

SELEÇÃO E PURIFICAÇÃO DE LINHAGENS GENITORAS DE
MAMOEIRO (*Carica papaya* L.)

ADRIANA AZEVEDO VIMERCATI PIROVANI

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO – 2022

SELEÇÃO E PURIFICAÇÃO DE LINHAGENS GENITORAS DE
MAMOEIRO (*Carica papaya* L.)

ADRIANA AZEVEDO VIMERCATI PIROVANI

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutora em Genética e Melhoramento
de Plantas.”

Orientadora: Prof.^a Helaine Christine Cancela Ramos

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO - 2022

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

P672

Pirovani, Adriana Azevedo Vimercati.

Seleção e purificação de linhagens genitoras de mamoeiro (*Carica papaya* L.) / Adriana Azevedo Vimercati Pirovani. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2022.

89 f. : il.

Bibliografia: 60 - 73.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2022.

Orientadora: Helaine Christine Cancela Ramos.

1. Seleção combinada. 2. Seleção massal. 3. Teste de progênies. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233


SELEÇÃO E PURIFICAÇÃO DE LINHAGENS GENITORAS DE
MAMOEIRO (*Carica papaya* L.)

ADRIANA AZEVEDO VIMERCATI PIROVANI

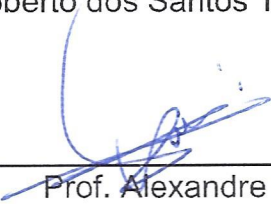
“Tese apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Aprovada em 25 de fevereiro de 2022.


Comissão Examinadora:



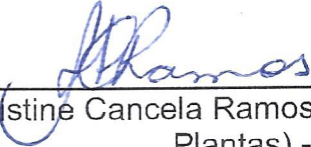
Dr. Roberto dos Santos Trindade (D.Sc, Genética e Melhoramento de Plantas)
EMBRAPA



Prof. Alexandre Pio Viana (D.Sc, Produção Vegetal) - UENF



Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D, Plant Breeding) - UENF



Prof.ª Helaine Christine Cancela Ramos (D.Sc, Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF
(Orientadora)

DEDICATÓRIA

Aos meus pais, Mônica e Sebastião,
dedico esta conquista.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por me sustentar e me reerguer a cada adversidade vivenciada nesse período de doutoramento que não foi fácil, mas hoje sei o quanto sou forte;

À minha mãe, Mônica, e meu pai, Sebastião, meus irmãos Tatiane e Elivelton, minha sobrinha Thaís, vocês são minha base, a razão pela qual ainda estou aqui;

À minhas tias Maria Aparecida e Maria da Penha, sem o apoio de vocês eu ainda seria lavradora;

A Eduardo Terra, por tornar essa caminhada mais leve;

A todos da minha família - cunhados, tios, primos, madrinhas e sogros -, por acreditarem e torcerem sempre pelo meu sucesso;

À minha orientadora, prof.^a Helaine C.C. Ramos, pelos ensinamentos;

Aos professores do LMGV, em especial, aos meus conselheiros, professores Alexandre Pio Viana, Messias Gonzaga Pereira, pelas valiosas contribuições;

Ao professor Marcelo Vivas, pelas contribuições em minha banca de qualificação;

Ao amigo Dr. Renato Santa Catarina, pela coorientação, amizade, paciência e disponibilidade;

A Júlio, Izaias, Alex, Daniel, Rafaela, Dieimes, Catiane, Lucas, Rosieli e Fernanda, pela ajuda na realização deste trabalho;

A todos que de alguma forma ajudaram na condução do experimento;

A Lais Chierici, Nayara, Raiane, Fernanda, Graziela e Jocarla, pela convivência durante este período de doutorado;

À minha querida psicóloga Flávia Montezano, por me ajudar a voltar a viver, pela contribuição no meu crescimento pessoal, pelos ensinamentos, paciência, amizade e atendimento impecável;

À técnica do LMGV, Marcela, pela colaboração e pela amizade;

Ao secretário Daniel, pela atenção e dedicação;

À Caliman Agrícola S/A, pelo suporte financeiro e pela infraestrutura para a realização deste trabalho;

Ao pré-vestibular social Teorema, pela oportunidade de lecionar a disciplina de Biologia I, durante os anos de 2019 a 2022 e vivenciar uma valiosa experiência;

A todos que, de alguma forma, deram a sua contribuição para que este trabalho fosse realizado.

À UENF, pela oportunidade de realização do doutorado; e

À Faperj, pela concessão da bolsa.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (Capes), Código de Financiamento 001.

O capítulo 1 foi publicado na revista *Euphytica*, tendo suas partes reproduzidas com a permissão da *Springer Nature* (*The chapter 1 was published in Euphytica journal and reproduced with permission from Spring Nature*).

O meu muito obrigada!

SUMÁRIO

RESUMO	xi
ABSTRACT	xiii
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	3
2.1 Objetivo Geral	3
2.2 Objetivos Específicos	3
3. CAPÍTULOS	5
3.1 EXISTE A POSSIBILIDADE DE MELHORAR UM HÍBRIDO DESENVOLVIDO?	5
3.1.1 INTRODUÇÃO	5
3.1.2 REVISÃO	7
3.1.2.1 Aspectos gerais da cultura	7
3.1.2.2 Importância nutricional e econômica do mamoeiro	7
3.1.2.3 Melhoramento genético do mamoeiro	8
3.1.2.4 Selão Massal	11
3.1.2.5 Seleção direta e seleção combinada no melhoramento do mamoeiro ...	12
3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS	13
3.1.3.1 Condições experimentais e matéria genético	13
3.1.3.2 Seleção massal	14
3.1.3.3 Características avaliadas	15
3.1.3.3.1 Fenotipagem a campo	15
3.1.3.3.2 Características avaliadas em laboratório	15

3.1.3.4 Análise estatística	17
3.1.3.4.1 Estatística descritiva	17
3.1.3.5 Diversidade genética	17
3.1.3.6 Seleção combinada e seleção direta	18
3.1.4 RESULTADOS	19
3.1.4.1 Estatística descritiva	19
3.1.4.2 Diversidade genética	21
3.1.4.3 Seleção combinada e seleção direta	25
3.1.5 DISCUSSÃO	30
3.1.6 CONCLUSÕES	34
3.2 CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE <i>Carica papaya</i> L. E SELEÇÃO DE GENITORES	35
3.2.1 INTRODUÇÃO	35
3.2.2 REVISÃO	37
3.2.2.1 Modelos mistos no melhoramento genético de fruteiras	37
3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS	39
3.2.3.1 Condições experimentais e material genético	39
3.2.3.2 Características avaliadas	40
3.2.3.2.1 Mensuração das características morfoagronômicas via fenotipagem digital	40
3.2.3.2.2 Avaliação de características físico-químicas	41
3.2.3.3 Análises estatísticas	42
3.2.3.3.1 Componentes de variância e parâmetros genéticos	42
3.2.3.3.2 Seleção combinada	44
3.2.4 RESULTADOS	45
3.2.4.1 Análise de Deviance, componentes de variância e parâmetros genéticos.....	45
3.2.4.2 Seleção combinada	47
3.2.5 DISCUSSÃO	55
3.2.5.1 Análise de Deviance, componentes de variância e parâmetros genéticos.....	55
3.2.5.2 Seleção combinada	57
3.2.6 CONCLUSÕES	59
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	60

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 1 – EXISTE A POSSIBILIDADE DE MELHORAR UM HÍBRIDO DESENVOLVIDO?

- Figura 1.** Boxplot com base em 15 características avaliadas em 264 genótipos de mamoeiro dos genitores S12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12. 20
- Figura 2.** Dendrograma obtido pela distância Euclidiana utilizando o método de agrupamento UPGMA com base na análise de 264 plantas para 15 características avaliadas..... 21
- Figura 3.** Contribuição genética relativa das características avaliadas em 264 genótipos de mamoeiro dos genitores S12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12 22
- Figura 4.** Gráfico das médias dos grupos para as 6 características morfoagronômicas avaliadas em 264 genótipos de mamoeiro dos genitores JS12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12 23
- Figura 5.** Análise de Coordenadas Principais com base em 15 caracteres para Carica papaya. a - Análise de Coordenadas Principais para genótipos de mamoeiro dos genitores S12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12. b- Variáveis

analisadas para genótipos de mamoeiro dos genitores JS12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12	24
---	----

CAPÍTULO 2 – CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE *Carica papaya* L. E SELEÇÃO DE GENITORES

Figura 1. Fluxograma das etapas realizadas para purificação de linhagens parentais de importantes híbridos em mamoeiro (Linhares, ES, 2021)	40
--	----

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1 – EXISTE A POSSIBILIDADE DE MELHORAR UM HÍBRIDO DESENVOLVIDO?

