre os acessos para os dois grupos de caracteres (Tabela 3). Ao

comparar o agrupamento dos acessos em relação a cada grupo de caracteres observa-se que para os caracteres quantitativos, a maioria dos acessos foram alocados no grupo 1, formado por 38 acessos (70% dos acessos), enquanto os grupos 5, 6, 7, 8, 9 e 10 foram formados por um único acesso cada. Já o agrupamento dos acessos com base em características qualitativas possibilitou maior discriminação dos acessos, sendo o grupo 1, formado por 15 acessos (28% dos acessos), o maior grupo formado. Em função da maior distribuição dos acessos em grupos distintos foram formados nove grupos com um acesso cada (Tabela 3).

Os acessos BGH-5635, BGH-7666, BGH-4615 e BGH-7003 foram alocados isoladamente, independente do conjunto de características considerado na análise de agrupamento. Dessa forma, pode-se inferir que esses acessos são divergentes tanto para características quantitativas como qualitativas (Tabela 3).

Tabela 3. Agrupamento de 54 acessos de abóbora do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa, pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade dos caracteres quantitativos e qualitativos.

Quantitativos							
Grupos	Acessos						
1	BGH-5232	BGH-5235	BGH-4586	BGH-4515	BGH-7766	BGH-7661	BGH-3333
	BGH-4600	BGH-7662	BGH-4585	BGH-4628	BGH-4623	BGH-1514	BGH-5449
	BGH-5257	BGH-5253	BGH-4139	BGH-1219	BGH-4360	BGH-7660	BGH-1922
	BGH-6996	BGH-1956	BGH-4617	BGH-1207	BGH-7664	BGH-5210	BGH-7764
	BGH-672	BGH-5233	BGH-7667	BGH-6999	BGH-7319	BGH-900	BGH-7765
	BGH-4514	BGH-1946	BGH-3581				
2	BGH-7671	BGH-7316	BGH-7665	BGH-7317			
3	BGH-6997	BGH-7318	BGH-5621	BGH-5622			
4	BGH-6153	BGH-6154					
5	BGH-5635						
6	BGH-7666						
7	BGH-7663						
8	BGH-4615						
9	BGH-35						
10	BGH-7003						
Qualitativos							
Grupos	Acessos						
1	BGH-7661	BGH-7662	BGH-900	BGH-1207	BGH-7660	BGH-5232	BGH-3333
	BGH-1946	BGH-7766	BGH-6154	BGH-3581	BGH-7765	BGH-4514	BGH-5622
	BGH-5210						
2	BGH-7317	BGH-7319	BGH-6997	BGH-7664	BGH-6153	BGH-6999	
	BGH-5449	BGH-4585	BGH-4628				
3	BGH-7665	BGH-7671	BGH-7316				
4	BGH-5257	BGH-6996	BGH-1514	BGH-5235	BGH-5253		
5	BGH-5621	BGH-7318					
6	BGH-4586	BGH-4617					
7	BGH-4139	BGH-7764	BGH-1956				
8	BGH-35	BGH-1922	BGH-4600				
9	BGH-7663	BGH-4623	BGH-7667				
10	BGH-4615						
11	BGH-7003						
12	BGH-672						
13	BGH-5233						
14	BGH-4515						
15	BGH-5635						
16	BGH-1219						
17	BGH-4360						
18	BGH-7666						

Segundo Gomes (2007), a formação de números diferentes de grupos, indica discordância entre os procedimentos de agrupamento realizados. Assim, as inferências em relação à diversidade entre os 54 acessos de abóbora do BGH/UFV, com base em um conjunto de caracteres (quantitativos ou qualitativos), não podem ser extrapoladas ao outro conjunto.

Quando a análise de diversidade é realizada com base em um único grupo de características, a decisão sobre qual grupo de variáveis utilizar para determinar a

divergência genética e qual medida de dissimilaridade adotar depende do objetivo do estudo.

Foi observada baixa correlação (0.25^{**}) entre a matriz de dissimilaridade obtida por meio da distância euclidiana média padronizada (dados quantitativos) e a matriz de dissimilaridade obtida pela utilização do complemento aritmético do índice de coincidência simples (dados qualitativos). Segundo Rohlf (2000), valores de correlação inferiores a 0,7 têm sido considerados inconsistentes, o que indica que a diversidade genética obtida com base em um conjunto de caracteres não explica a diversidade com base em outro conjunto.

Ao avaliar a correlação entre medidas de dissimilaridade utilizadas na determinação da divergência genética de mandioca, para caracteres qualitativos e quantitativos, Gomes (2007) observou coeficiente de correlação igual a 0,09. Este autor atribuiu a inexistência de correlação entre as duas medidas de dissimilaridade à diferença do controle genético dos diferentes tipos de caracteres avaliados.

Segundo Tsivelikas *et al.* (2009), a análise de diversidade considerando simultaneamente dados quantitativos e qualitativos pode fornecer uma melhor compreensão da diversidade genética do banco. Segundo os mesmos autores, uma caracterização mais completa dos genótipos contribui na determinação de estratégias futuras para o melhoramento e facilita a introgressão de diversidade no material melhorado.

Na caracterização e avaliação dos acessos, informações sobre os dois grupos de caracteres (quantitativos e qualitativos) são importantes para estimar a diversidade do germoplasma, pois proporcionam maior acurácia na identificação de genomas contrastantes (MOHAMMADI; PRASANNA, 2003; CROSSA; FRANCO, 2004; GONÇALVES *et al.*, 2008; GONÇALVES *et al.*, 2009; SUDRÉ *et al.*, 2010). Em relação aos agrupamentos realizados separadamente para cada tipo de variável, não é raro a identificação de incoerências (GONÇALVES *et al.*, 2008; TSIVELIKAS *et al.*, 2009). Dessa forma, é necessário utilizar uma medida de distância que contemple informações de diferentes naturezas em uma única análise.

Dentre as opções de análise de diversidade genética considerando simultaneamente diferentes tipos de variáveis, pode-se citar o algoritmo de Gower (GOWER, 1971), que contempla em uma única matriz de dissimilaridade caracteres de diferentes naturezas.

Para avaliar a utilização do algoritmo de Gower na análise de diversidade genética considerando apenas características quantitativas, foi estimada a correlação entre a matriz de dissimilaridade obtida pelo algoritmo de Gower com base em caracteres quantitativos e a obtida a partir da utilização da distância Euclidiana média padronizada, medida de distância utilizada para as características quantitativas. A partir de cada uma das matrizes de dissimilaridade obtidas foi aplicado o método de Tocher visando comparar os agrupamentos formados.

Para a avaliação da utilização do algoritmo de Gower na análise de diversidade considerando somente características qualitativas, foi adotado o mesmo procedimento descrito acima, diferindo apenas pela substituição da distância Euclidiana média padronizada pelo complemento aritmético do índice de coincidência simples, medida de distância utilizada na análise de diversidade genética com base em características qualitativas.

Para os caracteres quantitativos, foi observada elevada e significativa correlação (0.98^{**}) entre a matriz de dissimilaridade obtida por meio da distância euclidiana média padronizada (dados quantitativos) e a obtida por meio do algoritmo de Gower considerando dados quantitativos. O agrupamento dos 54 acessos de abóbora do BGH/UFV pelo método de Tocher resultou na formação de 10 grupos, independente da matriz de dissimilaridade ser obtida a partir da distância euclidiana média padronizada ou algoritmo de Gower. É importante destacar que os acessos componentes de cada grupo também foram os mesmos (Tabela 4).

Tabela 4. Agrupamento de 54 acessos de abóbora do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa, pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade dos caracteres quantitativos.

Distância euclidiana média padronizada							
Grupos	Acessos						
1	BGH-5232	BGH-5235	BGH-4586	BGH-4515	BGH-7766	BGH-7661	BGH-3333
	BGH-4600	BGH-7662	BGH-4585	BGH-4628	BGH-4623	BGH-1514	BGH-5449
	BGH-5257	BGH-5253	BGH-4139	BGH-1219	BGH-4360	BGH-7660	BGH-1922
	BGH-6996	BGH-1956	BGH-4617	BGH-1207	BGH-7664	BGH-5210	BGH-7764
	BGH-672	BGH-5233	BGH-7667	BGH-6999	BGH-7319	BGH-900	BGH-7765
	BGH-4514	BGH-1946	BGH-3581				
2	BGH-7671	BGH-7316	BGH-7665	BGH-7317			
3	BGH-6997	BGH-7318	BGH-5621	BGH-5622			
4	BGH-6153	BGH-6154					
5	BGH-5635						
6	BGH-7666						
7	BGH-7663						
8	BGH-4615						
9	BGH-35						
10	BGH-7003						

Algoritmo de Gower							
Grupos	Acessos						
1	BGH-4586	BGH-7766	BGH-4623	BGH-1514	BGH-7661	BGH-3333	BGH-4628
	BGH-5253	BGH-4600	BGH-5257	BGH-4586	BGH-7662	BGH-5232	BGH-5235
	BGH-4515	BGH-4139	BGH-5449	BGH-7660	BGH-1922	BGH-1219	BGH-4360
	BGH-6996	BGH-4617	BGH-1956	BGH-7764	BGH-7667	BGH-1207	BGH-672
	BGH-1946	BGH-5210	BGH-7664	BGH-900	BGH-5233	BGH-7765	BGH-6999
	BGH-7319	BGH-3581	BGH-4514				
2	BGH-7671	BGH-7316	BGH-7665	BGH-7317			
3	BGH-6997	BGH-7318	BGH-5621	BGH-5622			
4	BGH-6153	BGH-6154					
5	BGH-5635						
6	BGH-7666						
7	BGH-7663						
8	BGH-4615						
9	BGH-35						
10	BGH-7003						

Considerando os caracteres qualitativos, foi verificada alta e significativa correlação (0.88**) entre a matriz de dissimilaridade obtida pelo complemento aritmético do índice de coincidência simples (dados qualitativos) e aquela obtida pelo algoritmo de Gower utilizando dados qualitativos. O agrupamento dos 54 acessos de abóbora do BGH/UFV pelo método de Tocher resultou em 18 grupos a partir da utilização do complemento aritmético do índice de coincidência simples como medida de distância e 16 grupos pelo uso do algoritmo de Gower como medida distância. Apesar do número de grupos formados ser diferente, a alocação dos acessos nos grupos foi muito semelhante. (Tabela 5).

Tabela 5. Agrupamento de 54 acessos de abóbora do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa, pelo método de Tocher, com base na dissimilaridade dos caracteres qualitativos.

Complemento aritmético do índice de coincidência simples							
Grupos	Acessos						
1	BGH-7661	BGH-7662	BGH-900	BGH-1207	BGH-7660	BGH-5232	BGH-3333
	BGH-1946	BGH-7766	BGH-6154	BGH-3581	BGH-7765	BGH-4514	BGH-5622
	BGH-5210						
2	BGH-7317	BGH-7319	BGH-6997	BGH-7664	BGH-6153	BGH-6999	
	BGH-5449	BGH-4585	BGH-4628				
3	BGH-7665	BGH-7671	BGH-7316				
4	BGH-5257	BGH-6996	BGH-1514	BGH-5235	BGH-5253		
5	BGH-5621	BGH-7318					
6	BGH-4586	BGH-4617					
7	BGH-4139	BGH-7764	BGH-1956				
8	BGH-35	BGH-1922	BGH-4600				
9	BGH-7663	BGH-4623	BGH-7667				
10	BGH-4615						
11	BGH-7003						
12	BGH-672						
13	BGH-5233						
14	BGH-4515						
15	BGH-5635						
16	BGH-1219						
17	BGH-4360						
18	BGH-7666						
Algoritmo de Gower							
Grupos	Acessos						
1	BGH-7661	BGH-7662	BGH-3581	BGH-5210	BGH-5622	BGH-1946	BGH-900
	BGH-4514	BGH-7660	BGH-7666	BGH-7765	BGH-6999	BGH-6154	BGH-6153
	BGH-5449						
2	BGH-3333	BGH-5232	BGH-1922	BGH-4600	BGH-5257	BGH-6996	BGH-5253
	BGH-1207						
3	BGH-7317	BGH-7319	BGH-6997	BGH-4585	BGH-4628	BGH-7671	BGH-1219
4	BGH-7663	BGH-4623	BGH-35				
5	BGH-5621	BGH-7003	BGH-7318				
6	BGH-4586	BGH-4617	BGH-4515				
7	BGH-1514	BGH-5235					
8	BGH-5635	BGH-7316					
9	BGH-672	BGH-7664					
10	BGH-7667	BGH-1956					
11	BGH-7764	BGH-7766					
12	BGH-5233						
13	BGH-7665						
14	BGH-4139						
15	BGH-4615						
16	BGH-4360						

As elevadas e significativas estimativas de correlações observadas e a semelhança dos agrupamentos formados indicam que o algoritmo de Gower pode ser utilizado na obtenção da matriz de dissimilaridade em análises de diversidade genética de características quantitativas e qualitativas consideradas simultaneamente.

Outra opção para estimar a diversidade genética entre acessos considerando simultaneamente diferentes conjuntos de dados consiste em realizar a soma de matrizes. Os agrupamentos são formados com base em uma matriz de dissimilaridade (Soma), proveniente da soma algébrica das matrizes de dissimilaridade obtidas individualmente para cada conjunto de caracteres, neste caso, quantitativos e qualitativos.

Foi verificada alta e significativa correlação (0.92^{**}) entre a matriz de dissimilaridade obtida pela utilização do algoritmo de Gower e a obtida por meio da soma de matrizes. O agrupamento dos 54 acessos de abóbora do BGH/UFV pelo método de Tocher, considerando simultaneamente caracteres quantitativos e qualitativos resultou na formação de 13 grupos com base na matriz de dissimilaridade obtida a partir do algoritmo de Gower e 10 grupos a partir da matriz de dissimilaridade obtida pela soma de matrizes (Tabela 6).

Tabela 6. Agrupamento de 54 acessos de abóbora do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa, pelo método de Tocher com base nas matrizes de dissimilaridade de Gower e Soma, obtidas a partir de caracteres quantitativos e qualitativos.