- Tabela 1.** Médias fenotípicas das três épocas de avaliação para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC e seleção direta para o genitor JS12-P 26
- Tabela 2.** Médias fenotípicas das três épocas de avaliação para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC e seleção direta para o genitor JS12-G 27
- Tabela 3.** Médias fenotípicas das três épocas de avaliação, para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC e seleção direta para o genitor Sekati 28
- Tabela 4.** Médias fenotípicas das três épocas de avaliação para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC e seleção direta para o genitor SS-72/12 29

CAPÍTULO 2 – CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE *Carica papaya* L. E SELEÇÃO DE GENITORES

Tabela 1. Análise de Deviance (ANADEV) para 15 características morfoagronômicas avaliadas em 81 progênies de mamoeiro (Linhares, ES, 2021).....	46
Tabela 2. Componentes de variância e parâmetros genéticos para as 15 características avaliadas em 81 genótipos de um teste de progênies em mamoeiro, Linhares – ES	48
Tabela 3. Valores genotípicos (u+g) para 15 características nas linhagens selecionadas no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC para os genitores JS12-G, JS12-P, Sekati e SS-72/12	50
Tabela 4. Médias fenotípicas das duas épocas de avaliação para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC para o genitor JS12-G	51
Tabela 5. Médias fenotípicas das duas épocas de avaliação para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC para o genitor JS12-P	52
Tabela 6. Médias fenotípicas das duas épocas de avaliação para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC para o genitor Sekati	53
Tabela 7. Médias fenotípicas das duas épocas de avaliação para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC para o genitor SS-72/12	54

RESUMO

PIROVANI, Adriana Azevedo Vimercati, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 25 de fevereiro de 2022. Seleção e purificação de linhagens genitoras de mamoeiro (*Carica papaya* L.) Orientadora: Prof^a. Helaine Christine Cancela Ramos. Conselheiros: Prof. Messias Gonzaga Pereira e Prof. Alexandre Pio Viana.

O desenvolvimento de cultivares híbridas é uma das mais importantes contribuições de um programa de melhoramento genético, sendo fundamental que linhagens genitoras apresentem alta fixação alélica, garantindo a uniformidade dos híbridos desenvolvidos. Nesse sentido, tem sido observada em mamoeiro segregação nas linhagens genitoras, impactando o padrão dos híbridos obtidos e, conseqüentemente, sua comercialização. Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar os genótipos JS-12, Sekati e SS-72/12 e selecionar genótipos com diferentes padrões de fruto visando a uma futura obtenção de híbridos 'UC10' com frutos menores e 'Calimosa' com frutos maiores. Os objetivos do Capítulo 1 foram avaliar os genótipos JS-12, Sekati e SS-72/12, identificar possíveis segregações e proceder ao avanço de geração via autofecundação de genótipos selecionados para caracteres agrônômicos de interesse. Para isso, foi feita uma seleção massal, tendo sido selecionadas 400 plantas com base no fenótipo: 100 plantas do genitor Sekati, 100 plantas do genitor SS-72/12 e 200 plantas do genitor JS-12, dos quais 100 plantas com frutos menores (JS12-P) e 100 plantas com frutos maiores (JS12-G). Essas plantas foram avaliadas agronomicamente para 15 características em

três períodos de avaliação. Foram feitas a estatística descritiva das observações, análise de diversidade, bem como o índice de seleção combinada e a seleção direta. Pela análise descritiva e de diversidade genética, foi possível verificar a existência de variabilidade nos genitores, possibilitando a seleção de 80 genótipos (20 do Sekati, 20 do JS-12-P, 20 do JS-12-G e 20 do SS-72/12), dos quais, 72 foram selecionadas via seleção combinada e oito via seleção direta. O objetivo do Capítulo 2 foi avaliar os atributos morfoagronômicos de 81 progênies dos genótipos JS-12P, JS-12G, Sekati e SS-72/12 oriundos da seleção combinada e seleção direta; estimar os parâmetros genéticos e aplicar a seleção combinada para selecionar genótipos com diferentes padrões de fruto visando a futuros cruzamentos na expectativa de ajustar tamanho do híbrido 'UC10' para frutas de no máximo 2,0 kg e o híbrido 'Calimosa' para frutas de 1,2 a 1,4 Kg. Para isso, foram avaliados 81 genótipos, em um delineamento experimental em látice 9 x 9, com três repetições e quatro plantas por parcela. Foram feitas a análise de deviance e a estimação dos parâmetros genéticos utilizando o programa Selegen-REML/BLUP. Com base no valor genético obtido no Selegen REML/BLUP, foi feita a seleção das melhores progênies, posteriormente foi empregado o índice de seleção combinada para seleção dos melhores indivíduos dentro das melhores progênies. Foram selecionadas 20 linhagens (cinco do genitor Sekati, cinco do genitor JS-12-P, cinco do genitor JS-12-G e cinco do SS-72/12) para futuros cruzamentos. Diante da existência de segregação nas linhagens genitoras, foi de extrema importância a realização desse trabalho com a seleção de linhagens com diferentes padrões para serem exploradas no programa de melhoramento genético do mamoeiro, de forma a purificar os genitores e ajustar os híbridos para atender a demanda do mercado consumidor. Ressalta-se ainda a necessidade de monitorar de tempos em tempos o nível de fixação dessas linhagens.

Palavras-chaves: Seleção combinada, Seleção massal, Teste de progênies.

ABSTRACT

PIROVANI, Adriana Azevedo Vimercati, D.Sc., Darcy Ribeiro North Fluminense State University, February 2022. Selection and purification of papaya plant parental lines (*Carica papaya* L.) Advisor: Prof. Ramos, Helaine Christine Cancela. Co-advisors: Prof. Pereira, Messias Gonzaga; Prof. Viana, Alexandre Pio.

The development of hybrid cultivars is one of the most important contributions of a genetic improvement program, and it is essential that parental lines present high allelic fixation, guaranteeing the uniformity of the developed hybrids. In this sense, segregation in the parental lines has been observed in papaya plant, impacting the hybrid pattern obtained and consequently its commercialization. Thus, this paper aims to evaluate the JS-12, Sekati, and SS-72/12 genotypes, and to select genotypes with different fruit patterns to obtain 'UC10' hybrids with smaller fruits and 'Calimosa' with larger fruits. In the Chapter 1, it is proposed to evaluate the JS-12, Sekati, and SS-72/12 genotypes, and to identify possible segregations, proceeding with the generation advance via selected genotypes self-fertilization for agronomic characters of interest. For this purpose, mass selection was made with four hundred plants, considering the phenotype: one hundred plants belonging to the parent Sekati, one hundred plants belonging to the parent SS-72/12, and two hundred plants belonging to the parent JS-12, of which one hundred plants with smaller fruits (JS12-P) and one hundred plants with larger fruits (JS12-G). These plants were agronomically evaluated for fifteen characteristics in three evaluation periods.

Descriptive statistics of observations, diversity analysis, combined selection index, and direct selection were carried out. It was possible to found variability in the parents, allowing the selection of eighty genotypes (twenty from Sekati, twenty from JS-12-P, twenty from JS-12-G, and twenty from SS- 72/12) by descriptive analysis and genetic diversity, of which seventy-two were selected via combined selection and eight via direct selection. The Chapter 2 aimed to: (a) evaluate the morphoagronomic attributes of eighty-one progenies of the JS-12P, JS-12G, Sekati, and SS-72/12 genotypes from combined selection and direct selection; (b) estimate the genetic parameters; and (c) apply combined selection to select genotypes with different fruit patterns targeting future crosses, prospecting to adjust the 'UC10' hybrid size for fruits of up to 2.0 kg and the 'Calimosa' hybrid for fruits of 1.2 to 1.4 kg. For this purpose, eighty-one genotypes were evaluated in an experimental design, 9 x 9 lattice, three replicates, and four plants per plot. The deviance analysis and the estimation of genetic parameters were made by the Selegen-REML/BLUP program. The selection of the best progenies was carried out based on the genetic value obtained in the Selegen REML/BLUP; later, the combined selection index was used to select the best individuals from the best progenies. Twenty lines were selected (five from the parent Sekati, five from the parent JS-12-P, five from the parent JS-12-G, and five from the parent SS-72/12) for future crosses. Considering the existence of segregation in the parental lines, it was extremely important to carry out this work with the selection of lines with different patterns to be explored in the papaya genetic improvement program, aiming to purify the parents and adjust the hybrids to meet the consumer market demand. The need to monitor from time to time the level of fixation of these lineages is also highlighted.

Keywords: Combined selection. Mass selection. Progeny test.

1. INTRODUÇÃO

O mamoeiro é uma das fruteiras tropicais de grande importância no Brasil, sendo cultivado principalmente nas regiões nordeste e sudeste. Os estados do Espírito Santo, Bahia, Ceará e o Rio Grande do Norte são os maiores produtores nacionais, com destaque para os estados da Bahia e Espírito Santo (IBGE, 2021). No entanto, a cultura do mamoeiro apresenta uma demanda por genótipos cada vez mais produtivos, com qualidade nutricional e sensorial, bem como resistente a doenças.

No intuito de atender as demandas mencionadas, os programas de melhoramento genético do mamoeiro vêm desenvolvendo diversos trabalhos visando ao desenvolvimento de novas cultivares (Pereira et al., 2019b, c; Vettorazzi, 2020, Santana et al., 2021; Miranda et al., 2021). Vale ressaltar que o conhecimento da herança das características é um elemento importante para definir o tipo de cultivar a ser desenvolvida por um programa de melhoramento, direcionando para o desenvolvimento de linhagens, híbridos ou ambos.

Nesse sentido, estudos conduzidos por Cattaneo (2001) sobre a análise de médias e variâncias em diferentes gerações permitiram verificar que os efeitos aditivos apresentaram magnitudes maiores do que os desvios de dominância para número e peso de frutos. Por outro lado, os desvios de dominância apresentaram magnitude maior para a produtividade de frutos por planta. Desta forma, o estudo revelou que no mamoeiro existe a viabilidade de desenvolver tanto cultivares tipo linha pura quanto híbridos. Trabalhos como estes permitem ao melhorista

direcionar o programa de melhoramento genético com maior eficiência. Adicionalmente, Vettorazzi (2020) observou que a característica peso médio dos frutos pode sofrer ação de efeitos de sobredominância, indicativo de que pode ser explorada a heterose.

Diante da viabilidade de exploração da heterose em mamoeiro e considerando a existência de dois grupos heteróticos (Solo e Formosa), foram conduzidos estudos visando a identificar combinações híbridas promissoras para desenvolvimento de cultivares explorando a variabilidade intra e intergrupo heterótico, culminando no desenvolvimento de linhagens e também de híbridos com padrão Solo e Formosa (Luz et al., 2015; Luz et al., 2018; Pereira et al., 2019a, b, c; Vettorazzi, 2020).

Entre os híbridos desenvolvidos, destacam-se os híbridos 'Calimosa' e 'UC-10', com excelente desempenho agrônômico. Contudo, tem sido observada uma perda do padrão desses híbridos, com considerável aumento de tamanho de fruto no 'UC10' e redução no tamanho de fruto do 'Calimosa'. Esse fato aponta para um detalhe importante e não abordado: os híbridos não são estáticos, por isso é de fundamental importância o monitoramento das linhagens genitoras.

Estudos de caracterização molecular (Rodrigues, 2021, Pirovani et al., 2021a) apontam para um nível de fixação alélica abaixo do esperado para a linhagem JS-12, evidenciando a existência de variabilidade genética. Essa variação intragenotípica não é desejável em programas de hibridação, indicando a necessidade de direcionar esforços para o avanço de gerações de autofecundação, para garantir a fixação dos locos em heterozigose e, conseqüentemente, alcançar a uniformidade dos híbridos. Em razão da segregação apresentada, é imprescindível a realização da purificação dessas linhagens.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo Geral

Iniciar e conduzir a purificação das linhagens genitoras JS-12, Sekati e SS-72/12, que são genitores de importantes híbridos de mamoeiro, para identificar possíveis segregações e selecionar genótipos com diferentes padrões de fruto, visando a uma futura obtenção de híbridos 'UC10' com frutos menores (máximo 2 Kg) e 'Calimosa' com frutos maiores (1,2 a 1,4 Kg).

2.2 Objetivos Específicos

- a. Obter, via seleção massal, 400 linhagens com diferentes tamanhos de frutos (100 linhagens do genótipo JS-12 com frutos grandes e 100 linhagens do JS-12 com frutos pequenos, 100 linhagens do genótipo Sekati com frutos pequenos e 100 linhagens do genótipo SS-72/12 com frutos grandes);
- b. Estimar a diversidade genética presente nas linhagens JS-12, Sekati e SS-72/12;
- c. Obter, via seleção direta e combinada, 80 genótipos com diferentes tamanhos de frutos;
- d. Avaliar os atributos morfoagronômicos de 81 progênies dos genótipos JS-12P, JS-12G, Sekati e SS-72/12 oriundos da seleção combinada e seleção direta;

e. Estimar parâmetros genéticos de 81 progênies dos genótipos JS-12P, JS-12G, Sekati e SS-72/12; e

f. Aplicar a seleção combinada para selecionar genótipos com diferentes padrões de fruto visando à futura realização de cruzamentos e à obtenção de híbridos 'UC10' menores e 'Calimosa' maiores.

3. CAPÍTULOS

3.1 EXISTE A POSSIBILIDADE DE MELHORAR UM HÍBRIDO DESENVOLVIDO?

3.1.1 INTRODUÇÃO

Na cultura do mamoeiro, tem sido observada variação intragenotípica em linhagens genitoras, culminando em variações em características agronômicas dos híbridos, principalmente no que se refere ao tamanho do fruto. Uma das razões apontadas para a falta de pureza nas linhas parentais pode ser mistura de sementes (contaminação física) e contaminação por pólen nas lavouras de produção de semente (contaminação genética) (MAPA, 2011).

De acordo com o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) (2011), as fontes de contaminação genética assim como as fontes de contaminação física devem ser estudadas e estimado seu grau de ocorrência. No caso da contaminação genética, as plantas de outras cultivares da mesma cultura e as plantas de espécies similares polinizam a cultura e esse cruzamento altera a constituição genética da semente, que deixa de ser representante da cultivar em produção (MAPA, 2011). A produção de sementes sem os devidos controles pode

acarretar perda de identidade dos genótipos como as cultivares selecionadas pelos produtores no Espírito Santo, como 'Caliman', 'Roque', 'Baixinho de Santa Amália', 'Bravim', 'Golden' e as variações dentro da cultivar Improved Sunrise Solo Line 72/12, já difundidas em todas as regiões do País, que não apresentam mais suas formas originais definidas (Alves et al., 2003).

Em estudos com feijoeiro, que tem baixa taxa de fecundação cruzada, também foi observada variabilidade genético-molecular dentro das cultivares (Santos et al., 2004). Estes autores identificaram ampla variabilidade genético-molecular em linhagens de feijão amostradas dentro das cultivares Carioca e Pérola, e concluíram que a cultivar Carioca utilizada pelos agricultores é completamente diferente da cultivar original, sendo essa variabilidade atribuída à mistura de cultivares e às mutações geradas nas extensas áreas plantadas com feijão.

Em cultivares de mamoeiro Formosa, as plantas tendem a ter uma taxa de alogamia acentuada, promovendo recombinações genéticas, preservando, portanto, certa variabilidade genética (Silva et al., 2007a). Segundo os autores, em razão da alta taxa de alogamia nos genótipos Formosa, os genitores disponíveis apresentam graus variáveis de loci em heterozigose, e a evolução do grau de fixação dos genitores deve, portanto, ser monitorada para produzir híbridos vigorosos e uniformes.

Até o momento a literatura não reporta trabalho sobre termo melhoramento em híbridos de mamoeiro, sendo a purificação de genitores e a possibilidade de geração de novas combinações híbridas um desafio para o programa de melhoramento. Assim, o objetivo deste trabalho foi estudar a segregação dos genitores JS-12, Sekati e SS-72/12, que são genitores de importantes híbridos, para reduzir o tamanho do fruto do 'UC10' e aumentar o do 'Calimosa', de acordo com a demanda do mercado, bem como aumentar a uniformidade durante o processo de produção. Para tanto, foram desenvolvidos m estudo de diversidade genética nesses genótipos e uma seleção combinada e direta com base na análise de dados de quinze características morfoagronômicas no intuito de identificar e selecionar genitores com as características mencionadas acima e proceder ao avanço de geração via autofecundação para aumentar o índice de fixação das linhagens.

3.1.2 REVISÃO

3.1.2.1 Aspectos gerais da cultura

A família *Caricaceae* é constituída por seis gêneros: *Carica*, (com uma única espécie, a *Carica papaya*), *Vasconcellea* (21 espécies), *Cylicomorpha* (2 espécies), *Jarilla* (3 espécies), *Jacaratia* (7 espécies) e *Horovitzia* (1 espécie) (Badillo 2000 apud Damasceno Junior et al., 2009a).

A espécie *C. papaya* é diploide (Darlington, Ammal, 1946) e tem um genoma de 372 Mpb (Arumuganathan; Earle, 1991) distribuído nos 9 pares de cromossomos (Damasceno Júnior et al., 2009a). Esta espécie apresenta plantas com três formas sexuais, plantas femininas, masculinas e hermafroditas (Storey, 1953), sendo uma espécie autógama facultativa com cleistogamia (Damasceno Junior et al., 2009b). A determinação do sexo é controlada por um par de cromossomos sexuais recentemente evoluídos com genótipo XX nas plantas femininas, XY nas masculinas e XY^h nas plantas hermafroditas (Liu et al., 2004).

As plantas apresentam caule cilíndrico, com 10 cm a 30 cm de diâmetro, herbáceo, fistuloso, ereto, de coloração verde-clara no ápice e verde-acinzentada na base, encimado por uma coroa de folhas, dispostas de forma espiralada. As folhas são grandes, com 20 cm a 60 cm, glabras, com longos pecíolos fistulosos, geralmente de 50 cm a 70 cm de comprimento (Dantas et al., 2013).

O fruto do mamoeiro é uma baga de forma variável de acordo com o tipo de flor, podendo ser arredondado, oblongo, alongado, cilíndrico e piriforme. A casca é fina e lisa, de coloração amarelo-clara a alaranjada, protegendo uma polpa de 2,5 a 5,0 cm de espessura e de coloração que pode variar de amarela, vermelha a alaranjada. As sementes são pequenas, arredondadas, rugosas e recobertas por uma camada mucilaginosa (Dantas; Castro Neto, 2000).

3.1.2.2 Importância nutricional e econômica do mamoeiro

Entre as fruteiras mais cultivadas e consumidas nas regiões tropicais e subtropicais, está o mamoeiro (*C. papaya*) (Serrano e Caetano, 2010). O fruto é consumido basicamente *in natura* (Souza et al., 2005), sendo rico em vitamina A,

vitamina C, potássio, folato, niacina, tiamina, riboflavina, ferro, cálcio, fibra (Huerta-Ocampo et al., 2012) e compostos polifenólicos (Nouman et al., 2022). Além do consumo da fruta *in natura*, os frutos, o caule, as folhas e as raízes do mamoeiro são utilizados em uma ampla gama de aplicações médicas e na produção de papaína (Ming et al., 2008). Além disso, das folhas, dos frutos e das sementes do mamoeiro é extraído também um alcaloide denominado carpaína, utilizado como ativador cardíaco (Dantas et al., 2013).