Algoritmo de Gower							
Grupos	Acessos						
1	BGH-4585	BGH-7766	BGH-4623	BGH-7661	BGH-4628	BGH-7662	BGH-5257
	BGH-4600	BGH-3333	BGH-5232	BGH-5253	BGH-5235	BGH-1514	BGH-6996
	BGH-1207	BGH-5449	BGH-7660	BGH-4586	BGH-1922	BGH-4515	BGH-900
	BGH-1946	BGH-7765	BGH-3581	BGH-4360	BGH-4617	BGH-5210	BGH-1219
	BGH-4139	BGH-672	BGH-7764				
2	BGH-7319	BGH-7664	BGH-6997	BGH-7318	BGH-6999	BGH-7317	
3	BGH-7671	BGH-7316	BGH-7665	BGH-5233			
4	BGH-6153	BGH-6154					
5	BGH-7667	BGH-1956					
6	BGH-5621	BGH-5622					
7	BGH-35						
8	BGH-7003						
9	BGH-7663						
10	BGH-7666						
11	BGH-5635						
12	BGH-4514						
13	BGH-4615						
Soma de matrizes							
Grupos	Acessos						
1	BGH-7661	BGH-7662	BGH-1207	BGH-4628	BGH-5232	BGH-3333	BGH-5257
	BGH-5253	BGH-5235	BGH-4600	BGH-7660	BGH-900	BGH-7766	BGH-4585
	BGH-5449	BGH-1514	BGH-4623	BGH-3581	BGH-1922	BGH-1946	BGH-4586
	BGH-7764	BGH-5210	BGH-4617	BGH-4139	BGH-4515	BGH-6999	BGH-672
	BGH-4514	BGH-4360	BGH-1956	BGH-7765	BGH-7664	BGH-6996	BGH-7319
2	BGH-7671	BGH-7316	BGH-7665	BGH-7317	BGH-5233	BGH-5622	BGH-1219
3	BGH-5621	BGH-7318	BGH-6997				
4	BGH-6153	BGH-6154					
5	BGH-7667	BGH-4615					
6	BGH-7663						
7	BGH-7666						
8	BGH-35						
9	BGH-7003						
10	BGH-5635						

Ao comparar o agrupamento dos acessos a partir das matrizes de dissimilaridade obtidas pela soma de matrizes e pelo algoritmo de Gower observa-se que em ambos os casos a maioria dos acessos foram alocados no grupo 1, formado por 31 acessos (58% dos acessos) utilizando como medida de distância o algoritmo de Gower e 35 acessos (65% dos acessos) a partir da utilização da soma de matrizes como medida de distância.

Os acessos BGH-7671, BGH-7316, BGH-7665 e BGH-5233, por exemplo, alocados no grupo 3 com base na matriz de dissimilaridade Soma foram alocados no grupo 2 com base na matriz de dissimilaridade obtida pela utilização do algoritmo de Gower. Evidenciando que apesar do número de grupos formados diferirem em função

da matriz de dissimilaridade utilizada, a alocação dos acessos dentro dos grupos foi semelhante.

Os acessos BGH-7663, BGH-7666, BGH-35, BGH-7003 e BGH-5635 foram alocados isoladamente, independente da matriz de dissimilaridade utilizada na análise de agrupamento. Dessa forma, pode-se inferir que esses acessos são divergentes considerando simultaneamente características quantitativas e qualitativas.

A utilização do algoritmo de Gower em análises de diversidade genética vem sendo relatada em trabalhos recentes com diferentes culturas, como Quintal *et al.* (2012) em estudo com *Carica papaya* L.; De Souza *et al.* (2012) com *Ananas* spp.; Pestanana *et al.* (2011) com *Musa* spp.; Moura *et al.* (2010) com *Capsicum chinense*; Sudré *et al.*, (2010) com *Capsicum* spp.; Gonçalves *et al.* (2008), Gonçalves *et al.* (2009) e Rocha *et al.* (2010), na avaliação de *Solanum lycopersicum*; Tsivelikas *et al.* (2009) em trabalho com *Curcubita* spp e Vieira *et al.* (2007) e Bertan *et al.* (2009) em estudo com *Triticum aestivum* L.

A elevada e significativa estimativa de correlação (0,92^{**}) associada à equivalência dos agrupamentos formados a partir das matrizes de dissimilaridade obtidas pela utilização do algoritmo de Gower e soma de matrizes, permite inferir que as análises de diversidade genética considerando simultaneamente características quantitativas e qualitativas podem ser realizadas utilizando como medida de dissimilaridade tanto o algoritmo de Gower como a soma de matrizes.

Coleção nuclear

Estabelecimento das coleções nucleares

A partir do agrupamento dos 54 acessos de abóbora do BGH/UFV pelo método de Tocher invertido, com base nas matrizes de similaridade SOMA e GOWER, e considerando as intensidades de amostragens propostas (20%, 30% e 40%), foram estabelecidas as seguintes coleções:

– SOMA-20: acessos BGH-7003, BGH-7671, BGH-4615, BGH-6153, BGH-7666, BGH-7765, BGH-7663, BGH-6997, BGH-4617, BGH-35, BGH-7665.

– SOMA-30: acessos BGH-7003, BGH-7671, BGH-4615, BGH-6153, BGH-7666, BGH-7765, BGH-7663, BGH-6997, BGH-4617, BGH-35, BGH-7665, BGH-7667, BGH-5621, BGH-6154, BGH-1922, BGH-7317.

– SOMA-40: acessos BGH-7003, BGH-7671, BGH-4615, BGH-6153, BGH-7666, BGH-7765, BGH-7663, BGH-6997, BGH-4617, BGH-35, BGH-7665, BGH-7667, BGH-5621, BGH-6154, BGH-1922, BGH-7317, BGH-4514, BGH-5635, BGH-6996, BGH-7318, BGH-7764, BGH-4360.

– GOWER-20: acessos BGH-6154, BGH-7003, BGH-7671, BGH-4615, BGH-35, BGH- BGH-6997, BGH-4514, BGH-7667, BGH-5621, BGH-7317, BGH-6153.

– GOWER-30: acessos BGH-6154, BGH-7003, BGH-7671, BGH-4615, BGH-35, BGH-6997, BGH-4514, BGH-7667, BGH-5621, BGH-7317, BGH-6153, BGH-4617, BGH-5635, BGH-7318, BGH-7764, BGH-7665.

– GOWER-40: acessos BGH-6154, BGH-7003, BGH-7671, BGH-4615, BGH-35, BGH-6997, BGH-4514, BGH-7667, BGH-5621, BGH-7317, BGH-6153, BGH-4617, BGH-5635, BGH-7318, BGH-7764, BGH-7665, BGH-1922, BGH-7666, BGH-7663, BGH-4360, BGH-7316, BGH-5622.

Com exceção das coleções estabelecidas a partir da intensidade de amostragem de 20% (11 acessos), as coleções estabelecidas a partir da utilização da soma de matrizes e do algoritmo de Gower como medidas de distância foram semelhantes. Os acessos BGH-7003, BGH-7671, BGH-4615, BGH-6153, BGH-6997 e BGH-35 estão presentes em todas as coleções formadas.

Para as coleções formadas a partir de intensidade de amostragem de 20%, dos 11 acessos amostrados em cada coleção, 6 estão presentes em ambas, resultando em apenas 55% de coincidência entre os acessos das duas coleções. Os acessos BGH-7666, BGH-7765, BGH-7663, BGH-4617, BGH-7665 presentes na coleção Soma não fizeram parte da coleção Gower, enquanto os acessos BGH-6154, BGH-4514, BGH-7667, BGH-5621, BGH-7317 presentes nesta coleção não foram contemplados na coleção Soma.

Na intensidade de amostragem igual a 30% foi observado que dos 16 acessos amostrados em cada coleção, 12 estão presentes em ambas as coleções, resultando em 75% de coincidência entre os acessos das duas coleções. Os acessos BGH-7666, BGH-7665, BGH-7663 e BGH-1922 componentes da coleção Soma não fizeram parte da coleção Gower, enquanto os acessos BGH-4514, BGH-5635, BGH-7318 e BGH-7764 presentes nesta coleção não fizeram parte da coleção soma.

Considerando a amostragem de 40% dos acessos, dos 22 acessos amostrados em cada coleção, 20 estão presentes em ambas, o que resulta em 91% de coincidência. Apenas os acessos BGH-7765 e BGH-6996 componentes da coleção Soma não fizeram

parte da coleção Gower, enquanto os acessos BGH-7316 e BGH-5622 presentes nesta coleção não foram contemplados na coleção Soma.

Validação das coleções nucleares

Uma vez estabelecida, é necessário avaliar a adequação da coleção nuclear, principalmente em relação a sua representatividade, ou seja, sua capacidade de manutenção da variabilidade existente na coleção inicial.

Em todas as intensidades de amostragens propostas (20%, 30% e 40%) foram observados valores de índice de coincidência da amplitude (CA) muito próximos nas coleções estabelecidas com base na soma de matrizes (SOMA) e a partir do algoritmo de Gower (GOWER) (Tabela 7). Com exceção das coleções GOWER-20 e SOMA-20 para as quais foi observada coincidência de apenas 55% entre os acessos componentes das duas coleções, em geral as coleções formadas a partir da utilização do algoritmo de Gower e a partir da soma de matrizes foram muito semelhantes, sendo equivalentes quanto à representatividade da variabilidade da coleção inicial.

Os valores de índice de coincidência da amplitude (CA) foram superiores a 0,80 tanto para o grupo de características quantitativas como qualitativas em todas as coleções estabelecidas (Tabela 7).

Tabela 7. Índice de coincidência de amplitude (CA) nas coleções formadas a partir de 20, 30 e 40% de intensidade de amostragem dos dados.

Coleção ¹	Quantitativos	Qualitativos
SOMA-20	0,83	0,86
GOWER-20	0,83	0,91
SOMA-30	0,93	0,87
GOWER-30	0,92	0,91
SOMA-40	0,95	0,96
GOWER-40	0,96	0,98

¹ SOMA: coleção formada a partir da integração de dados quantitativos e qualitativos por meio da soma algébrica de matrizes; GOWER: coleção formada a partir da matriz de Gower, composta por dados quantitativos e qualitativos.

Segundo Hu *et al.* (2000) e Wang *et al.* (2007), uma coleção é representativa quando seu índice de coincidência da amplitude é de no mínimo 80%. Portanto, pode-se inferir que todas as seis coleções estabelecidas foram eficientes em obter uma coleção nuclear menor e com uma representatividade adequada da coleção inicial e que a maior

parte da variabilidade genética da coleção inicial, independente desta ser baseada em caracteres quantitativos ou qualitativos, foi preservada nas coleções estabelecidas.

Conforme esperado, em geral, à medida que se elevou a intensidade de amostragem dos dados, os valores de CA também foram elevados, aumentando a representatividade das coleções estabelecidas. Pode-se inferir que o elevado valor de CA observado para as coleções estabelecidas se deve à maior frequência das classes extremas nessas coleções, em função destas terem sido formadas a partir da utilização do método de Tocher invertido, que tem como critério o agrupamento de acessos mais divergentes (classes extremas). De acordo com Oliveira *et al.* (2007) a coleção nuclear deverá reter a máxima quantidade da diversidade presente na coleção base.

Skinner *et al.* (1999) utilizaram a amplitude das características para avaliar a representatividade da coleção nuclear, obtendo grandes desvios padrões das características na coleção nuclear em relação à coleção total, o que segundo os autores era esperado devido a amostragem dos extremos. Em trabalho utilizando o índice de coincidência da amplitude (CA) como critério para estabelecimento de coleção nuclear de acessos de alfafa, Diwan *et al.* (1995) obtiveram valores entre 74% e 81% de índice de coincidência da amplitude entre as coleções estabelecidas e a coleção inicial. Enquanto Malosetti e Abadie (2001), em trabalho com milho obtiveram 91% de índice de coincidência da amplitude entre a coleção estabelecida e a inicial.

Segundo Brown, 1989 o estabelecimento de coleção nuclear resulta em vantagens tanto para os curadores como para os melhoristas. A coleção nuclear envolve uma mudança na organização da coleção, estabelecendo dois níveis hierárquicos: a coleção nuclear e a coleção reserva. Baseado nisso, os curadores podem colocar alta prioridade para as atividades de conservação, como testes de germinação e regeneração para os acessos da coleção nuclear, e priorizar os esforços de caracterização e avaliação. Também, permite ao curador tomar decisões em relação ao aumento do número de acessos (intercâmbio), permitindo identificar falhas em coletas e/ou duplicações na coleção de germoplasma. Para os melhoristas a avaliação da coleção é simplificada, graças ao reduzido número da coleção nuclear e ao aumento da disponibilidade de sementes desses acessos.

A coleção nuclear é o primeiro passo na procura por alelos desejáveis, mas a pesquisa pode ser continuada, se necessário, na coleção reserva. Entretanto, esta pesquisa pode ser restrita entre aquelas entradas representadas pelos acessos na coleção que mostraram uma performance superior para as características avaliadas, reduzindo o

custo total do processo (HOLBROOK *et al.*, 1993). A redução no tamanho torna possível a concentração de esforços na caracterização e avaliação de germoplasma, de modo a formar uma base de informação mais completa sobre este conjunto de acessos, levando efetivamente a uma ampliação do uso do germoplasma. Também proporciona redução de custos e possibilita o direcionamento de recursos para outras atividades, como testes de germinação, regeneração e análises moleculares, facilitando o acesso dos usuários à coleção de germoplasma.

4. Conclusões

- Há ampla variabilidade genética entre os acessos de abóbora conservados no BGH/UFV considerando os caracteres morfoagronômicos quantitativos e qualitativos.

- Como todas as coleções estabelecidas foram representativas, visando à redução de custos e facilidade de conservação de um menor número de acessos, a coleção nuclear será formada pelos acessos provenientes da coleção Gower ou Soma, sob intensidade de amostragem de 20%.

Referências bibliográficas

AMARAL JÚNIOR, A. T.; CASALI, V. W. D.; CRUZ, C. D.; FINGER, F. L. Divergência genética entre acessos de moranga do banco de germoplasma de hortaliças da Universidade Federal de Viçosa. **Horticultura Brasileira**, v. 17, p. 3-6, 1999.

BARBÉ, T. C.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; SCAPIM, C. A. Association between advanced generations and genealogy in inbred lines of snap bean by the Ward-Modified Location Model. **Euphytica**, v. 173, n. 3, p. 337-343, 2010.

BENTO, C. S.; SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; PEREIRA, M. G. Descritores qualitativos e multicategóricos na estimativa da variabilidade fenotípica entre acessos de pimentas. **Scientia Agraria**, v. 8, n. 2, p. 149-156, 2007.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; VALÉRIO, I. P. Morphological, pedigree, and molecular distances and their association with hybrid wheat performance. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 2, p. 155-163, 2009.

BROWN, A. Core collections: a practical approach to genetic resources management. **Genome**, v. 31, n. 2, p. 818-824, 1989.

BROWN, A. H. D.; SPILLANE, C.; JOHNSON, R. C.; HODGKIN, T. Implementing core collections-principles, procedures, progress, problems and promise. In. **Core collections for today and tomorrow**.ed., 1999. p. 1-9.

BUZAR, A. G. R.; OLIVEIRA, V. R.; BOITEUX, L. S. Estimativa da diversidade genética de germoplasma de cebola via descritores morfológicos, agronômicos e bioquímicos. **Horticultura Brasileira**, v. 25, n. 04, p. 513-518, 2007.

CROSSA, J.; FRANCO, J. Statistical methods for classifying genotypes. **Euphytica**, v. 137, n. 1, p. 19-37, 2004.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: biometria**. UFV, 2006. 382 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Universidade Federal de Viçosa, 2012. 514 p.

DE SOUZA, E. H.; SOUZA, F. V. D.; DE CARVALHO COSTA, M. A. P.; COSTA, D. S.; DOS SANTOS-SEREJO, J. A.; AMORIM, E. P.; DA SILVA LEDO, C. A. Genetic variation of the Ananas genus with ornamental potential. **Genetic Resources and Crop Evolution**, p. 1-20, 2012.

DIWAN, N.; MCINTOSH, M.; BAUCHAN, G. Methods of developing a core collection of annual Medicago species. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 90, n. 6, p. 755-761, 1995.

ESQUINAS-ALCAZAR, J. T.; GULICK, P. J. Genetic resources of Cucurbitaceae. **Rome: IBPGR (International Board for Plant Genetic Resources)**, p. 1-7, 1983.

FERREIRA, M. Abóboras e Morangas das Américas para o Mundo. In: BARBIERI, R. L. E. S., E. R. T. (Ed.). **Origem e evolução de plantas cultivadas**.ed. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. p. 59-88.

FRANCO, J.; CROSSA, J.; RIBAUT, J.; BERTRAN, J.; WARBURTON, M.; KHAIRALLAH, M. A method for combining molecular markers and phenotypic attributes for classifying plant genotypes. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 103, n. 6, p. 944-952, 2001.

FRANCO, J.; CROSSA, J.; TABA, S.; SHANDS, H. A sampling strategy for conserving genetic diversity when forming core subsets. **Crop Science**, v. 45, n. 3, p. 1035-1044, 2005.

FRANKEL, O. H. Genetic perspectives of germplasm conservation. In: ARBER, W. K.; LLIMENSEE, K.; PEACOK, W. J.; STARLINGER, P. (Eds.) **Genetic manipulation: impact on man and society**.ed. Cambridge: Cambridge University Press, 1984. p. 161-170.

FRANKEL, O. H.; BENNETT, E. **Genetic resources in plants: their explorations and conservation**. Oxford: Blackwell, 1970. 554p. (International Biological Programme, Handbock, 11).

FRANKEL, O. H.; SOULÉ, M. **Conservation and evolution**. Londres: Cambridge University Press, 1981. 327p.

GEPTS, P. Plant genetic resources conservation and utilization. **Crop Science**, v. 46, n. 5, p. 2278-2292, 2006.

GOMES, C. N. **Caracterização morfo-agronômica e diversidade genética em mandioca *Manihot esculenta* Crantz.** . 2007. 72 f. Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2007.

GONÇALVES, L.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.; KARASAWA, M.; SUDRÉ, C. Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. **Genetics and Molecular Research**, v. 7, n. 4, p. 1289-1297, 2008.

GONÇALVES, L.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; KARASAWA, M.; SUDRÉ, C. Heirloom tomato gene bank: assessing genetic divergence based on morphological, agronomic and molecular data using a Ward-modified location model. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 1, p. 364-374, 2009.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, p. 857-871, 1971.

HOLBROOK, C. C.; ANDERSON, W. F.; PITTMAN, R. N. Selection of a core collection from the US germplasm collection of peanut. **Crop Science**, v. 33, n. 4, p. 859-861, 1993.

HU, J.; ZHU, J.; XU, H. Methods of constructing core collections by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic values of crops. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 101, n. 1, p. 264-268, 2000.

KARASAWA, M.; RODRIGUES, R.; SUDRÉ, C. P.; SILVA, M. P.; RIVA, E. M.; AMARAL JUNIOR, A. T. Aplicação de métodos de agrupamento na quantificação da divergência genética entre acessos de tomateiro. **Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 4, p. 1000-1005, 2005.

MALOSETTI, M.; ABADIE, T. Sampling strategy to develop a core collection of Uruguayan maize landraces based on morphological traits. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 48, n. 4, p. 381-390, 2001.

MARITA, J. M.; RODRIGUEZ, J. M.; NIENHUIS, J. Development of an algorithm identifying maximally diverse core collections. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 47, n. 5, p. 515-526, 2000.

MARTINS, F. A.; CARNEIRO, P. C. S.; DA SILVA, D. J. H.; CRUZ, C. D.; CARNEIRO, J. E. S. Integração de dados em estudos de diversidade genética de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 11, p. 1496-1502, 2011.

MENEZES SOBRINHO, J. A.; CHARCHAR, J. M.; ARAGÃO, F. A. S. Caracterização morfológicas de germoplasma de alho por análises multivariada componentes principais e variáveis canônicas. **Horticultura Brasileira**, v. 17, n. 2, p. 96-101, 1999.

MOHAMMADI, S.; PRASANNA, B. Analysis of genetic diversity in crop plants salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, v. 43, n. 4, p. 1235-1248, 2003.

MOURA, M. C. C. L.; ZERBINI, F. M.; DA SILVA, D. J. H.; DE QUEIROZ, M. A. Reação de acessos de *Cucurbita* sp. ao Zucchini yellow mosaic virus (ZYMV). **Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 2, p. 206-210, 2005.

OLIVEIRA, M. S. P.; AMORIM, E. P.; SANTOS, J. B.; FERREIRA, D. F. Diversidade genética entre acessos de açaizeiro baseada em marcadores RAPD. **Ciencia E Agrotecnologia**, v. 31, n. 6, p. 1645-1653, 2007.

PEIXOTO, N.; BRAZ, L. T.; BANZATTO, D. A.; MORAES, E. A.; MOREIRA, F. M. Características agronômicas, produtividade, qualidade de vagens e divergência genética em feijão-vagem de crescimento indeterminado. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 03, p. 447-451, 2002.

PESTANANA, R. K. N.; AMORIM, E. P.; FERREIRA, C. F.; DE OLIVEIRA AMORIM, V. B.; OLIVEIRA, L. S.; DA SILVA LEDO, C. A.; DE OLIVEIRA E SILVA, S. Agronomic and molecular characterization of gamma ray induced banana (*Musa* sp.) mutants using a multivariate statistical algorithm. **Euphytica**, v. 178, n. 2, p. 151-158, 2011.

QUINTAL, S. S. R.; VIANA, A. P.; GONÇALVES, L. S. A.; PEREIRA, M. G.; DO AMARAL JÚNIOR, A. T. Divergência genética entre acessos de mamoeiro por meio de variáveis morfoagronômicas. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 33, n. 1, p. 131-142, 2012.

RAMOS, S. R. R.; QUEIROZ, M. A. Caracterização morfológica: experiência do BAG de cucurbitáceas da Embrapa Semi-Árido, com acessos de abóbora e moranga. **Horticultura Brasileira**, v. 17, p. 9-12, 1999.

RAMOS, S. R. R.; QUEIRÓZ, M. A.; CASALI, V. W. D.; CRUZ, C. D. Divergência genética em germoplasma de abóbora procedente de diferentes áreas do Nordeste. **Horticultura Brasileira**, v. 18, n. 3, 2000.

ROHLF, F. J. **Numerical taxonomy and multivariate analysis system**. New York: Exeter Software, 2000. 38 p. (Version 2.1).

RIZZO, A. A. N.; BRAZ, L. T. Divergência genética entre cinco genótipos de melão rendilhado. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 2, 2002.

ROCHA, M. C.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; SILVA, P. R. A.; CARMO, M. G. F.; ABBOUD, A. C. S. Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Acta Scientiarum**, v. 32, p. 423-431, 2010.

SILVA, D. J. H.; MOURA, M.; CASALI, V. W. D. Recursos genéticos do banco de germoplasma de hortaliças da UFV: histórico e expedições de coleta. **Horticultura Brasileira**, v. 19, n. 2, p. 108-114, 2001.

SKINNER, D.; BAUCHAN, G.; AURICHT, G.; HUGHES, S.; JOHNSON, R.; HODGKIN, T. Developing a core collection from a large annual *Medicago* germplasm collection. **Core collections for today and tomorrow.**, p. 61-67, 1999.

SUDRÉ, C.; GONÇALVES, L.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; RIVA-SOUZA, E.; BENTO, C. S. Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 9, n. 01, p. 283-294, 2010.

SUDRÉ, C. P.; CRUZ, C. D.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; SILVA, D. J. H.; PEREIRA, T. N. S. Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. **Horticultura Brasileira**, v. 24, n. 01, p. 88-93, 2006.

SUDRÉ, C. P.; LEONARDECZ, E.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; MOURA, M. C. L.; GONÇALVES, L. S. A. Genetic resources of vegetable crops: a survey in the Brazilian germplasm collections pictured through papers published in the journals of the Brazilian Society for Horticultural Science. **Horticultura Brasileira**, v. 25, n. 4, p. 496-503, 2007.

TOQUICA, S. P.; RODRÍGUEZ, F.; MARTÍNEZ, E.; CRISTINA DUQUE, M.; TOHME, J. Molecular characterization by AFLPs of *Capsicum* germplasm from the Amazon department in Colombia. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 50, n. 6, p. 639-647, 2003.

TSIVELIKAS, A. L.; KOUTITA, O.; ANASTASIADOU, A.; SKARACIS, G. N.; TRAKA-MAVRONA, E.; KOUTSIKA-SOTIRIOU, M. Description and analysis of genetic diversity among squash accessions. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 52, n. 2, p. 271-283, 2009.

VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; FERREIRA, A. Estratégias de amostragem e estabelecimento de coleções nucleares. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 4, p. 507-514, 2007.

VIEIRA, E. A.; CARVALHO, F. I. F.; BERTAN, I.; KOPP, M. M.; ZIMMER, P. D.; BENIN, G.; SILVA, J. A. G.; HARTWIG, I.; MALONE, G.; OLIVEIRA, A. C. Association between genetic distances in wheat (*Triticum aestivum* L.) as estimated by AFLP and morphological markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 30, n. 2, p. 392-399, 2007.

WANG, J.; HU, J.; XU, H.; ZHANG, S. A strategy on constructing core collections by least distance stepwise sampling. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 115, n. 1, p. 1-8, 2007.

ZEWDIE, Y.; TONG, N.; BOSLAND, P. Establishing a core collection of Capsicum using a cluster analysis with enlightened selection of accessions. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 51, n. 2, p. 147-151, 2004.

Pré-melhoramento de abóbora (*Cucurbita moschata*) para óleo funcional

Resumo: Apesar dos efeitos benéficos à saúde associados ao óleo funcional de sementes de abóbora, estudos relacionados ao tema, principalmente em *Cucurbita moschata*, ainda são incipientes e pouco se conhece sobre a variabilidade genética desta espécie quanto aos caracteres morfoagronômicos e bioquímicos relacionados às propriedades funcionais deste óleo. O objetivo foi avaliar a variabilidade genética entre acessos de *C. moschata* do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH/UFV) quanto a caracteres morfoagronômicos e bioquímicos, visando identificar acessos promissores para programas de melhoramento. Foram realizadas caracterizações de 54 acessos do BGH/UFV. A concentração média de óleo dos acessos foi de 41,68% e os principais ácidos graxos foram: ácido linoléico (54,46%), oléico (21,15%), palmítico (15,07%), esteárico (9,09%) e linolênico (0,21%). Há variabilidade genética entre os acessos do BGH/UFV. Os acessos BGH-7765, BGH-4615 e BGH-7319 são promissores para programas de melhoramento de óleo funcional de sementes de abóbora.

Palavras-chave: *Cucurbita moschata*, recursos genéticos, componentes bioativos, ácidos graxos, banco de germoplasma.

Pre-breeding of pumpkin (*Cucurbita moschata*) for functional oil

Abstract: Despite the health benefits associated with functional oil of pumpkin seeds, studies related to the topic, especially in *Cucurbita moschata*, are still incipient and little is known regarding the genetic variability of this species concerning biochemical and morphological characteristics related to functional properties of this oil. The objective of this study was to assess the genetic variability among accessions of *C. moschata* from the Vegetable Germplasm Bank of the Federal University of Viçosa (BGH/UFV) regarding the morphological and biochemical characteristics, to identify promising accessions for breeding programs. Characterizations were performed from 54 accessions obtained from the BGH/UFV. The average concentration of oil from the accessions was 41,68% and the major fatty acids were linoleic (54,46%), oleic (21,15%), palmitic (15,07%), stearic (9,09%) and linolenic acid (0,21%). There is genetic variability among accessions. The accessions BGH-7765, BGH-4615 and BGH-7319 show promise for use in breeding programs of pumpkin seed functional oil.

Keywords: *Cucurbita moschata*, genetic resources, bioactive compounds, fatty acids, germplasm bank.

1. Introdução

A crescente preocupação da população com a saúde gera forte demanda pelo consumo de óleos de maior qualidade nutricional e mais saudáveis, ditos óleos funcionais. Um alimento pode ser considerado funcional se atuar benéficamente em uma ou mais funções alvo no organismo, além de possuir efeitos nutricionais adequados, de maneira que seja relevante tanto para o bem estar e saúde quanto para a redução do risco de doenças (ROBERFROID, 2002).

Os óleos vegetais são constituídos por cerca de 95% de triacilgliceróis, resultantes da esterificação de três ácidos graxos a uma molécula de glicerol (DUBOIS *et al.*, 2007). Os ácidos graxos são formados por uma cadeia hidrocarbonada, que pode ser saturada, monoinsaturada ou polinsaturada (com duas ou mais ligações duplas).