A produção mundial de mamão atingiu 13,89 milhões de toneladas em 2020, sendo que aproximadamente 56,2% dessa produção está centrada na Ásia, seguida das Américas (33%), África (10,7%) e Oceania com 0,1%. Considerando a média da produção de 1961 a 2020, a Índia é a maior produtora de mamão, seguida pelo Brasil, Nigéria, México e Indonésia. No ano de 2020, a Índia produziu, em média, 6,01 milhões de toneladas de mamão, o que representa 43,3% da produção mundial, República Dominicana produziu 1,27 milhões de toneladas (9,1%) e o Brasil foi o terceiro maior produtor da fruta, com produção de 1,24 milhões de toneladas, correspondendo a 8,9% da produção mundial de mamão (FAOSTAT, 2021). Essa produção em larga escala requer tratamentos culturais durante todo o ano, exigindo um quantitativo significativo de mão de obra, contribuindo para geração de emprego e redução do êxodo rural (Dantas et al., 2013).

Para abastecer os mercados locais e de exportação de mamão, atendendo assim a demanda de oferta e a procura, vários estados têm se dedicado ao cultivo do mamoeiro. No Brasil, são 28.450 hectares de área plantada ou destinada à colheita, destacando-se como principais produtores os Estados do Espírito Santo (438,855 toneladas), Bahia (368,109 toneladas) Ceará (152,558 toneladas), Rio Grande do Norte (94,437 toneladas) e Minas Gerais (50,837 toneladas) (IBGE, 2021).

3.1.2.3 Melhoramento genético do mamoeiro

O mamoeiro é uma cultura relevante economicamente no âmbito nacional e mundial, sendo uma das principais fruteiras no Brasil. Apesar da notável expansão da cultura e da importância para a economia nacional, a história do mamoeiro no Brasil foi por muitos anos marcada pelo predomínio do cultivo de híbridos, oriundos da importação de sementes, encarecendo os custos de

produção. Pereira et al., (2019a) relatam que 100% das áreas no Brasil eram cultivadas com sementes de híbridos, oriundos da importação de sementes. Vale ressaltar que felizmente este cenário mudou, em função dos esforços dos programas brasileiros de melhoramento do mamoeiro, culminando no lançamento do primeiro híbrido de mamoeiro, UENF/CALIMAN-01, em 2003, que, além de excelente qualidade e produtividade, permitiu a independência da importação de sementes e, conseqüentemente, a redução dos custos de produção.

No que tange ao melhoramento do mamoeiro no Brasil, destacam-se a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa, mandioca e fruticultura, o Instituto Capixaba de Pesquisa e Extensão Rural – Incaper e a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF em parceria com a empresa Caliman Agrícola S.A. (UENF/CALIMAN) (Dantas et al., 2011).

A parceria entre a empresa Caliman S/A e a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) teve início em 1996 e vem produzindo muitos frutos ao longo desses 25 anos. Diversos profissionais (mestres e doutores) tiveram a oportunidade de desenvolver suas pesquisas na empresa Caliman e/ou com genótipos dela oriundos e deixar sua contribuição para o programa de melhoramento genético do mamoeiro. Entre as diversas pesquisas realizadas, vale destacar a validação da metodologia de análise e processamento de imagens digitais para fenotipagem a campo (Cortes et al., 2017) e laboratório (Santa-Catarina et al., 2018) que otimizaram consideravelmente a obtenção de dados. Também foram desenvolvidos estudos direcionados à resistência às doenças pinta-preta (Vivas et al., 2012; 2013a; 2015; 2016; 2018; Chagas et al., 2021; Pirovani et al., 2021b), mancha de phoma (Vivas et al., 2010, 2013a,b; 2014b,c; 2015; 2016; 2018; Poltronieri et al., 2017;) e oídio (Vivas et al., 2013a, 2015; 2017; 2018), voltados à identificação de híbridos promissores (Marin et al., 2006), conversão de material dioico para hermafrodita (Silva et al., 2007b), sexagem molecular em sementes (Duarte et al., 2020) entre outros, visando ao desenvolvimento de genótipos superiores, capazes de contribuir com o agronegócio do mamão no Brasil.

Além de contribuir com a formação de muitos profissionais, essa parceria possibilitou o desenvolvimento do programa de seleção recorrente no mamoeiro, que tem como referência uma população base com características para resistência a doenças (pinta preta e mancha-de-phoma) e produção e qualidade de frutos

(Santa-Catarina et al., 2020a; 2020b). Este programa tem se mostrado uma estratégia eficaz para o desenvolvimento contínuo de novas cultivares, sendo uma excelente alternativa para a geração contínua de variabilidade e de novas cultivares, capazes de responder aos desafios da cultura a curto, médio e longo prazo (Pereira; Santa-Catarina, 2021). Além disso, essa parceria resultou no registro de 21 híbridos de mamoeiro que estão à disposição dos produtores como novas opções de híbridos de mamoeiro (Pereira et al., 2019a). Atualmente, em nova fase de comercialização de produção de sementes, com os híbridos 'Calimosa' e 'UC10' tem sido desenvolvida uma parceria entre a Caliman Agrícola e a Rio Norte Sementes para o desenvolvimento de novos protocolos para a produção e beneficiamento de sementes dos híbridos de mamoeiro desenvolvidos pelo programa da UENF, o que permitirá o surgimento de uma nova empresa de sementes, a Caliman Seeds. Os híbridos 'Calimosa' e 'UC10' serão comercializados com a denominação de 'Candy' e 'Vitória', respectivamente (Comunicação pessoal).

O programa de melhoramento do mamoeiro da UENF/Caliman sustenta-se em alguns pilares básicos, destacando-se o melhoramento clássico, as ferramentas de citogenética, a genética molecular, a fisiologia pós-colheita, a bioinformática e a resistência às doenças. Além do desenvolvimento de novas cultivares híbridas e formação de profissionais, o programa contribui com a geração e divulgação do conhecimento científico (Pereira et al., 2015) por meio de dissertações, teses e artigos publicados.

Para que as cultivares desenvolvidas sejam comercializadas chegando aos pequenos produtores da região e, conseqüentemente, ao consumidor, em 2018 a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF estabeleceu um convênio com a empresa de base tecnológica Rio Norte Sementes, responsável pela produção/comercialização de sementes de diversas espécies vegetais, desenvolvidas nos laboratórios da UENF. Assim, o programa de melhoramento da UENF fecha o ciclo que vai desde o desenvolvimento das cultivares com alto potencial produtivo até a comercialização das sementes e sua disponibilidade ao consumidor.

3.1.2.4 Seleção massal

A seleção massal é o método de melhoramento de plantas mais antigo e vem sendo utilizada pelos agricultores há milhares de anos, tendo sido muito importante para a domesticação das espécies cultivadas. De forma empírica, os agricultores escolhiam visualmente as melhores espigas/plantas para constituir a próxima geração (Borém, 2017). Ainda hoje a seleção massal é aplicada por pequenos agricultores, principalmente na agricultura familiar, quando o agricultor escolhe na sua plantação as melhores plantas, recolhe suas sementes e as armazena para o plantio da próxima safra.

Na seleção massal, a população original é avaliada e um número de plantas é selecionado com base no fenótipo (Borém, 2017). Este tipo de seleção é um método simples que produz respostas rápidas (Falconer, 1987). Uma das principais desvantagens é que a seleção massal é baseada somente no fenótipo. Por esse motivo, é muito influenciada pelo ambiente. O principal uso deste método é na obtenção de novas variedades em espécies vegetais que ainda não foram muito trabalhadas geneticamente, ou para caracteres de alta herdabilidade. Para plantas autógamas, a seleção massal também pode ser usada na produção de sementes para a manutenção da pureza varietal em campos de sementes, retirando do campo de sementes (*roguing*) plantas que tenham um padrão diferente do descrito para a variedade (Borém, 2017).

Este tipo de seleção foi empregado no melhoramento de cana-de-açúcar (Oliveira et al., 2011), algodão (Carvalho et al., 2005), açaizeiro (Oliveira; Neto, 2008) e mamoeiro (Costa, Costa 2003; Costa; Pacova, 2003; Silva et al., 2010). No mamoeiro, a cultivar Golden, um importante genótipo com grande aceitabilidade externa, é proveniente de seleção massal feita em campos de produção de Sunrise Solo na empresa Caliman Agrícola Ltda. no Estado do Espírito Santo, evidenciando a importância de tal prática (Costa; Pacova, 2003). Silva et al., (2010) monitoraram características vegetativas e dos frutos de mamoeiro, obtidos por seleção massal de plantas da cv. Golden nos primeiros meses de produção, e relataram que as plantas obtidas por seleção massal, a partir de plantas da cv. Golden, apresentaram características de grande interesse comercial como menor altura das plantas, maior número de frutos por planta, maior área de recobrimento dos frutos em razão

do maior número de folhas, primeira floração mais baixa e frutos com maior diâmetro e polpa espessa.

A seleção massal também foi utilizada no programa de Melhoramento Genético do Incaper para obtenção de linhagens de mamoeiro melhoradas (Costa; Costa, 2003). De acordo com os autores, foram feitos dois ciclos de Seleção Massal na Fazenda Experimental de Sooretama, com condições edafoclimáticas representativas da região produtora de mamão do Estado do Espírito Santo. Foram feitos ciclos de Seleção Massal e, na sequência, os testes de progênies. As melhores progênies foram autofecundadas por quatro gerações para obtenção de linhagens melhoradas.

3.1.2.5 Seleção direta e seleção combinada no melhoramento do mamoeiro

Durante a execução de um programa de melhoramento, além da constante demanda por novas cultivares mais produtivas, resistentes e com bons atributos físico-químicos, é comum o surgimento de novas indagações, que precisam ser respondidas por meio de novas investigações. Sendo assim, diversos experimentos são instalados e avaliados. Essas avaliações contemplam várias características de interesse na cultura.

Na cultura do mamoeiro, por exemplo, são avaliados altura da planta, altura da inserção do primeiro fruto, diâmetro do caule, número de frutos comerciais, número de frutos deformados, nós sem fruto, peso médio dos frutos, comprimento do fruto, diâmetro do fruto, comprimento da cavidade ovariana, diâmetro da cavidade ovariana, espessura da polpa, firmeza do fruto, firmeza da polpa, conteúdo de sólidos solúveis, entre outras características. Após as avaliações, são selecionados os melhores genótipos de acordo com o objetivo a ser atingido. O genótipo selecionado precisa reunir, ao mesmo tempo, vários atributos favoráveis para satisfazer as exigências de produtores ou consumidores (Silva e Viana, 2012). Assim, o uso de estratégias que permitam praticar simultaneamente a seleção de algumas características é imprescindível.

Nesse sentido, Silva et al., (2008a) propuseram o índice de seleção combinada que leva em consideração simultaneamente as características avaliadas, atribuindo pesos às médias padronizadas das características favoráveis e desfavoráveis (Silva et al., 2008a; Ramos et al., 2014). Desta forma, o uso dos

índices de seleção pode ser eficiente, uma vez que permite a avaliação de todas as informações disponíveis, atribuindo diferentes pesos às características estudadas e valorizando os atributos julgados pelo pesquisador como os de maior importância (Falconer, 1987). No entanto, de acordo com o objetivo do trabalho, o pesquisador pode desejar manter na população fontes de alelos para determinada característica, lançando mão da seleção direta.

Diversos trabalhos empregando índices de seleção combinada e seleção direta já foram desenvolvidos na cultura do mamoeiro. Entre eles, podem ser citados os trabalhos para a seleção de indivíduos promissores para resistência à mancha de phoma e pinta-preta na população base da seleção recorrente de mamoeiro (Moraes et al., 2021; Santa-Catarina et al., 2020b), seleção de linhagens superiores para o avanço das gerações e ciclos de seleção (Cortes et al., 2018) e identificação de genótipos superiores com características de interesse como qualidade e produção de frutos (Cortes et al., 2019).

3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1.3.1 Condições experimentais e material genético

O experimento foi conduzido na empresa Caliman Agrícola S/A, localizada na latitude de 19° 15' e longitude de 40° 10', no município de Linhares, Espírito Santo, durante os anos de 2018 a 2020. O clima da região é do tipo AWI (tropical úmido), com verão chuvoso e inverno seco (Alvares et al., 2013). As sementes dos genótipos JS-12, Sekati e SS-72/12 foram semeadas em casa de vegetação da Fazenda Santa Terezinha, em dezembro de 2018, utilizando bandejas plásticas, com capacidade para 96 tubetes de 55 cm³. Foram utilizados o substrato vegetal HT Tropstrato e o fertilizante Basacote mini 3M®, fórmula NPK (Mg) 13-06-16 (1.4) com micronutrientes 0,0; 2,5; 5,0; 7,5; 10,0 e 12,5 kg m⁻³ de liberação lenta.

Após 30 dias da semeadura, as mudas foram plantadas na área de produção de sementes da empresa, utilizando três mudas por cova a uma distância de 3,6 m entre as linhas e 1,5 m entre plantas na linha. Noventa dias após o plantio, as plantas foram submetidas ao desbaste, permanecendo no campo plantas

femininas, que receberam o pólen, e hermafroditas, que foram doadoras do pólen para a produção de sementes. Porém somente as plantas hermafroditas foram utilizadas para o trabalho, uma vez que elas produzem os frutos piriformes que são de interesse para a comercialização. Os tratos culturais foram os mesmos utilizados nas plantações comerciais da empresa.

Os genótipos 'Sunrise Solo' 72/12 (SS-72/12) do grupo Solo e JS-12 do grupo Formosa são genótipos elite utilizados para obtenção de híbridos (Barros et al., 2017, Santa-Catarina et al., 2019; Pereira et al., 2019c) e o genitor Sekati é utilizado como fonte de alelos favoráveis para a redução da severidade de pinta-preta e de oídio (Vivas et al., 2013a), além de se destacar pela boa capacidade geral de combinação quanto à resistência à mancha-de-phoma no mamoeiro (Vivas et al., 2013b).

Os genitores JS-12 e Sekati pertencem ao mesmo grupo heterótico (Formosa), mas contrastando para características agronômicas e sensoriais (Cardoso et al., 2014; Cortes et al., 2019). Além disso, esses genótipos diferem quanto à morfologia da planta e do fruto, sendo o Sekati representado por plantas mais baixas com folhas e frutos mais adensados, enquanto o JS12 apresenta plantas mais altas e frutos alongados de extremidades afuniladas e menor diâmetro.

3.1.3.2 Seleção massal

Noventa dias após o desbaste, foi feita a seleção massal com base no fenótipo, sendo selecionadas as plantas com frutos menores e frutos maiores, 100 plantas do genitor Sekati e 100 plantas do genitor SS-72/12 e 200 plantas do genitor JS-12, totalizando 400 plantas. Este último genitor foi dividido em duas categorias, de acordo com o tamanho de fruto, sendo selecionadas 100 plantas para cada. A primeira categoria é para plantas com frutos menores (JS12-P) e a segunda categoria para plantas com frutos maiores (JS12-G). A cultura do mamoeiro é muito susceptível ao ataque de doenças, o que provoca a perda de plantas. As avaliações agronômicas foram concluídas em 264 plantas que foram utilizadas nas análises feitas neste estudo. As sementes de todas as plantas foram colhidas individualmente e armazenadas para continuidade da purificação de linhagens após a seleção.

3.1.3.3 Características avaliadas

3.1.3.3.1 Fenotipagem a campo

As características foram avaliadas via fenotipagem digital, segundo metodologia desenvolvida e validada por Cortes et al., (2017). Para isso, foi empregada uma câmera digital Sony DSCHX 300, utilizando duas fotos completas por planta, uma foto do lado A e outra lado B da planta. As avaliações foram feitas em três períodos: 180, 270 e 360 dias após o plantio. Próximo do caule de cada planta foi colocada uma placa para facilitar a identificação durante a análise e processamento de imagens. Além disso, em cada avaliação, as plantas foram marcadas com uma lã de cor vermelha para identificar o último fruto avaliado no cacho. Uma escala de medida conhecida foi colocada no solo, próximo ao caule das plantas avaliadas, para posterior calibração das imagens, que foram processadas e analisadas empregando o software ImageJ v1.50c. As características avaliadas foram: altura da planta – AP, expressa em cm, mensurada da base do solo até a inserção do último par de folhas, utilizando a ferramenta *straight* do software ImageJ; altura de inserção do primeiro fruto – AIPF, expressa em cm, mensurada da base do solo até a inserção do primeiro fruto no caule na planta, utilizando a ferramenta *straight*; diâmetro do caule – DC, expresso em cm, mensurado a 20 cm da base do solo, mensurado com a ferramenta *straight*; número de frutos deformados – NFD, obtido pela contagem do número de frutos com deformações, contagem feita de forma semiautomática utilizando o plugin *cell counter* do software imageJ; número de nós sem frutos – NSF, obtido pela contagem dos nós sem frutos, via plugin *cell counter*; número de frutos comerciais – NFC, obtido pela contagem de frutos com características comerciais, via plugin *cell counter*; e produtividade – PROD, expressa em kg planta⁻¹, obtida pela multiplicação do NFC pelo peso médio do fruto.

3.1.3.3.2 Características avaliadas em laboratório

As avaliações foram feitas aos 270, 360 e 450 dias após o plantio. Em cada avaliação, foram colhidos os frutos que apresentaram o mesmo estágio de

maturação (Ripening Stages on-tree - RST1), ou seja, quando o fruto atinge seu máximo desenvolvimento físico e pode ser colhido (Barragán-Iglesias et al., 2018).