O óleo de sementes de abóbora contém cerca de 98% de ácidos graxos, dos quais aproximadamente 70% são ácidos graxos insaturados. Os principais ácidos graxos encontrados nas sementes de abóbora são o ácido linoléico - 18:2($\Delta^{9,12}$) (35,2-60,8%), ácido oléico - 18:1(Δ^9) (21,0-46,9%), ácido palmítico - 16:0 (9,5-14,5%) e o ácido esteárico - 18:0 (3,1-7,4%). Além desses, alguns traços de ácidos graxos insaturados como o ácido linolênico - 18:3 ($\Delta^{9,12,15}$) (0,2%) foram encontrados (MURKOVIC *et al.*, 1996; ALFAWAZ, 2004; STEVENSON *et al.*, 2007). Os 2% restantes, consistem de hidrocarbonetos, álcoois graxos, carotenóides, pigmentos, tocoferóis e tocotrienóis, fitoesteróis, compostos fenólicos e pequenos compostos glicéricos (RYAN *et al.*, 2007).

A elevada composição de ácidos graxos insaturados, associada à presença de componentes bioativos como: tocoferóis, carotenóides e β -sitosterol, elevam o óleo de sementes de abóbora à classe dos óleos funcionais, pois além dos efeitos nutricionais seu consumo provê muitos benefícios à saúde (CAILI *et al.*, 2006). Seu maior benefício é atuar inibindo a hiperplasia da próstata induzida pela testosterona (GOSSELL-WILLIAMS *et al.*, 2006; TSAI *et al.*, 2006). Atribui-se também a este óleo efeito inibidor da progressão de problemas relacionados à hipertensão, artrites e diabetes (FAHIM *et al.*, 1995; AL-ZUHAIIR *et al.*, 1997; AL-ZUHAIIR *et al.*, 2000; CAILI *et al.*, 2006; STEVENSON *et al.*, 2007; EI-AZIZ *et al.*, 2011). Há também potenciais benefícios à saúde em função da presença de vários pigmentos carotenóides neste óleo (MATUS *et al.*, 1993). De modo geral, os carotenóides de frutos de abóbora tem sido

relacionados à prevenção do câncer de próstata (BINNS; LEE1, 2004; JIAN, *et al.*, 2005).

Dentre os estudos envolvendo o óleo de sementes de abóbora, destaca-se o trabalho de Applequist *et al.* (2006) em que foi avaliada a composição dos ácidos graxos das sementes de quatro espécies do gênero *Cucurbita*. Estes autores concluíram que algumas cultivares de *Cucurbita moschata*, podem conter óleos de igual, ou melhor, qualidade ao de *Cucurbita pepo*, espécie comumente utilizada em cultivo comercial, em razão de possuírem sementes sem casca “*hull-less*”, o que simplifica o processo de extração do óleo.

Apesar dos efeitos benéficos à saúde proporcionados pelo consumo do óleo funcional de sementes de abóbora, estudos relacionados ao tema, principalmente em *C. moschata*, ainda são incipientes e pouco se conhece sobre a variabilidade genética desta espécie quanto aos caracteres morfoagronômicos e bioquímicos relacionados às propriedades funcionais deste óleo.

Este trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade genética entre acessos de abóbora (*C. moschata*) do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH/UFV) quanto a caracteres morfoagronômicos e bioquímicos, visando identificar acessos promissores para programas de melhoramento de óleo funcional de sementes de abóbora.

2. Material e métodos

Recursos Fitogenéticos

Foram utilizados cinquenta e quatro acessos de abóbora (*C. moschata*) do BGH/UFV e as cultivares comerciais Jacarezinho (*C. moschata*), Butternut (*C. moschata*), Caserta (*Cucurbita pepo*) e o híbrido interespecífico Tetsukabuto (*Cucurbita maxima* x *Cucurbita moschata*). As cultivares comerciais Jacarezinho e Butternut foram utilizadas como testemunhas por fazerem parte da espécie (*C. moschata*). Estes genótipos foram cultivados na Horta Experimental do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (DFT/UFV) (localização geográfica 42° 52' 53'' S, 20° 45' 14'' W) de janeiro a julho de 2011 em delineamento de blocos casualizados, com três repetições e cinco plantas por parcela, sendo úteis as três centrais. O espaçamento foi de 4 metros entre fileiras e 3 metros entre plantas, recebendo tratos culturais recomendados para a cultura (FILGUEIRA, 2006).

Caracterização Morfoagronômica

Foram aplicados 13 descritores morfoagronômicos relativos à planta (3), aos frutos (3) e às sementes (7), conforme lista de descritores proposta por Esquinas-Alcazar e Gulick (1983).

Descritores de plantas: hábito de crescimento (HC), avaliado por meio de escala de notas 1 = tipo *bush*, 2 = determinado, 3 = moderadamente indeterminado, 4 = indeterminado, 5 = excessivamente indeterminado; dias para o florescimento da flor feminina (DPFF), contados do transplântio das mudas até a abertura da primeira flor feminina; e prolificidade (PROL), número de frutos produzidos por planta. Estes descritores foram aplicados em cada planta útil das três repetições, totalizando nove plantas por genótipo.

Descritores dos frutos: massa do fruto (MF), em kg, mensurada em balança semi-analítica; diâmetro da cavidade interna (DCI); e comprimento da cavidade interna, (CCI), em cm, determinados com uso de paquímetro digital. Estes descritores foram aplicados em um fruto de cada planta útil das três repetições, totalizando nove frutos por genótipo.

Descritores de sementes: massa de sementes por fruto (MSF); massa de cem sementes (M100S), ambos em g, mensurados em balança analítica com as sementes contendo 5% de umidade; relação massa de sementes/massa do fruto (MS/MF), em percentagem; e número de sementes por fruto (NSF), em unidades; tais descritores foram aplicados nas sementes provenientes de um fruto de cada planta útil das três repetições, totalizando nove frutos por genótipo.

Para aplicação dos descritores: comprimento de sementes (COMPS); largura de sementes (LARGS); e espessura de sementes (ESPS), em mm, determinados com uso de paquímetro digital, foram tomadas ao acaso seis sementes de um fruto de cada planta útil das três repetições, totalizando 54 sementes por genótipo.

Caracterização Bioquímica

Realizada no Laboratório de Análises Bioquímicas/Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária (BIOAGRO/UFV), da Universidade Federal de Viçosa (UFV). Todos os reagentes foram adquiridos junto à empresa Vetec® (Rio de Janeiro, Brasil).

A concentração de óleo foi determinada por extração direta em aparelho extrator de Soxhlet, de acordo com o método 920.39C do AOAC (AOAC, 1995). A composição dos ésteres metílicos de ácidos graxos do óleo foi determinada de acordo com o método

adaptado de. Bubeck *et al.* (1989), em cromatógrafo a gás modelo Shimadzu GC-17A, equipado com detector FID utilizando uma coluna DB-Wax - J & W Scientific (30 mx 0,25 mm), com as seguintes condições: temperatura do injetor 245°C, temperatura do detector de 280°C. A temperatura inicial da coluna foi de 200 °C e sua temperatura foi programada para aumentar a uma taxa de 3°C/min até uma temperatura final de 225°C. Foi utilizado nitrogênio como gás de arraste com um fluxo de 1,3 mL/min. Os resultados foram expressos como percentagem de área relativa de cada éster metílico de ácido graxo.

Análises Estatísticas

Os dados da caracterização morfoagronômica dos genótipos foram submetidos à análise de variância e ao teste de agrupamento de médias Scott-Knott, em nível de 5% de probabilidade. Também foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres bioquímicos, entre os morfoagronômicos e entre os caracteres destes dois grupos.

A divergência genética entre os acessos foi estimada, com base na matriz de Distância Euclidiana média padronizada, com posterior aplicação do método de otimização de Tocher (RAO, 1952). As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa Genes (CRUZ, 2006).

3. Resultados e discussão

Houve diferenças significativas entre as médias dos genótipos para todas as características morfoagronômicas em nível de 1% de probabilidade pelo teste F. Para prolificidade (PROL) foram formados três grupos, com destaque para o acesso BGH 7765 com dez frutos por planta (Tabela 1). As cultivares comerciais Jacarezinho, Butternut e Caserta foram alocadas no grupo de genótipos menos prolíficos.

Tabela 1. Médias dos caracteres morfoagronômicos de 58 genótipos de abóbora. UFV, Viçosa-MG.

Genótipo	HC ¹	DPFF ¹	PROL ¹	MF ¹	DCI ¹	CCI ¹	MSF ¹	MS/MF ¹	M100S ¹	NSF ¹	COMPS ¹	LARGS ¹	ESPS ¹
BGH-35	2,94 ^b	47,47 ^b	3,44 ^c	3,20 ^e	15,64 ^a	12,28 ^d	77,52 ^b	2,44 ^b	16,63 ^b	473,82 ^b	16,33 ^c	8,39 ^d	2,44 ^a
BGH-672	3,78 ^a	40,00 ^c	5,67 ^c	4,53 ^d	12,92 ^a	17,69 ^c	71,88 ^b	1,66 ^c	16,08 ^b	450,77 ^c	16,28 ^c	8,39 ^d	2,83 ^a
BGH-900	4,11 ^a	41,40 ^c	10,22 ^a	2,21 ^e	12,00 ^b	9,07 ^d	62,31 ^b	2,85 ^a	15,24 ^b	408,89 ^b	17,52 ^b	9,03 ^c	2,51 ^a
BGH-1207	3,11 ^b	39,13 ^c	6,22 ^b	4,30 ^d	12,79 ^a	12,51 ^d	54,83 ^c	1,31 ^c	15,03 ^b	391,45 ^b	14,92 ^d	7,91 ^d	2,77 ^a
BGH-1219	4,33 ^a	49,93 ^b	7,44 ^b	4,05 ^d	12,55 ^b	15,93 ^c	88,46 ^a	2,25 ^b	16,34 ^b	554,51 ^a	15,75 ^c	8,72 ^c	2,28 ^b
BGH-1514	3,78 ^a	46,33 ^b	5,67 ^c	2,67 ^e	9,98 ^c	15,62 ^c	56,17 ^c	2,11 ^b	12,58 ^c	453,39 ^b	14,95 ^d	7,86 ^d	2,53 ^a
BGH-1922	3,78 ^a	36,53 ^c	6,56 ^b	3,11 ^e	11,76 ^b	15,24 ^c	87,07 ^a	2,81 ^a	14,85 ^b	592,33 ^a	15,76 ^c	8,41 ^D	2,80 ^a
BGH-1946	4,00 ^a	41,20 ^c	9,67 ^a	2,95 ^e	9,46 ^c	17,14 ^c	83,63 ^a	3,02 ^a	14,12 ^c	600,71 ^a	15,30 ^c	8,02 ^d	2,71 ^a
BGH-1956	3,67 ^b	52,60 ^a	7,56 ^b	4,09 ^d	10,68 ^b	16,73 ^c	58,36 ^c	1,43 ^c	13,71 ^c	425,47 ^b	15,25 ^c	8,17 ^d	1,94 ^b
BGH-3333	3,44 ^b	43,45 ^c	6,67 ^b	2,69 ^e	11,09 ^b	10,44 ^d	65,39 ^b	2,54 ^b	15,00 ^b	449,62 ^b	15,51 ^c	8,20 ^d	2,59 ^a
BGH-3581	3,44 ^b	36,67 ^c	5,11 ^c	3,79 ^e	10,11 ^c	22,05 ^b	77,12 ^b	2,06 ^b	14,84 ^b	547,97 ^a	15,30 ^c	8,81 ^c	2,83 ^a
BGH-4139	3,89 ^a	47,60 ^b	7,11 ^b	4,41 ^d	12,31 ^b	13,29 ^d	67,87 ^b	1,71 ^c	12,41 ^c	550,60 ^a	14,54 ^d	7,88 ^d	2,00 ^b
BGH-4360	3,72 ^b	44,60 ^c	5,89 ^b	4,45 ^d	11,12 ^b	23,25 ^b	100,74 ^a	2,26 ^b	15,77 ^b	649,51 ^a	15,74 ^c	8,96 ^c	2,69 ^a
BGH-4514	4,00 ^a	46,13 ^b	6,44 ^b	5,26 ^c	10,23 ^c	24,28 ^b	93,91 ^a	1,79 ^c	16,21 ^b	588,03 ^a	15,69 ^c	8,55 ^c	2,70 ^a
BGH-4515	4,00 ^a	42,47 ^c	6,89 ^b	4,89 ^d	15,38 ^a	17,32 ^c	89,34 ^a	1,88 ^c	13,85 ^c	627,60 ^a	14,86 ^d	7,77 ^d	2,19 ^b
BGH-4585	3,78 ^a	38,40 ^c	7,00 ^b	3,14 ^e	8,52 ^c	16,03 ^c	64,45 ^b	2,15 ^b	14,40 ^c	460,45 ^b	14,68 ^d	7,90 ^d	2,16 ^b
BGH-4586	4,00 ^a	42,40 ^c	7,45 ^b	4,30 ^d	14,54 ^a	12,99 ^d	76,12 ^b	1,78 ^c	13,87 ^c	573,32 ^a	15,50 ^c	8,25 ^d	2,58 ^a
BGH-4600	4,00 ^a	40,73 ^c	8,78 ^a	3,56 ^e	9,15 ^c	18,88 ^c	59,88 ^c	1,68 ^c	11,95 ^c	505,33 ^a	14,08 ^d	7,77 ^d	2,59 ^a
BGH-4615	3,33 ^b	40,97 ^c	9,11 ^a	2,32 ^e	10,52 ^b	14,72 ^c	81,60 ^a	3,68 ^a	13,53 ^c	636,85 ^a	14,43 ^d	8,20 ^d	2,09 ^b
BGH-4617	3,67 ^b	43,00 ^c	10,11 ^a	3,16 ^e	11,04 ^b	12,50 ^d	68,48 ^b	2,18 ^b	14,97 ^b	463,78 ^b	15,36 ^c	8,30 ^d	2,52 ^a
BGH-4623	3,22 ^b	39,27 ^c	6,14 ^b	2,52 ^e	10,19 ^c	9,16 ^d	64,28 ^b	2,68 ^a	12,27 ^c	521,57 ^a	13,76 ^d	7,74 ^d	2,05 ^b
BGH-4628	3,89 ^a	46,07 ^b	6,55 ^b	3,23 ^e	9,13 ^c	18,17 ^c	68,46 ^b	2,12 ^b	15,83 ^b	434,10 ^b	15,13 ^d	8,08 ^d	2,31 ^b
BGH-5210	3,56 ^b	47,40 ^b	5,66 ^c	6,11 ^c	14,35 ^a	15,78 ^c	82,60 ^a	1,42 ^c	14,59 ^c	583,38 ^a	16,30 ^c	8,36 ^d	2,56 ^a
BGH-5232	3,67 ^b	37,53 ^c	8,67 ^a	4,33 ^d	12,21 ^b	12,11 ^d	70,38 ^b	1,62 ^c	16,63 ^b	432,24 ^b	16,22 ^c	8,89 ^c	2,48 ^a
BGH-5233	4,22 ^a	52,27 ^a	5,66 ^c	4,82 ^d	15,23 ^a	13,67 ^c	82,14 ^a	1,71 ^c	17,51 ^a	467,52 ^b	15,58 ^c	8,67 ^c	2,46 ^a
BGH-5235	4,11 ^a	42,07 ^c	6,78 ^b	4,43 ^d	13,37 ^a	19,00 ^c	64,12 ^b	1,45 ^c	14,75 ^b	451,51 ^b	15,34 ^c	8,81 ^c	2,80 ^a
BGH-5253	3,00 ^b	41,52 ^c	7,22 ^b	2,41 ^e	8,43 ^c	17,70 ^c	50,47 ^c	2,01 ^b	13,64 ^c	384,31 ^b	13,92 ^d	8,23 ^d	2,31 ^b
BGH-5257	3,78 ^a	46,93 ^b	9,33 ^a	2,66 ^e	9,52 ^c	14,47 ^c	67,60 ^b	2,93 ^a	13,37 ^c	511,12 ^a	14,25 ^d	7,78 ^d	2,17 ^b
BGH-5449	3,56 ^b	46,20 ^b	6,11 ^b	4,04 ^d	13,24 ^a	16,23 ^c	94,06 ^a	2,37 ^b	16,21 ^b	586,35 ^a	15,23 ^c	8,64 ^d	2,34 ^b
BGH-5621	3,11 ^b	38,80 ^c	7,56 ^b	2,10 ^e	8,57 ^c	12,66 ^d	50,11 ^c	2,36 ^b	12,67 ^c	395,76 ^b	13,86 ^d	7,81 ^d	2,46 ^a
BGH-5622	3,78 ^a	44,13 ^c	5,78 ^c	3,90 ^d	12,27 ^b	9,28 ^d	66,56 ^b	1,69 ^c	15,42 ^b	438,96 ^b	15,45 ^c	8,46 ^d	2,52 ^a
BGH-5635	3,33 ^b	55,67 ^a	3,00 ^c	6,28 ^c	14,69 ^a	20,93 ^b	71,83 ^b	1,17 ^c	14,28 ^c	525,56 ^a	14,91 ^d	8,36 ^d	2,50 ^a
BGH-6153	4,33 ^a	52,63 ^a	4,67 ^c	11,51 ^b	14,55 ^a	32,91 ^a	88,42 ^a	0,76 ^d	19,48 ^a	455,74 ^b	15,69 ^c	8,04 ^d	2,96 ^a
BGH-6154	3,89 ^a	53,40 ^a	4,11 ^c	10,01 ^b	14,30 ^a	23,51 ^b	82,92 ^a	0,84 ^d	13,30 ^c	620,58 ^a	14,47 ^d	7,81 ^d	2,64 ^a
BGH-6996	3,89 ^a	42,30 ^c	5,33 ^c	2,52 ^e	11,04 ^b	11,52 ^d	65,10 ^b	2,55 ^b	13,02 ^c	511,10 ^a	15,00 ^d	8,21 ^d	2,20 ^b
BGH-6997	3,56 ^b	51,07 ^b	4,89 ^c	3,26 ^e	10,60 ^b	16,80 ^c	67,98 ^b	2,18 ^b	15,26 ^b	437,64 ^b	15,27 ^c	8,90 ^c	2,50 ^a