O peso médio de fruto – PMF foi obtido pela pesagem dos frutos em balança digital, marca Toledo, modelo 9094. Após a pesagem, foi mensurada a firmeza do fruto - FF, expressa em N, obtida por um penetrômetro digital modelo Itália TR a partir de uma amostra de três perfurações por fruto. Em seguida, cada fruto foi cortado ao meio ao longo do seu eixo longitudinal. Posteriormente, metade do fruto foi escaneado usando um Scanner de bancada modelo óptico Pro A320 acoplado a um notebook, a fim de obter as imagens e executar avaliação das seguintes características morfológicas: comprimento do fruto – CF, expresso em cm, obtido pela mensuração do comprimento do fruto, através da segmentação da imagem e uso da ferramenta *wand* do software ImageJ; diâmetro do fruto DF, expresso em cm, obtido pela mensuração do diâmetro de cada fruto via ferramenta *wand*; comprimento da cavidade ovariana – CCO, expresso em cm, obtido pela mensuração da cavidade ovariana utilizando a ferramenta *straight*; diâmetro da cavidade ovariana – DCO, expresso em cm, obtido pela mensuração do diâmetro da cavidade ovariana, via ferramenta *straight*; e espessura da polpa – EP, expressa em cm, obtida pela mensuração da espessura da polpa em cada fruto, utilizando a ferramenta *straight*, utilizando a metodologia de análise e processamento de imagens digitais descrita e validada por Santa-Catarina *et al.* (2018), utilizando o software ImageJ v1.50c. A porcentagem de volume de polpa - %VP, expressa em porcentagem, foi obtida pela diferença entre o volume do fruto e o volume da cavidade ovariana, calculados pelas seguintes equações:

$$V_F = \frac{\pi(C_F \times D_F^2)}{6} \quad (1)$$

$$V_{CO} = \frac{\pi(C_{CO} \times D_{CO}^2)}{6} \quad (2)$$

$$V_P = V_F - V_{CO} \quad (3)$$

$$\%VP = \frac{V_P \times 100}{V_F} \quad (4)$$

Em que V_F , V_{CO} e V_P são os volumes estimados do fruto, da cavidade ovariana e da polpa, respectivamente; C_F e C_{CO} são o comprimento do fruto e da cavidade ovariana; e D_F e D_{CO} são o diâmetro do fruto e da cavidade ovariana.

A outra metade do fruto foi empregada para medir a firmeza da polpa - FP, expressa em N, mensurada por um penetrômetro digital modelo Itália TR a partir de uma amostra de três perfurações por fruto. O teor de sólidos solúveis – TSS, expresso em °Brix, foi obtido com o auxílio de um refratômetro digital portátil, modelo Mettler toledo Refracto 30PX.

3.1.3.4 Análise estatística

3.1.3.4.1 Estatística descritiva

As características NSF, NFD, NFC foram obtidas pela soma nas três épocas de avaliação. A característica AIPF é avaliada apenas na primeira avaliação, quando temos o primeiro fruto, já para as características AP, DC, PMF, FF, FP, TSS, CF, DF, EP e %VP, estimou-se a média, nas três épocas de avaliação. A característica PROD foi obtida pela multiplicação da soma do NFC com o PMF. Considerando que cada planta é um indivíduo diferente, não foi possível usar o delineamento experimental. Assim, seguiu-se com a estatística descritiva (mínimo, máximo, primeiro quartil, mediana e terceiro quartil) com a apresentação dos resultados na forma de boxplot obtidos pelo programa R (R Core Team, 2018).

3.1.3.5 Diversidade genética

A análise multivariada foi utilizada visando a estimar a variabilidade genética entre os genótipos analisados. Inicialmente, a distância Euclidiana foi aplicada para obtenção da matriz de dissimilaridade genética, considerando as 15 características morfoagronômicas avaliadas (AP, AIPF, DC, NFC, NFD, NSF, PMF, PROD, FF, FP, TSS, CF, DF, EP e %VP). Posteriormente, foi feita a análise de agrupamento pelo método *Unweighted Pair-Group Method Usingan Arithmetic Average* (UPGMA). Tais análises foram feitas com o auxílio do programa R (R Core Team, 2018; Gu, 2014). Também foi estimada a contribuição relativa de cada característica à diversidade genética pela metodologia proposta por Singh (1981), utilizando o programa Genes (Cruz, 2013). A análise de diversidade genética entre os genótipos também foi avaliada com dispersão gráfica via análise de coordenadas principais (PCA).

3.1.3.6 Seleção combinada e seleção direta

Para seleção dos genótipos, foram consideradas simultaneamente quinze características através do índice de seleção combinada (ISC). Esse índice foi proposto por Silva et al., (2008a) e retificado por Ramos et al., (2014) e pode ser estimado pela seguinte equação:

$$ISC = (VFt_1 \times p_1) + (VFt_2 \times p_2) + \dots + (VFt_i \times p_i) \quad (5)$$

Em que VFt são as médias fenotípicas padronizados da característica i, (obtida utilizando a equação $(Xg - \bar{X}g)/SXg$, em que Xg é o valor mensurado no indivíduo para a característica x, $\bar{X}g$ é a média geral da característica e SXg é o desvio padrão) e p é o peso agrônômico estabelecido para cada característica i, que pode ser positivo ou negativo de acordo com a direção da seleção.

Os pesos agrônômicos estabelecidos por tentativa para as quinze características foram AP (1), AIPF (-10), DC (5), NFC (100), NFD (-20), NSF (-20), PMF (200 (JS12-G e SS-72/12) e -200 (Sekati e JS12-P)), PROD (100), FF (100), FP (100), TSS (100), CF (1), DF (1), EP (70) e %VP (50). Alguns desses pesos foram estabelecidos segundo Silva et al. (2008a), enquanto outros foram estabelecidos experimentalmente com base no conhecimento dos melhoristas do programa UENF/CALIMAN de melhoramento do mamoeiro, na importância agrônômica das características avaliadas e no objetivo do trabalho. Como no estudo cada planta é um indivíduo diferente, pesos negativos (-200) e positivos (200) foram atribuídos à característica PMF a fim de identificar possíveis variações dos respectivos genitores com tamanhos diferentes de frutos. Para os cálculos do ISC, foi utilizado o *Microsoft Office Excel* (2019). Adicionalmente foram selecionados, via seleção direta (SD), dois genótipos por genitor com base na característica PMF, com o intuito de manter nas linhagens a serem purificadas genótipos fonte de alelos para essa característica.

3.1.4 RESULTADOS

3.1.4.1 Estatística Descritiva

Na Figura 1, são observadas graficamente a medida de centralidade das observações, através da média, e a dispersão das observações em torno dessa média, representada pelos quartis para 15 características morfoagronômicas (AP, AIPF, DC, NFC, NFD, NSF, PMF, PROD, FF, FP, TSS, CF, DF, EP e %VP) avaliadas nos genitores JS12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12.

Para as características NFC, FF, FP, PMF, PROD e TSS, que são consideradas de maior importância no programa de mamoeiro, pode ser verificada grande variação entre os genitores avaliados, principalmente para PMF, a qual possibilita a seleção dos genótipos com frutos maiores ou menores. As características FF e FP nos genótipos JS12-P, JS12-G, Sekati apresentaram menor variação fenotípica do que o genótipo SS-72/12. Adicionalmente, o genótipo SS-72/12 também apresentou baixa variação fenotípica para NSF, PMF, PROD, CF, DF e EP

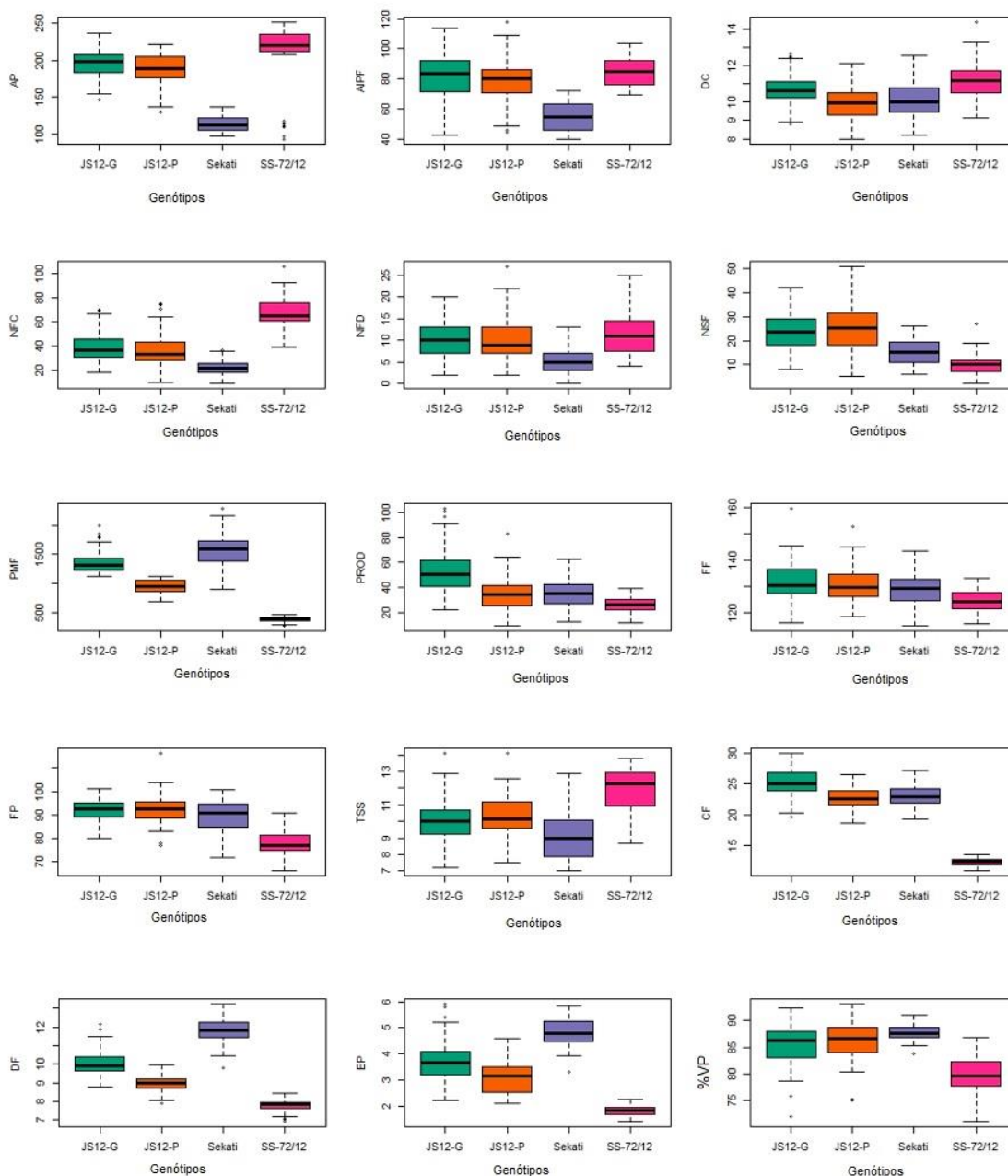


Figura 1. Boxplot com base em 15 características avaliadas em 264 genótipos de mamoeiro dos genitores S12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12. AP: altura da planta (cm); AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); DC: diâmetro do caule (cm); NFC número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem fruto; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: produtividade (kg planta⁻¹); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: conteúdo de sólidos solúveis (°Brix); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); EP: espessura da polpa (cm); %VP: porcentagem de volume de polpa (%).