Tabela 1, (Continuação)

Genótipo	HC ¹	DPFF ¹	PROL ¹	MF ¹	DCI ¹	CCI ¹	MSF ¹	MS/MF ¹	M100S ¹	NSF ¹	COMPS ¹	LARGS ¹	ESPS ¹
BGH-6999	4,45 ^a	50,87 ^b	4,11 ^c	4,40 ^d	11,56 ^b	12,17 ^d	77,72 ^b	1,90 ^c	18,77 ^a	416,22 ^b	15,20 ^c	8,80 ^c	2,40 ^a
BGH-7316	3,89 ^a	56,35 ^a	4,33 ^c	6,26 ^c	15,65 ^a	14,50 ^c	92,10 ^a	1,50 ^c	16,29 ^b	571,54 ^a	15,92 ^c	8,57 ^c	2,62 ^a
BGH-7317	4,67 ^a	55,33 ^a	6,22 ^b	5,05 ^d	14,54 ^a	16,52 ^c	99,43 ^a	1,97 ^b	15,59 ^b	652,56 ^a	16,12 ^c	8,79 ^c	2,12 ^b
BGH-7318	3,78 ^a	56,00 ^a	7,72 ^b	3,05 ^e	10,60 ^b	14,88 ^c	64,98 ^b	2,18 ^b	15,38 ^b	425,66 ^b	15,56 ^c	8,87 ^c	2,40 ^a
BGH-7319	3,89 ^a	55,37 ^a	4,11 ^c	4,32 ^d	12,03 ^b	17,74 ^c	92,15 ^a	2,14 ^b	16,70 ^b	544,87 ^a	15,64 ^c	8,83 ^c	2,27 ^b
BGH-7660	3,44 ^b	38,13 ^c	6,55 ^b	4,48 ^d	11,41 ^b	21,19 ^b	92,58 ^a	2,08 ^b	15,06 ^b	627,73 ^a	15,74 ^c	7,79 ^d	2,63 ^a
BGH-7661	3,56 ^b	39,83 ^c	6,78 ^b	3,30 ^e	11,82 ^b	14,16 ^c	71,60 ^b	2,39 ^b	13,19 ^c	560,43 ^a	14,89 ^d	7,78 ^d	2,25 ^b
BGH-7662	3,56 ^b	40,53 ^c	6,89 ^b	5,50 ^c	12,09 ^b	23,26 ^b	77,13 ^b	1,44 ^c	13,82 ^c	556,41 ^a	14,59 ^d	7,79 ^d	2,45 ^a
BGH-7663	3,11 ^b	39,33 ^c	4,44 ^c	3,73 ^e	10,08 ^c	14,96 ^c	43,42 ^c	1,18 ^c	12,13 ^c	341,55 ^b	14,39 ^d	7,58 ^d	2,17 ^b
BGH-7664	3,67 ^b	44,02 ^c	4,89 ^c	4,55 ^d	12,04 ^b	16,81 ^c	70,53 ^b	1,59 ^c	15,50 ^b	459,25 ^b	15,37 ^c	8,88 ^c	2,59 ^a
BGH-7665	3,89 ^a	59,40 ^a	3,11 ^c	4,48 ^d	12,28 ^b	9,43 ^d	58,43 ^c	1,35 ^c	17,67 ^a	328,75 ^b	17,68 ^b	9,42 ^b	2,15 ^b
BGH-7666	3,56 ^b	49,27 ^b	4,00 ^c	6,30 ^c	14,88 ^a	24,26 ^b	109,15 ^a	1,81 ^c	20,32 ^a	552,60 ^a	19,05 ^a	10,27 ^a	2,63 ^a
BGH-7667	4,11 ^a	49,67 ^b	8,67 ^a	5,82 ^c	12,31 ^b	14,76 ^c	66,07 ^b	1,14 ^c	14,58 ^c	452,87 ^b	14,94 ^d	8,02 ^d	2,04 ^b
BGH-7671	4,22 ^a	60,53 ^a	2,22 ^c	5,96 ^c	14,89 ^a	12,34 ^d	97,24 ^a	1,66 ^c	17,89 ^a	542,39 ^a	16,28 ^c	9,02 ^c	2,39 ^a
BGH-7673	4,00 ^a	48,67 ^b	2,44 ^c	20,23 ^a	16,54 ^a	29,54 ^a	53,95 ^c	0,27 ^d	12,80 ^c	427,94 ^b	15,64 ^c	8,41 ^d	1,84 ^b
BGH-7764	4,11 ^a	42,60 ^c	6,55 ^b	4,84 ^d	15,12 ^a	14,53 ^c	70,87 ^b	1,46 ^c	14,48 ^c	498,29 ^a	15,02 ^d	8,06 ^d	2,07 ^b
BGH-7765	4,44 ^a	49,92 ^b	10,00 ^a	2,92 ^e	10,35 ^c	13,52 ^d	75,17 ^b	2,77 ^a	13,40 ^c	562,82 ^a	15,41 ^c	8,48 ^c	2,59 ^a
BGH-7766	4,33 ^a	41,47 ^c	7,00 ^b	3,45 ^e	10,32 ^c	16,28 ^c	67,05 ^b	1,94 ^b	14,15 ^c	480,13 ^b	15,12 ^d	8,19 ^d	2,13 ^b
`Tetsukabuto`	3,67 ^b	35,53 ^c	6,56 ^b	2,49 ^e	11,29 ^b	10,28 ^d	6,45 ^d	0,26 ^d	13,43 ^c	44,89 ^d	17,48 ^b	9,45 ^b	2,63 ^a
`Jacarezinho`	3,67 ^b	46,47 ^b	5,33 ^c	2,77 ^e	11,60 ^b	11,64 ^d	77,31 ^b	2,96 ^a	15,26 ^b	504,37 ^a	16,03 ^c	8,58 ^c	2,77 ^a
`Butternut`	2,00 ^c	24,27 ^d	3,22 ^c	1,26 ^e	8,07 ^c	6,78 ^d	23,90 ^d	1,92 ^c	9,28 ^d	251,38 ^c	11,86 ^e	7,19 ^d	2,14 ^b
`Caserta`	1,00 ^d	26,73 ^d	1,00 ^c	2,02 ^e	7,16 ^c	31,78 ^a	29,59 ^d	1,33 ^c	15,26 ^b	181,73 ^c	15,77 ^c	9,08 ^c	2,45 ^a
QMR	0,18	25,92	3,11	1,25	2,14	10,25	230,13	0,23	2,71	8741,2	0,38	0,21	0,04
CV (%)	11,73	11,41	28,88	25,82	12,38	19,89	21,51	25,25	11,17	19,44	4,05	5,55	8,79

¹Hábito de crescimento (HC; 1 – bush, 2 – determinado, 3 – moderadamente indeterminado, 4 – indeterminado, 5 excessivamente indeterminado), dias para o florescimento da flor feminina (DPFF; em dias após o transplante), prolificidade (PROL; em nº de frutos por planta), massa do fruto (MF; em kg), diâmetro da cavidade interna (DCI; em cm), comprimento da cavidade interna (CCI; em cm), massa de sementes por fruto (MSF; em g, com 5% de umidade), massa de sementes / massa do fruto (MSMF; em %), massa de 100 sementes (M100S; em g, com 5% de umidade), número de sementes por fruto (NSF; em unidades), comprimento de sementes (COMPS; em mm), largura de sementes (LARGS, em mm) e espessura de sementes (ESPS; em mm).

Médias seguidas pela mesma letra sobrescrita na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott em nível de 5% de probabilidade.

Para massa do fruto (MF), foram formados cinco grupos, com amplitude de 2,10 (BGH-5621) a 20,23 kg (BGH-7673). Até recentemente, a maior parte das cultivares de abóbora desenvolvidas na Europa Central e Oriental, para a exploração do óleo das sementes, produzia frutos grandes e polpa espessa. De acordo com (LOY, 2004), o fato de sementes grandes serem mais facilmente obtidas em frutos grandes parece ter sido um critério de seleção nesses países, pois a seleção de sementes maiores pode estar relacionada à sua maior facilidade de extração, considerando que grande parte ainda é realizada manualmente. Cui e Loy (2002) relatam que frutos com massa entre 0,8 e 1,5 kg produzem sementes de tamanho relativamente grande, na faixa de 0,17-0,21 g. Estes tamanhos de frutos são bem aceitos pelo mercado, logo é razoável priorizar a seleção de frutos menores que produzam sementes grandes visando a produção de óleo funcional e utilização da polpa para o desenvolvimento da agroindústria e agricultura familiar.

Considerando a relação entre a massa de sementes e a massa do fruto (MS/MF), foram formados cinco grupos, com amplitude de 0,27 (BGH-7673) a 3,68% (BGH-4615). Segundo Winkler (2000) um dos objetivos dos programas de melhoramento para produção de óleo em *C. pepo* (*hull-less*) é elevar a relação MS/MF. O autor afirma que aumento dessa relação de 1,5% para aproximadamente 3,0% pode ser alcançado. O grupo de maior MS/MF foi formado por sete acessos e pela cultivar Jacarezinho. A elevada MS/MF observada nesses acessos pode ser explicada em parte pelo fato das sementes utilizadas no presente estudo possuírem casca (maior massa de sementes), diferentemente das utilizadas comercialmente para a produção de óleo (*hull-less*) (MURKOVIC *et al.*, 1996).

Considerando número de sementes por fruto (NSF), foram formados quatro grupos, com amplitude de aproximadamente 330 a 650 sementes por fruto. Essa amplitude é superior à observada por Younis *et al.* (2000) em *C. pepo*. O grupo dos genótipos de maior NSF foi formado por 28 acessos e pela cultivar Jacarezinho. Todos os genótipos alocados no grupo de maior MS/MF fizeram parte do grupo de maior NSF, indicando que a elevada MS/MF obtida neste trabalho pode ser devida a influência do NSF.

Para a concentração de óleo, em base seca, a média dos acessos foi de 41,68%, superior à observada nas testemunhas (36,45%), com amplitude de 38,56 (BGH-5621) a 44,66% (BGH-6154) (Tabela 2).

Tabela 2. Concentração de óleo e composição de ácidos graxos^a em sementes de genótipos de abóbora. UFV, Viçosa-MG.

Genótipo	OL	Ácidos graxos (% de ácidos graxos totais) ^b					TAS ^c	TAI ^d
		C16:0	C18:0	C18:1(Δ^9)	C18:2($\Delta^{9,12}$)	C18:3($\Delta^{9,12,15}$)		
BGH-35	39,86 ($\pm 0,26$)	15,45($\pm 0,12$)	8,48($\pm 0,05$)	20,65($\pm 0,03$)	55,19($\pm 0,09$)	0,24($\pm 0,00$)	23,92	76,08
BGH-672	40,77($\pm 0,19$)	14,20($\pm 0,09$)	9,44($\pm 0,17$)	19,42($\pm 0,11$)	56,72($\pm 0,00$)	0,22($\pm 0,04$)	23,64	76,36
BGH-900	39,35($\pm 0,06$)	13,43($\pm 0,28$)	9,24($\pm 0,04$)	19,78($\pm 0,15$)	57,32($\pm 0,14$)	0,23($\pm 0,03$)	22,67	77,33
BGH-1207	41,19($\pm 0,39$)	14,42($\pm 0,07$)	8,81($\pm 0,01$)	28,61($\pm 0,18$)	47,97($\pm 0,07$)	0,19($\pm 0,05$)	23,23	76,77
BGH-1219	41,64($\pm 0,01$)	15,73($\pm 0,15$)	9,28($\pm 0,06$)	16,78($\pm 0,12$)	58,03($\pm 0,04$)	0,19($\pm 0,00$)	25,00	75,00
BGH-1514	41,29($\pm 0,58$)	15,08($\pm 0,22$)	9,07($\pm 0,02$)	18,32($\pm 0,09$)	57,34($\pm 0,19$)	0,19($\pm 0,04$)	24,15	75,85
BGH-1922	42,19($\pm 0,27$)	15,70($\pm 0,06$)	9,83($\pm 0,05$)	21,36($\pm 0,00$)	52,94($\pm 0,01$)	0,18($\pm 0,00$)	25,53	74,47
BGH-1946	42,37($\pm 0,01$)	15,08($\pm 0,07$)	7,59($\pm 0,07$)	22,64($\pm 0,03$)	54,53($\pm 0,02$)	0,17($\pm 0,05$)	22,67	77,33
BGH-1956	41,92($\pm 0,04$)	15,07($\pm 0,04$)	10,46($\pm 0,06$)	17,91($\pm 0,00$)	56,39($\pm 0,00$)	0,17($\pm 0,02$)	25,53	74,47
BGH-3333	42,76($\pm 0,68$)	14,33($\pm 0,34$)	8,83($\pm 0,13$)	25,58($\pm 0,22$)	51,00($\pm 0,59$)	0,25($\pm 0,10$)	23,16	76,84
BGH-3581	41,19($\pm 0,50$)	15,27($\pm 0,18$)	8,98($\pm 0,08$)	28,32($\pm 0,12$)	47,25($\pm 0,01$)	0,18($\pm 0,02$)	24,25	75,75
BGH-4139	40,14($\pm 0,01$)	15,36($\pm 0,30$)	8,87($\pm 0,02$)	16,07($\pm 0,16$)	59,49($\pm 0,19$)	0,21($\pm 0,03$)	24,23	75,77
BGH-4360	43,13($\pm 0,24$)	15,31($\pm 0,01$)	9,15($\pm 0,19$)	18,92($\pm 0,15$)	56,36($\pm 0,14$)	0,26($\pm 0,07$)	24,46	75,54
BGH-4514	42,23($\pm 0,05$)	15,89($\pm 0,13$)	9,09($\pm 0,03$)	20,77($\pm 0,16$)	54,08($\pm 0,32$)	0,16($\pm 0,05$)	24,98	75,02
BGH-4515	41,23($\pm 0,27$)	15,83($\pm 0,10$)	9,15($\pm 0,02$)	23,62($\pm 0,01$)	51,20($\pm 0,09$)	0,20($\pm 0,00$)	24,98	75,02
BGH-4585	42,53($\pm 0,37$)	15,36($\pm 0,27$)	9,40($\pm 0,05$)	19,70($\pm 0,09$)	55,35($\pm 0,13$)	0,20($\pm 0,00$)	24,76	75,24
BGH-4586	40,31($\pm 0,51$)	14,92($\pm 0,16$)	9,59($\pm 0,12$)	19,06($\pm 0,09$)	56,24($\pm 0,00$)	0,19($\pm 0,05$)	24,51	75,49
BGH-4600	43,67($\pm 0,31$)	15,43($\pm 0,16$)	10,38($\pm 0,06$)	17,31($\pm 0,20$)	56,65($\pm 0,35$)	0,23($\pm 0,05$)	25,81	74,19
BGH-4615	42,05($\pm 0,33$)	15,96($\pm 0,53$)	10,41($\pm 0,24$)	21,25($\pm 0,33$)	51,75($\pm 0,41$)	0,63($\pm 0,69$)	26,37	73,63
BGH-4617	41,71($\pm 0,22$)	15,67($\pm 0,14$)	9,46($\pm 0,01$)	18,98($\pm 0,02$)	55,77($\pm 0,11$)	0,12($\pm 0,01$)	25,12	74,88
BGH-4623	41,63($\pm 0,09$)	15,74($\pm 0,01$)	9,17($\pm 0,21$)	17,78($\pm 0,16$)	57,00($\pm 0,12$)	0,30($\pm 0,07$)	24,91	75,09
BGH-4628	44,43($\pm 0,85$)	15,76($\pm 0,18$)	9,99($\pm 0,00$)	22,30($\pm 0,08$)	51,78($\pm 0,09$)	0,18($\pm 0,00$)	25,75	74,25
BGH-5210	41,31($\pm 0,74$)	15,78($\pm 0,17$)	9,12($\pm 0,03$)	18,75($\pm 0,05$)	56,19($\pm 0,16$)	0,15($\pm 0,01$)	24,90	75,10
BGH-5232	41,91($\pm 0,95$)	14,75($\pm 0,20$)	8,90($\pm 0,09$)	22,77($\pm 0,09$)	53,41($\pm 0,00$)	0,18($\pm 0,02$)	23,65	76,35
BGH-5233	42,63($\pm 0,29$)	14,84($\pm 0,30$)	8,95($\pm 0,06$)	20,38($\pm 0,10$)	55,67($\pm 0,17$)	0,16($\pm 0,03$)	23,79	76,21
BGH-5235	41,97($\pm 0,74$)	15,31($\pm 0,16$)	9,18($\pm 0,04$)	26,33($\pm 0,15$)	48,98($\pm 0,02$)	0,20($\pm 0,06$)	24,49	75,51
BGH-5253	39,68($\pm 0,20$)	14,40($\pm 0,12$)	10,08($\pm 0,01$)	22,48($\pm 0,01$)	52,88($\pm 0,11$)	0,16($\pm 0,00$)	24,48	75,52
BGH-5257	41,03($\pm 0,51$)	15,70($\pm 0,06$)	8,80($\pm 0,16$)	17,83($\pm 0,14$)	57,40($\pm 0,05$)	0,27($\pm 0,04$)	24,50	75,50
BGH-5449	42,86($\pm 0,19$)	14,39($\pm 0,35$)	8,80($\pm 0,07$)	20,92($\pm 0,10$)	55,76($\pm 0,51$)	0,14($\pm 0,00$)	23,19	76,81
BGH-5621	38,56($\pm 0,29$)	14,06($\pm 0,09$)	8,63($\pm 0,15$)	26,13($\pm 0,34$)	51,00($\pm 0,15$)	0,18($\pm 0,05$)	22,69	77,31
BGH-5622	40,41($\pm 0,26$)	14,93($\pm 0,05$)	7,60($\pm 0,06$)	22,60($\pm 0,17$)	54,66($\pm 0,05$)	0,21($\pm 0,01$)	22,53	77,47
BGH-5635	41,26($\pm 0,36$)	14,89($\pm 0,04$)	8,50($\pm 0,03$)	19,86($\pm 0,14$)	56,56($\pm 0,18$)	0,19($\pm 0,03$)	23,39	76,61

Tabela 2, (Continuação)

Genótipo	OL	Ácidos graxos (% de ácidos graxos totais) ^b					TAS ^c	TAI ^d
		C16:0	C18:0	C18:1(Δ^9)	C18:2($\Delta^{9,12}$)	C18:3($\Delta^{9,12,15}$)		
BGH-6153	43,12(±0,96)	14,61(±0,25)	9,30(±0,13)	23,48(±0,20)	52,46(±0,02)	0,16(±0,06)	23,90	76,10
BGH-6154	44,66(±0,74)	15,02(±0,04)	8,86(±0,07)	20,61(±0,31)	55,31(±0,32)	0,19(±0,01)	23,88	76,12
BGH-6996	40,65(±0,35)	15,22(±0,43)	9,08(±0,06)	18,76(±0,16)	56,78(±0,27)	0,15(±0,06)	24,30	75,70
BGH-6997	41,17(±0,06)	14,10(±0,02)	8,91(±0,06)	24,81(±0,02)	51,92(±0,01)	0,26(±0,01)	23,01	76,99
BGH-6999	43,59(±0,07)	15,28(±0,03)	7,93(±0,02)	24,33(±0,13)	52,28(±0,13)	0,19(±0,04)	23,21	76,79
BGH-7003	34,97(±0,05)	16,32(±0,18)	7,60(±0,03)	29,17(±0,17)	46,71(±0,03)	0,22(±0,01)	23,91	76,09
BGH-7316	42,63(±0,93)	15,36(±0,29)	9,87(±0,01)	17,38(±0,02)	57,20(±0,29)	0,19(±0,02)	25,23	74,77
BGH-7317	41,98(±0,42)	14,52(±0,39)	8,89(±0,03)	23,84(±0,08)	52,51(±0,58)	0,24(±0,08)	23,41	76,59
BGH-7318	42,05(±0,91)	14,10(±0,31)	8,73(±0,14)	26,78(±0,42)	50,17(±0,16)	0,21(±0,08)	22,84	77,16
BGH-7319	44,07(±0,37)	14,08(±0,39)	10,08(±0,14)	22,74(±0,04)	52,92(±0,57)	0,18(±0,08)	24,16	75,84
BGH-7660	42,53(±0,18)	13,98(±0,31)	8,69(±0,05)	20,14(±0,13)	56,94(±0,53)	0,25(±0,03)	22,67	77,33
BGH-7661	40,95(±0,20)	15,40(±0,34)	9,56(±0,08)	19,34(±0,07)	55,50(±0,35)	0,21(±0,01)	24,96	75,04
BGH-7662	42,40(±0,16)	13,97(±0,14)	8,81(±0,06)	23,50(±0,13)	53,54(±0,24)	0,19(±0,01)	22,77	77,23
BGH-7663	41,52(±0,25)	16,56(±0,39)	7,75(±0,04)	24,04(±0,22)	51,42(±0,61)	0,21(±0,03)	24,32	75,68
BGH-7664	41,75(±0,55)	14,07(±0,19)	9,41(±0,04)	23,10(±0,01)	53,23(±0,15)	0,19(±0,02)	23,48	76,52
BGH-7665	40,53(±0,25)	15,87(±0,22)	8,39(±0,01)	19,00(±0,18)	56,54(±0,11)	0,19(±0,08)	24,26	75,74
BGH-7666	40,49(±0,37)	15,59(±0,29)	8,48(±0,09)	18,04(±0,24)	57,64(±0,05)	0,26(±0,09)	24,06	75,94
BGH-7667	39,96(±0,33)	15,64(±0,47)	9,80(±0,25)	19,30(±0,54)	54,88(±0,26)	0,37(±0,06)	25,44	74,56
BGH-7671	42,77(±0,02)	15,44(±0,11)	9,33(±0,05)	15,00(±0,02)	60,00(±0,15)	0,22(±0,02)	24,78	75,22
BGH-7673	40,13(±0,47)	15,91(±0,11)	8,52(±0,03)	18,49(±0,05)	56,87(±0,08)	0,20(±0,04)	24,44	75,56
BGH-7764	40,88(±0,66)	14,63(±0,17)	9,31(±0,00)	18,94(±0,05)	56,88(±0,22)	0,23(±0,00)	23,94	76,06
BGH-7765	43,23(±0,36)	14,76(±0,14)	9,55(±0,35)	28,39(±0,18)	47,00(±0,52)	0,31(±0,05)	24,31	75,69
BGH-7766	40,60(±0,23)	15,96(±0,21)	8,74(±0,25)	18,99(±0,23)	56,04(±0,13)	0,27(±0,10)	24,70	75,30
`Tetsukabuto`	28,96(±0,87)	14,61(±0,03)	7,88(±0,11)	26,07(±0,11)	50,91(±0,24)	0,52(±0,08)	22,49	77,51
`Jacarezinho`	39,53(±0,83)	15,16(±0,55)	8,57(±0,37)	20,96(±0,46)	54,66(±0,59)	0,65(±0,12)	23,73	76,27
`Butternut`	33,37(±0,22)	16,30(±0,50)	7,50(±0,05)	32,10(±0,37)	43,80(±0,56)	0,23(±0,07)	23,80	76,13
`Caserta`	32,45(±0,06)	11,00(±0,38)	6,74(±0,18)	47,71(±0,55)	34,21(±0,52)	0,34(±0,07)	17,74	82,26

^aMédias ± desvio padrão de duas determinações, concentração de óleo expressa em percentagem da massa da semente e composição de ácidos graxos em percentagem (g/100g), em base seca; ^bAbreviaturas dos ácidos graxos: (C16:0) ácido palmítico; (C18:0) ácido esteárico; (C18:1 Δ^9) ácido oléico; (C18:2 $\Delta^{9,13}$) ácido linoléico; (C18:3 $\Delta^{9,13,15}$) ácido linolênico. ^cTAS, total de ácidos graxos saturados expresso em percentagem (g/100g), em base seca. ^dTAI, total de ácidos graxos insaturados expresso em percentagem (g/100g), em base seca.