3.1.4.2 Diversidade genética

A análise de diversidade, obtida pela distância Euclidiana, considerando as características morfoagronômicas AP, AIPF, DC, NFC, NFD, NSF, PMF, PROD, FF, FP, TSS, CF, DF, EP e %VP, indicou a formação de seis grupos (Figura 2).

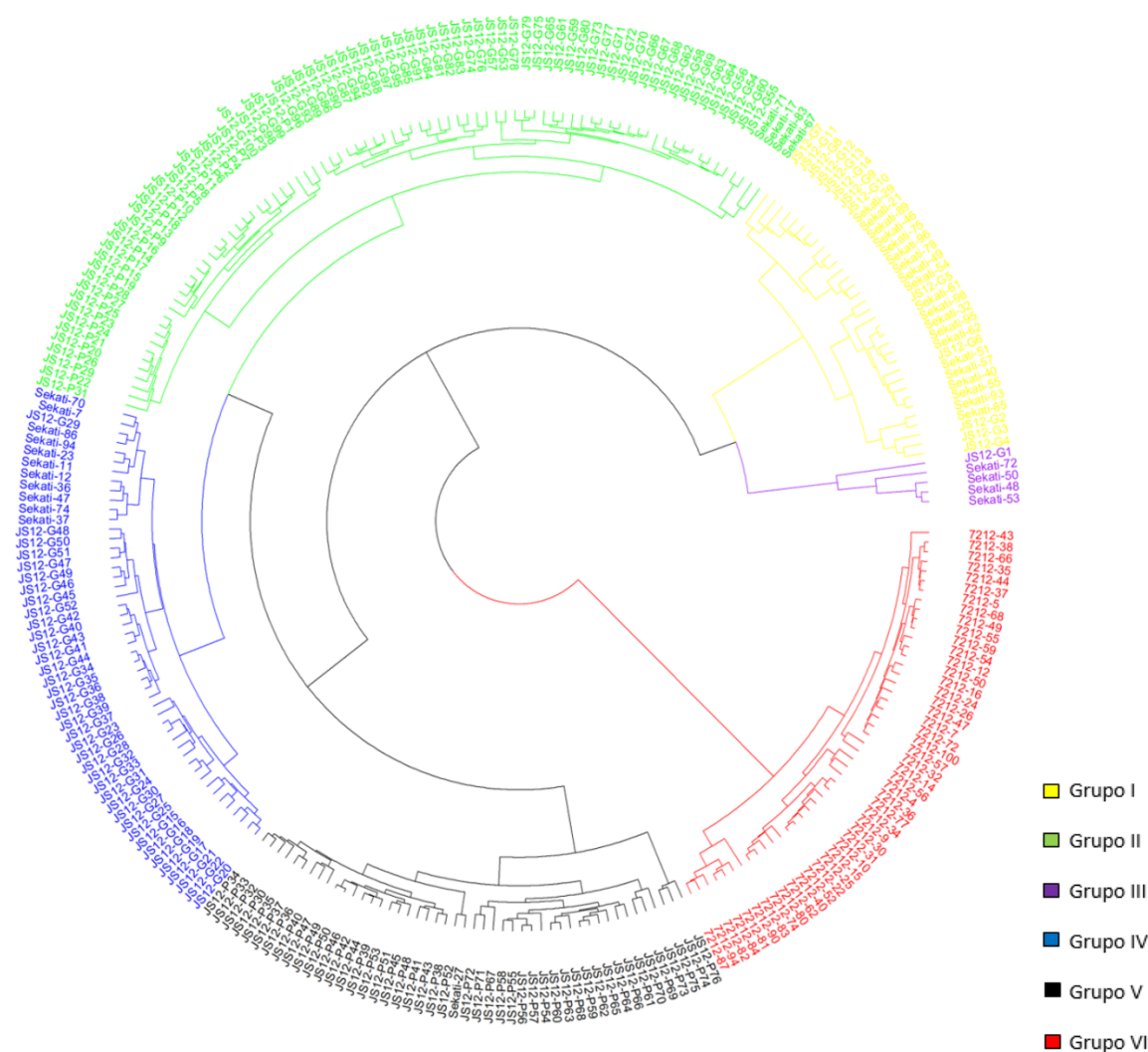


Figura 2. Dendrograma obtido pela distância Euclidiana utilizando o método de agrupamento UPGMA com base na análise de 264 plantas para 15 características avaliadas, sendo elas AP: altura da planta (cm); AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); DC: diâmetro do caule (cm); NFC número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem fruto; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: produtividade (kg planta⁻¹); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: conteúdo de sólidos solúveis (°Brix); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); EP: espessura da polpa (cm); %VP: porcentagem de volume de polpa (%). CCC - coeficiente de correlação cofenética = 0.80.

O grupo I (cor amarela) tem 33 genótipos (20 genótipos do Sekati e 13 do JS12-G), seguido pelo grupo II (cor verde) com 82 genótipos (4 genótipos do Sekati, 48 do JS12-G e 30 do JS12-P), grupo III (cor roxo) com cinco genótipos (4 genótipos Sekati e 1 JS12-G), grupo IV (cor azul) com 49 genótipos (11 genótipos do Sekati e 38 genótipos JS12-G), grupo V (cor preta) com 47 genótipos (46 genótipos JS12-P e 1 Sekati), grupo VI (cor vermelha) com 48 genótipos (todos SS-72/12) (Figura 2).

A Figura 3 mostra a contribuição relativa das características à diversidade genética entre os indivíduos avaliados. Verifica-se que a característica que proporcionou maior contribuição relativa foi peso médio dos frutos com 98,59%, seguida pela altura da planta com 0,79%, número de frutos comerciais com 0,18%, produtividade com 0,16%, altura da inserção do primeiro fruto com 0,14% e firmeza do fruto com 0,02%.

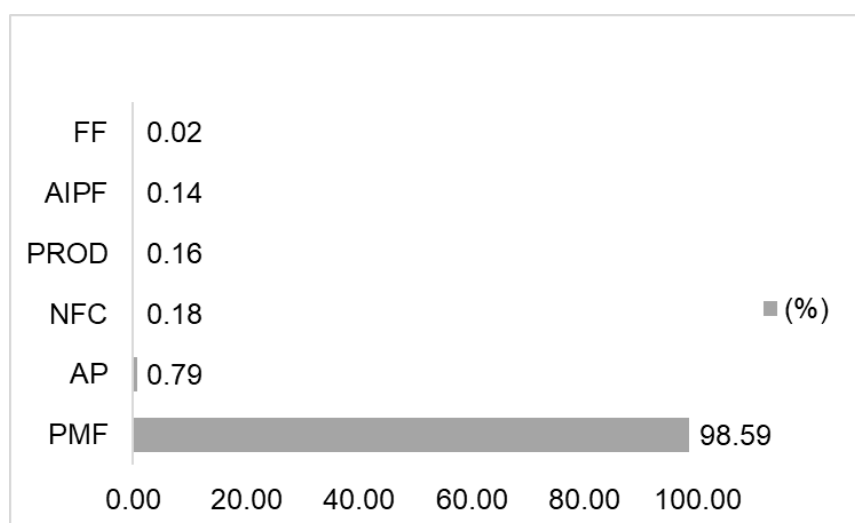


Figura 3. Contribuição genética relativa das características avaliadas em 264 genótipos de mamoeiro dos genitores S12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12. PMF: peso médio dos frutos; AP: altura da planta (cm); NFC: número de frutos comerciais; PROD: produtividade (kg planta^{-1}); AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm) e FF: firmeza do fruto (N), estimada pela metodologia proposta por Singh (1981).

Na Figura 4, são apontadas as médias de acordo com os grupos, para as características morfoagronômicas PMF, AP, NFC, PROD, AIPF e FF. A característica PMF variou de 380,90 g para o grupo VI a 2146 g para o grupo III. O número de frutos com padrão comercial variou de 27,48 frutos para o grupo I

(formado por genótipos do grupo Formosa) a 69,75 frutos para o grupo VI (formado pelo genótipo do grupo Solo). Já a PROD variou de 26,41 kg planta⁻¹ (grupo VI) a 62,08 kg planta⁻¹ (grupo III) e a FF variou de 124,14 N para o grupo VI a 131,44 N para o grupo II (Figura 4). Tendo estes números como referência, é possível verificar a existência de variabilidade nos materiais genéticos em estudo tanto para as características relacionados à produção quanto à qualidade dos frutos.