Essas amplitudes foram semelhantes às obtidas por El-Aziz *et al.* (2011) em *C. moschata*, por Hegazy e El Kinawy (2011) (*C. maxima*) e por Yoshida *et al.* (2004) em *C. pepo* e inferiores às obtidas por El-Adawy e Taha (2001) e por Mukovic *et al.* (1996) também em *C. pepo*, com amplitude de 45-51%. A maior concentração de óleo, observada nesses trabalhos, provavelmente é devida ao fato de algumas cultivares da espécie (*C. pepo*) produzirem sementes sem casca (*hull-less*), elevando a proporção de óleo em relação à massa seca da semente (MURKOVIC *et al.*, 1996). Tal característica torna o processo de extração do óleo simplificado em relação às espécies de sementes com casca explicando parcialmente porque a produção comercial de óleo de sementes de abóbora tem se restringido às sementes da espécie *C. pepo* (ALFAWAZ, 2004; STEVENSON *et al.*, 2007).

A cultivar Styrian, por exemplo, comumente utilizada para a produção de óleo no sul da Áustria, Eslovênia e Hungria, produz sementes sem casca (*hull-less*) e permite a obtenção de elevadas concentrações de óleo (41-59%). No entanto, apesar da elevada concentração de óleo, a cultivar Styrian é menos adaptada ao clima subtropical e tropical, além de produzir polpa de qualidade inferior a de outras Cucurbitáceas (*C. moschata* e *C. maxima*). Nesses casos a polpa é descartada ou utilizada somente para ração animal (FRUHWIRTH; HERMETTER, 2008). Ademais Al-Khalifa (1996) avaliou a concentração de óleo de sementes sem casca de *C. moschata* e obteve valor de 43%, concentração inferior à observada para o acesso BGH-6154 (44,66%) (Tabela 2). Assim, a variabilidade genética de *C. moschata* conservada no BGH/UFV apresenta potencial para exploração simultânea de óleo e polpa.

Na análise de cromatografia gasosa, os principais ácidos graxos observados foram: ácido linoléico - C18:2 ($\Delta^{9,12}$) (54,46%), ácido oléico - C18:1 (Δ^9) (21,15%), ácido palmítico - C16:0 (15,07%), ácido esteárico - C18:0 (9,09%) e ácido linolênico - C18:3 ($\Delta^{9,12,15}$) (0,21%) (Tabela 2). O perfil de ácidos graxos observados é semelhante aos previamente relatados na literatura (EI-AZIZ *et al.*, 2011.; YOUNIS *et al.*, 2000; EL-ADAWY; TAHA, 2001; APPLEQUIST *et al.*, 2006; NYAM *et al.*, 2009; HEGAZY; EL KINAWY, 2011).

Parte dos efeitos benéficos à saúde, proporcionados pelo consumo do óleo funcional de sementes de abóbora, são devidos à presença dos ácidos graxos essenciais: linoléico - (ω -6) e linolênico (ω -3), que além de possuírem elevado valor nutricional são frequentemente associados a importantes atividades fisiológicas (DUBOIS *et al.*, 2007). No entanto, esses ácidos graxos são também os principais responsáveis pela

instabilidade dos óleos vegetais quando na presença de compostos indutores da degradação (SALTA *et al.*, 2007).

A deterioração dos óleos vegetais, causada pelo processo de oxidação, é uma das maiores preocupações econômicas da indústria, pois afeta as qualidades sensoriais e nutritivas dos óleos alimentares (CHAIYASIT *et al.*, 2007), sendo relevante a formação, durante esse processo de oxidação, de compostos potencialmente tóxicos para consumo humano (Frankel, 2005). Diante desse fato, assegurar a produção de óleos com elevada estabilidade oxidativa é de extrema importância para a saúde e bem-estar dos consumidores.

Nesse sentido, destaca-se o papel do ácido oléico (ω -9), que apesar de não ser estável como os ácidos graxos saturados, possui apenas uma ligação dupla em sua cadeia de carbonos C18:1(Δ^9), enquanto o ácido linoléico C18:2($\Delta^{9,12}$) e ácido linolênico C18:3 ($\Delta^{9,12,15}$) possuem duas e três ligações duplas, respectivamente. Essa característica confere ao ácido oléico maior estabilidade oxidativa, sendo cerca de 10 vezes mais estável que o ácido linoléico e pelo menos 20 vezes mais estável que o ácido linolênico (GREINER, 1990).

Desta forma, a seleção de genótipos com maior concentração de ácido oléico e baixos dos ácidos linoléico e linolênico eleva a estabilidade do óleo e reduz ou elimina a necessidade de hidrogenação química, responsável pela produção de ácidos graxos *trans*, diretamente relacionados à incidência de doenças cardiovasculares (FEHR, 2007). Dietas, cujo consumo de ácido oléico é elevado estão associadas à redução dos níveis de colesterol, arteriosclerose e doenças cardíacas (CHANG; HUANG, 1998).

O acesso BGH-7765 pode ser considerado promissor para programas de melhoramento, pois associa a menor percentagem de ácido linoléico (47,0%) à percentagem de ácido oléico (28,39%) superior a média dos acessos (21,15%).

Para o total de ácidos graxos saturados (TAS) (C16:0 + C18:0) foi observada média de 24,17%, superior à média das testemunhas (23,76%), e amplitude de 22,53 (BGH-5622) a 26,37% (BGH-4615). A média dos acessos (24,71%) foi superior aos valores obtidos em *C. moschata* por Applequist *et al.* (2006) e Al-Khalifa (1996).

Genótipos ricos em ácido esteárico (C18:0) são preferidos, porque ao contrário do ácido palmítico (C16:0) não estão associados à elevação do colesterol sanguíneo e às consequentes doenças cardiovasculares (YADAV *et al.*, 1993). Além disso, elevar a concentração de ácido esteárico do óleo pode ser útil para eliminar a necessidade

de hidrogenação química e a consequente formação de gorduras *trans* (KOK *et al.*, 1999).

Considerando o total de ácidos graxos insaturados (TAI) [C18:1(Δ^9) + C18:2($\Delta^{9,12}$) + C18:3($\Delta^{9,12,15}$)] foi observada média de 75,82%, ligeiramente inferior à média das testemunhas (76,20%) e similar às obtidas em outros estudos envolvendo as espécies: *C. moschata*, *C. maxima* e *C. pepo* (EI-AZIZ *et al.*, 2011.; ALFAWAZ, 2004; YOSHIDA *et al.*, 2004; APPLEQUIST *et al.*, 2006; STEVENSON *et al.*, 2007; HEGAZY; EL KINAWY, 2011). A amplitude de 73,63 (BGH-4615) a 77,47% (BGH-5622) foi menor que a reportada para o óleo de semente de *C. pepo*, cultivar alemã (81,6-82,7%) (CERNY *et al.*, 1971), mas muito próxima da relatada para soja 75% (CERNY *et al.*, 1971) e amendoim 78% (SANDERS, 1980).

Em sua maioria as estimativas dos coeficientes de correlações fenotípicas entre os caracteres bioquímicos, entre os morfoagronômicos e entre os caracteres destes dois grupos foram de moderadas a baixas (Tabela 3). Considerando os caracteres bioquímicos, observou-se elevada correlação negativa apenas entre a concentração dos ácidos graxos oléico C18:1(Δ^9) e linoléico C18:2($\Delta^{9,12}$) (-0,97^{**}). Essa correlação negativa é esperada, em razão da relação precursor-produto entre esses dois ácidos graxos, em que o ácido linoléico é produzido, principalmente, pela dessaturação do ácido oléico na molécula de fosfatidilcolina no retículo endoplasmático (OHLROGGEAV; BROWSEB, 1995).

Entre as características morfoagronômicas foram observadas correlações significativas e de alta magnitude apenas entre o número de sementes por fruto (NSF) e a massa de sementes por fruto (MSF) (0,89^{**}), entre a massa de 100 sementes (M100S) e o comprimento de sementes (COMPS) (0,74^{**}), entre M100S e largura de sementes (LARGS) (0,68^{**}) e entre o comprimento de sementes (COMPS) e a LARGS (0,82^{**}). Cabe ressaltar que as associações entre MSF, e entre M100S, com os demais caracteres foram de média a baixa magnitude, indicando que a massa e o tamanho das sementes não estão associados ao tamanho dos frutos (Tabela 3).

Considerando as correlações dos caracteres morfoagronômicos com os bioquímicos, foram observadas estimativas significativas e de elevada magnitude somente entre concentração de óleo (OL) e número de sementes por fruto (NSF) (0,75^{**}) e entre OL e massa de sementes por fruto (MSF) (0,74^{**}). As demais associações foram, em geral, de baixa magnitude não superando 0,64. Logo, é possível elevar a produção de óleo sem afetar sua qualidade.

Tabela 3. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre caracteres bioquímicos, entre os morfoagronômicos e entre os caracteres destes dois grupos. UFV, Viçosa-MG.

		Bioquímicos												
		OL	C16:0			C18:0			C18:1(Δ^9)		C18:2($\Delta^{9,12}$)			
Bioquímicos	C16:0	0,17												
	C18:0	0,55**	0,14											
	C18:1(Δ^9)	-0,50**	-0,51**		-0,53**									
	C18:2($\Delta^{9,12}$)	0,46**	0,37**		0,42**		-0,97**							
	C18:3($\Delta^{9,12,15}$)	-0,37**	-0,02		-0,06		0,13		-0,16					
		Morfoagronômicos												
		NSF	MSF	M100S	MSMF	COMPS	LARGS	ESPS	DPFF	PROL	MF	DCI	CCI	
Morfoagronômicos	MSF	0,89**												
	M100S	0,21	0,62**											
	MSMF	0,39**	0,28*	-0,06										
	COMPS	0,07	0,37**	0,74**	-0,12									
	LARGS	-0,08	0,24	0,68**	-0,09	0,82**								
	ESPS	0,07	0,21	0,32**	-0,01	0,30*	0,25*							
	DPFF	0,41**	0,57**	0,56**	-0,11	0,42**	0,35**	-0,07						
	PROL	0,26*	0,08	-0,17	0,45**	-0,07	-0,21	0,01	-0,08					
	MF	0,19	0,25*	0,22	-0,59**	0,20	0,07	-0,06	0,41**	-0,33**				
	DCI	0,39**	0,52**	0,47**	-0,36**	0,47**	0,27*	0,05	0,56**	-0,23**	0,62**			
	CCI	0,22	0,30*	0,28*	-0,36**	0,17	0,13	0,22	0,12	-0,25*	0,58**	0,15		
HC	0,51**	0,56**	0,39**	0,01	0,36**	0,17	0,02	0,65**	0,38*	0,32*	0,47**	0,01		
		Morfoagronômicos												
		NSF	MSF	M100S	MSMF	COMPS	LARGS	ESPS	DPFF	PROL	MF	DCI	CCI	HC
Bioquímicos	OL	0,75**	0,74**	0,37**	0,24*	0,04	-0,08	0,09	0,57**	0,22	0,24	0,28*	0,19	0,60**
	C16:0	0,19	0,08	-0,22	0,05	-0,22	-0,27*	-0,27*	0,07	0,05	0,11	0,09	-0,28*	0,24
	C18:0	0,48**	0,40**	0,09	0,20	0,01	-0,08	-0,05	0,33**	0,43**	0,05	0,15	0,04	0,46**
	C18:1(Δ^9)	-0,52**	-0,48**	-0,15	-0,09	-0,19	0,04	0,19	-0,50**	-0,25	-0,25*	-0,42**	0,15	-0,64**
	C18:2($\Delta^{9,12}$)	0,49**	0,48**	0,20	0,05	0,26*	0,01	-0,15	0,52**	0,20	0,27*	0,46**	-0,12	0,62**
	C18:3($\Delta^{9,12,15}$)	-0,14	-0,17	-0,11	0,21	0,09	0,12	-0,04	-0,14	0,07	-0,19	-0,14	-0,13	-0,13

**:* Significativo pelo teste t aos níveis de 1% e 5% de probabilidade, respectivamente. OL: concentração de óleo; C16:0: ácido palmítico; C18:0: ácido esteárico; C18:1(Δ^9): ácido oléico; C18:2: ácido linoléico ($\Delta^{9,12}$); C18:3: ácido linolênico ($\Delta^{9,12,15}$); NSF: número de sementes por fruto; MSF: massa de sementes por fruto, em g, com 5% de umidade; M100S: massa de 100 sementes em g, com 5% de umidade; MSMF: massa de sementes/massa do fruto; COMPS: comprimento de sementes; LARGS: largura de sementes; ESPS: espessura de sementes; DPFF: dias para o florescimento da flor feminina; PROL: prolificidade; MF: massa do fruto; DCI: diâmetro da cavidade interna; CCI: comprimento da cavidade interna; HC: hábito de crescimento.

Na análise de divergência genética entre os acessos foi observada maior variabilidade para os caracteres morfoagronômicos em relação aos bioquímicos, sendo os acessos alocados em cinco e três grupos, respectivamente (Tabela 4).

Tabela 4. Agrupamento de 54 acessos de abóbora (*C. moschata*) pelo método de agrupamento de Tocher, com base na Distância Euclidiana média padronizada. UFV, Viçosa-MG.

Morfoagronômicos	
Grupos	Acessos
1	BGH-5621 BGH-5253 , BGH-4585 BGH-1514 BGH-4628 BGH-3333 BGH-6996 BGH-7661 BGH-7766 BGH-4617 BGH-5257 BGH-5622 BGH-4139 BGH-4600 BGH-1956 BGH-6997 BGH-7664 BGH-7318 BGH-7667 BGH-7764 BGH-4586 BGH-7662 BGH-5235 BGH-672 BGH-5232 BGH-5449 BGH-1219 BGH-5210 BGH-1922 BGH-3581 BGH-1207 BGH-7660 BGH-4515 BGH-1946 BGH-7765 BGH-4514 BGH-5233 BGH-7319 BGH-4360 BGH-6999 BGH-7316 BGH-5635 BGH-4623 BGH-35 BGH-4615 BGH-900 BGH-7317 BGH-6154 BGH-7663 BGH-7671
2	BGH-7665
3	BGH-6153
4	BGH-7666
5	BGH-7673
Bioquímicos	
Grupos	Acessos
1	BGH-7673 BGH-7665 BGH-7666 BGH-7766 BGH-5257 BGH-35 BGH-4623 BGH-4139 BGH-1514 BGH-6996 BGH-5210 BGH-1219 BGH-7661 BGH-5635 BGH-7764 BGH-4586 BGH-4585 BGH-4617 BGH-4514 BGH-5233 BGH-4360 BGH-7316 BGH-672 BGH-5232 BGH-1922 BGH-7671 BGH-5449 BGH-1956 BGH-4515 BGH-7317 BGH-7660 BGH-7664 BGH-6153 BGH-7662 BGH-6154 BGH-4600 BGH-1946 BGH-6997 BGH-5622 BGH-3333 BGH-5253 BGH-6999 BGH-5235 BGH-7318 BGH-7319 BGH-4628 BGH-7667 BGH-900 BGH-7663 BGH-3581 BGH-1207 BGH-5621
2	BGH-7765
3	BGH-4615

Para os caracteres morfoagronômicos, o grupo um foi constituído por 50 acessos (92% do total) e os demais grupos pelos acessos BGH-7665, BGH-6153, BGH-7666 e BGH-7673. Já para os caracteres bioquímicos, o grupo um foi formado por 52 acessos (96.0% do total) e os acessos BGH-7765 e BGH-4615 alocados nos grupos dois e três, respectivamente.

Visando a exploração comercial do óleo funcional de sementes de abóbora, destacam-se três acessos (BGH-7765, BGH-4615 e BGH-7319) do BGH/UFV e a cultivar Butternut, pela complementariedade e diversidade genética de caracteres detalhados a seguir:

BGH-7765 - alta prolificidade (dez frutos por planta), sementes espessas (2,59 mm), elevada concentração de ácido oléico (28,39%) e reduzida concentração de ácido linoléico (47,0%).

BGH-4615 - frutos pequenos (2,32 kg), elevada relação massa de sementes/massa do fruto (3,68%), elevado número de sementes por fruto (aproximadamente 640 sementes por fruto) e alta concentração de ácido esteárico (10,41%).

BGH-7319 – elevada massa de sementes por fruto (92,15g), alta concentração de óleo (44,07%), baixa concentração de ácido palmítico (14,08%).

Butternut - maior precocidade (aproximadamente 24 dias), hábito de crescimento determinado, elevada concentração de ácido oléico (32,10%) e reduzida concentração de ácido linoléico (43,80%).

A escolha de genitores e a forma como serão intercruzados são etapas cruciais no sucesso de um programa de melhoramento. Nesse sentido, destaca-se o esquema de dialelo, pois além do entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres permite a escolha das populações segregantes mais promissoras. Assim, o cruzamento, em esquema de dialelo, dos genitores selecionados é indicado para elevar a produção e qualidade de óleo funcional de sementes de abóbora.

4. Conclusões

Há variabilidade genética entre os acessos de abóbora (*C. moschata*) do BGH/UFV quanto a caracteres morfoagronômicos e bioquímicos.

Os acessos BGH-7765, BGH-4615, BGH-7319 e a cultivar Butternut são promissores para programas de melhoramento de óleo funcional de sementes de abóbora.

Referências bibliográficas

AL-KHALIFA, A. S. Physicochemical characteristics, fatty acid composition, and lipoxygenase activity of crude pumpkin and melon seed oils. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 44, n. 4, p. 964-966, 1996.

AL-ZUHAIR, H.; ABD EL-FATTAH, A. A.; ABD EL LATIF, H. A. Efficacy of simvastatin and pumpkin-seed oil in the management of dietary-induced hypercholesterolemia. **Pharmacological Research**, v. 35, n. 5, p. 403-408, 1997.

ALFAWAZ, M. A. Chemical composition and oil characteristics of pumpkin (*Cucurbita maxima*) seed kernels. **Food Science Agricultural Research Bull**, v. 129, p. 5-18, 2004.

AOAC. **Methods of analysis of the association of official analytical chemists - method 920.39 C**. In: **Association of official analytical chemists**; AOAC: Arlington, VA, 1995.

APPLEQUIST, W. L.; AVULA, B.; SCHANEBERG, B. T.; WANG, Y. H.; KHAN, I. A. Comparative fatty acid content of seeds of four *Cucurbita* species grown in a common (shared) garden. **Journal of Food Composition and Analysis**, v. 19, n. 6, p. 606-611, 2006.

BINNS, C.; LEEI, A. The relationship between dietary carotenoids and prostate cancer risk in Southeast Chinese men. **Asia Psc J Clin Nutr**, v. 13, n. Suppl, p. 117-117, 2004.

BUBECK, D.; FEHR, W.; HAMMOND, E. Inheritance of palmitic and stearic acid mutants of soybean. **Crop Science**, v. 29, n. 3, p. 652-656, 1989.

CAILI, F.; HUAN, S.; QUANHONG, L. A review on pharmacological activities and utilization technologies of pumpkin. **Plant Foods for Human Nutrition (Formerly Qualitas Plantarum)**, v. 61, n. 2, p. 70-77, 2006.

CERNY, K.; KORYDYLAS, M.; POSPISIL, F.; SVABENSK, O.; ZAJIIR, B. **British Journal of Nutrition**, v. 26, p.293-298, 1971.

CHAIYASIT, W.; ELIAS, R. J.; MCCLEMENTS, D. J.; DECKER, E. A. Role of physical structures in bulk oils on lipid oxidation. **Critical reviews in food science and nutrition**, v. 47, n. 3, p. 299-317, 2007.

CHANG, N. W.; HUANG, P. C. Effects of the ratio of polyunsaturated and monounsaturated fatty acid to saturated fatty acid on rat plasma and liver lipid concentrations. **Lipids**, v. 33, n. 5, p. 481-487, 1998.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: biometria**. UFV, 2006. 382 p.

CUI, H.; LOY, J. Heterosis for seed yield exhibited in hull-less seeded pumpkin. In: CUCURBITACEAE, 2002, **Anais.**, 2002. p. 323-329.

DUBOIS, V.; BRETON, S.; LINDER, M.; FANNI, J.; PARMENTIER, M. Fatty acid profiles of 80 vegetable oils with regard to their nutritional potential. **European Journal of Lipid Science and Technology**, v. 109, n. 7, p. 710-732, 2007.

EI-AZIZ, A. B. A.; EI-KALEK, H. H. A.; CITY, N. Antimicrobial proteins and oil seeds from pumpkin (*Cucurbita moschata*). **Nature and Science**, v. 9, n. 3, p. 105-119, 2011.

EL-ADAWY, T. A.; TAHA, K. M. Characteristics and composition of watermelon, pumpkin, and paprika seed oils and flours. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 49, n. 3, p. 1253-1259, 2001.

ESQUINAS-ALCAZAR, J. T.; GULICK, P. J. Genetic resources of Cucurbitaceae. **Rome: IBPGR (International Board for Plant Genetic Resources)**, p. 1-7, 1983.

FAHIM, A. T.; ABD-EL FATTAH, A. A.; AGHA, A. M.; GAD, M. Z. Effect of pumpkin-seed oil on the level of free radical scavengers induced during adjuvant-arthritis in rats. **Pharmacological Research**, v. 31, n. 1, p. 73-79, 1995.

FEHR, W. R. Breeding for modified fatty acid composition in soybean. **Crop Science**, v. 47, n. Supplement_3, p. S-72-S-87, 2007.

FILGUEIRA, F. A. R. **Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. 3. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2007. 421 p.

FRANKEL, E. N. **Lipid oxidation**. The Oily Press, 2005.

FRUHWIRTH, G. O.; HERMETTER, A. Production technology and characteristics of Styrian pumpkin seed oil. **European Journal of Lipid Science and Technology**, v. 110, n. 7, p. 637-644, 2008.

GOSSELL-WILLIAMS, M.; DAVIS, A.; O'CONNOR, N. Inhibition of testosterone-induced hyperplasia of the prostate of sprague-dawley rats by pumpkin seed oil. **Journal of Medicinal Food**, v. 9, n. 2, p. 284-286, 2006.

GREINER, C. A. Economic implications of modified soybean traits. **Special report**, 1990.

HEGAZY, E. M.; EL KINAWY, O. S. Characteristics, of Pumpkin and Bottle Gourd in Egypt and Potentially their Contamination by Mycotoxins and Mycotoxigenic Fungi. **Journal of American Science**, v. 7, n. 9, 2011.

JIAN, L.; DU, C. J.; LEE, A. H.; BINNS, C. W. Do dietary lycopene and other carotenoids protect against prostate cancer? **International Journal of Cancer**, v. 113, n. 6, p. 1010-1014, 2005.

KOK, L. L.; FEHR, W. R.; HAMMOND, E. G.; WHITE, P. J. Trans-free margarine from highly saturated soybean oil. **Journal of the American Oil Chemists' Society**, v. 76, n. 10, p. 1175-1181, 1999.

LOY, J. B. Morpho-physiological aspects of productivity and quality in squash and pumpkins (*Cucurbita* spp.). **Critical reviews in plant sciences**, v. 23, n. 4, p. 337-363, 2004.

MATUS, Z.; MOLNAR, P.; SZABO, L. [Main carotenoids in pressed seeds (*Cucurbitae* semen) of oil pumpkin (*Cucurbita pepo* convar. *pepo* var. *styriaca*)]. **Acta Pharmaceutica Hungarica**, v. 63, n. 5, p. 247, 1993.

MURKOVIC, M.; HILLEBRAND, A.; WINKLER, J.; LEITNER, E.; PFANNHAUSER, W. Variability of fatty acid content in pumpkin seeds (*Cucurbita pepo* L.). **Zeitschrift für Lebensmitteluntersuchung und-Forschung A**, v. 203, n. 3, p. 216-219, 1996.

NYAM, K. L.; TAN, C. P.; LAI, O. M.; LONG, K.; CHE MAN, Y. Physicochemical properties and bioactive compounds of selected seed oils. **Lwt-Food Science and Technology**, v. 42, n. 8, p. 1396-1403, 2009.

OHLROGGEAV, J.; BROWSEB, J. Lipid biosynthesis. **Plant cell**, v. 7, p. 957-970, 1995.

RAO, C. Advanced statistical methods in biometric research. **Advanced statistical methods in biometric research.**, 1952.

ROBERFROID, M. Global view on functional foods: European perspectives. **British Journal of Nutrition**, v. 88, n. S2, p. S133-S138, 2002.

RYAN, E.; GALVIN, K.; O'CONNOR, T.; MAGUIRE, A.; O'BRIEN, N. Phytosterol, squalene, tocopherol content and fatty acid profile of selected seeds, grains, and legumes. **Plant Foods for Human Nutrition (Formerly Qualitas Plantarum)**, v. 62, n. 3, p. 85-91, 2007.

SALTA, F. N.; MYLONA, A.; CHIOU, A.; BOSKOU, G.; ANDRIKOPOULOS, N. Oxidative stability of edible vegetable oils enriched in polyphenols with olive leaf extract. **Food science and technology international**, v. 13, n. 6, p. 413-421, 2007.

SANDERS, T. H. Effects of variety and maturity on lipid class composition of peanut oil. **Journal of the American Oil Chemists' Society**, v. 57, n. 1, p. 8-11, 1980.

STEVENSON, D. G.; ELLER, F. J.; WANG, L.; JANE, J. L.; WANG, T.; INGLETT, G. E. Oil and tocopherol content and composition of pumpkin seed oil in 12 cultivars. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 55, n. 10, p. 4005-4013, 2007.

TSAI, Y.-S.; TONG, Y.-C.; CHENG, J.-T.; LEE, C.-H.; YANG, F.-S.; LEE, H.-Y. Pumpkin seed oil and phytosterol-F can block testosterone/prazosin-induced prostate growth in rats. **Urologia internationalis**, v. 77, n. 3, p. 269-274, 2006.

WINKLER, J. The origin and breeding of the hull-less seeded Styrian oil-pumpkin varieties in Austria. **Report-Cucurbit Genetics Cooperative**, v. 23, p. 101-104, 2000.

YADAV, N. S.; WIERZBICKI, A.; AEGERTER, M.; CASTER, C. S.; PEREZ-GRAU, L.; KINNEY, A. J.; HITZ, W. D.; BOOTH JR, J. R.; SCHWEIGER, B.; STECCA, K. L. Cloning of Higher Plant [omega]-3 Fatty Acid Desaturases. **Plant Physiology**, v. 103, n. 2, p. 467-476, 1993.

YOSHIDA, H.; TOMIYAMA, Y.; HIRAKAWA, Y.; MIZUSHINA, Y. Variations in the composition of acyl lipids and triacylglycerol molecular species of pumpkin seeds (*Cucurbita* spp.) following microwave treatment. **European Journal of Lipid Science and Technology**, v. 106, n. 2, p. 101-109, 2004.

YOUNIS, Y.; GHIRMAY, S.; AL-SHIHRY, S. African *Cucurbita pepo* L.: properties of seed and variability in fatty acid composition of seed oil. **Phytochemistry**, v. 54, n. 1, p. 71-75, 2000.

ZUHAIR, H. A. L.; ABD EL-FATTAH, A. A.; EL-SAYED, M. I. Pumpkin-seed oil modulates the effect of felodipine and captopril in spontaneously hypertensive rats. **Pharmacological Research**, v. 41, n. 5, p. 555-563, 2000.

4. CONCLUSÕES GERAIS

- A partir das análises de divergência genética entre os 54 acessos de abóbora do BGH/UFV, quanto a caracteres morfoagronômicos e bioquímicos do óleo verificou-se que inferências sobre diversidade baseadas em um grupo de características morfoagronômicas (quantitativas ou qualitativas), não podem ser extrapoladas ao outro na avaliação da diversidade genética dos 54 acessos de abóbora do BGH/UFV e que o algoritmo de Gower e a soma algébrica de matrizes foram equivalentes na análise de diversidade considerando simultaneamente características de diferentes naturezas.

- Para o estabelecimento de coleção nuclear a utilização do algoritmo de Gower e soma de matrizes como medidas de distância foram equivalentes apenas nas intensidades de amostragem de 30 e 40% dos acessos.

- Em relação ao óleo das sementes, a concentração média nos acessos foi de 41,68% e os principais ácidos graxos foram: ácido linoléico (54,46%), oléico (21,15%), palmítico (15,07%), esteárico (9,09%) e linolênico (0,21%).

- Há ampla variabilidade genética entre os acessos do BGH/UFV para características morfoagronômicas e bioquímicas do óleo das sementes de abóbora.

- Como todas as coleções estabelecidas foram representativas, visando à redução de custos e facilidade de conservação de um menor número de acessos, a coleção nuclear será estabelecida pelos acessos provenientes da coleção Gower ou Soma, sob intensidade de amostragem de 20%.

- Os acessos BGH-7765, BGH-4615 e BGH-7319 são promissores para programas de melhoramento de óleo funcional de sementes de abóbora.