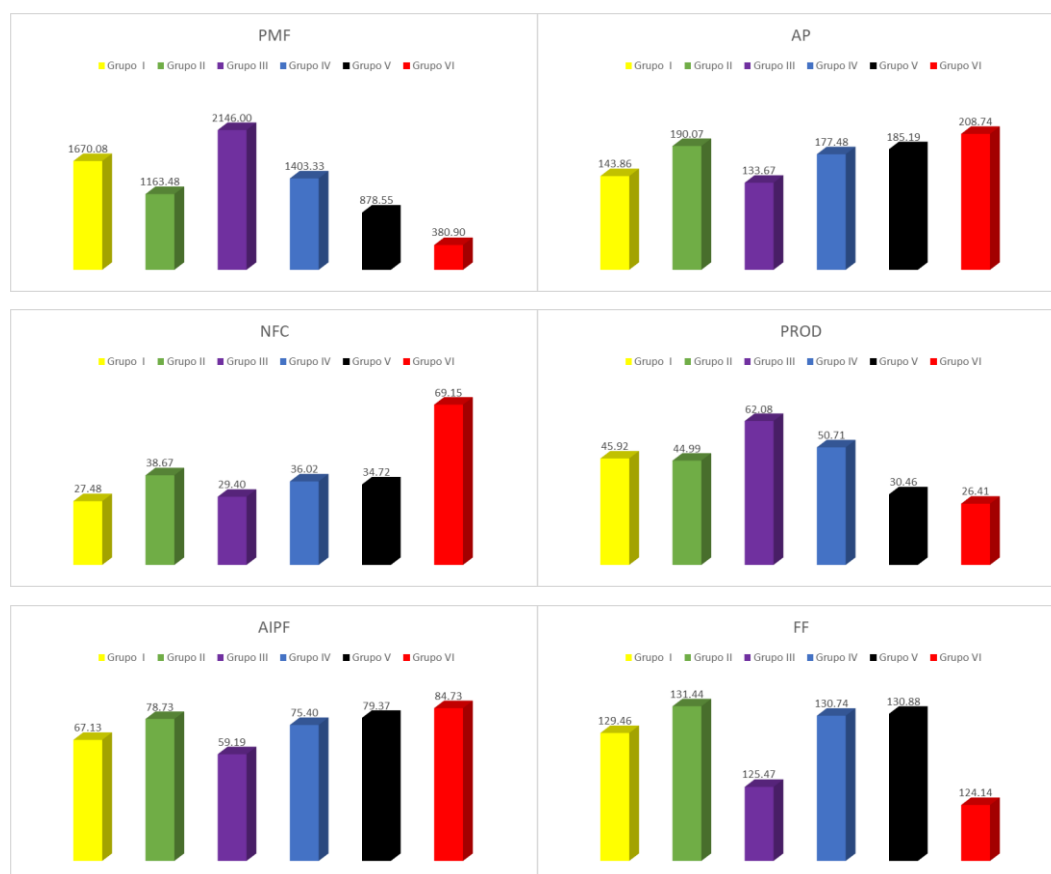
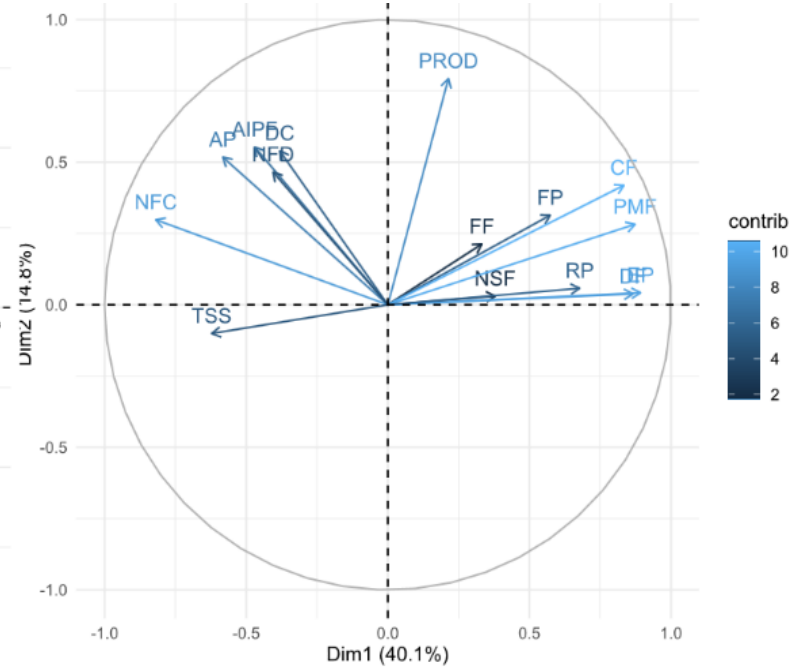
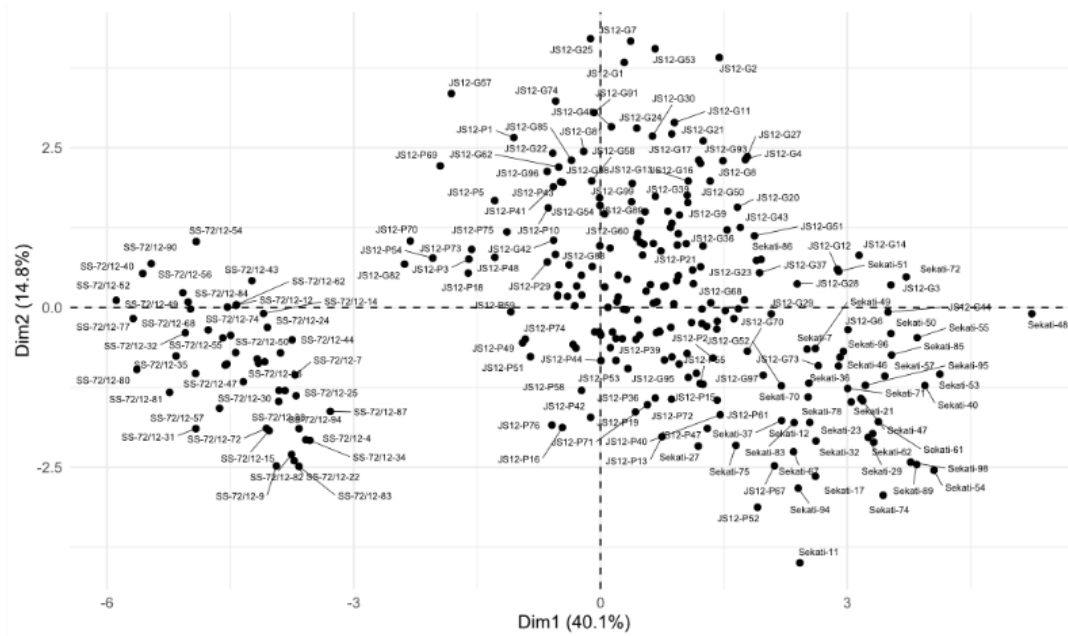


Figura 4. Gráfico das médias dos grupos para as 6 características morfoagronômicas avaliadas em 264 genótipos de mamoeiro dos genitores JS12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12. (PMF: peso médio dos frutos (g); AP: altura da planta (cm); NFC número de frutos comerciais; PROD: produtividade (kg planta⁻¹); AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm) e FF: firmeza do fruto (N).

A análise das relações genéticas entre genótipos também foi avaliada com dispersão gráfica via análise de coordenadas principais (Figura 5a). As 2 primeiras coordenadas juntas explicaram 54,9% da variação total dos dados, enquanto 40,1% dessa variação foi explicada pela coordenada 1 e 14,8% pela coordenada 2 para 15 caracteres (Figura 5b).



a

b

Figura 5. Análise de Coordenadas Principais com base em 15 caracteres para *Carica papaya*. a - Análise de Coordenadas Principais para genótipos de mamoeiro dos genitores S12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12. b- Variáveis analisadas para genótipos de mamoeiro dos genitores JS12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12. (AP: altura da planta; AIPF: altura de inserção do primeiro fruto; DC: diâmetro do caule; NFC número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem frutos; PMF: peso médio do fruto; PROD: produção de frutos; FF: firmeza do fruto; FP: firmeza da polpa; TSS: teor de sólidos solúveis; CF: comprimento do fruto; DF: diâmetro do fruto; EP: espessura da polpa; %VP: porcentagem do volume da polpa)

3.1.4.3 Seleção combinada e seleção direta

Com base nas médias fenotípicas, foram selecionados 80 genótipos pela seleção combinada e seleção direta, considerando as 15 características avaliadas nas 264 plantas dos três genitores. As Tabelas 1, 2, 3 e 4 apresentam os genótipos selecionados para os genitores JS12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12, respectivamente. Para cada genitor, foram selecionados 18 genótipos através do ISC de acordo com suas médias fenotípicas padronizadas e dois genótipos foram selecionadas via seleção direta para a característica PMF, com o intuito de manter nas linhagens a serem purificadas genótipos fonte de alelos para o padrão de fruto desejado, totalizando 20 genótipos por genitor.

Com base no diferencial de seleção (Tabela 1), foi observado redução no NFD, NSF e no tamanho dos frutos e aumento de características importantes como o NFC, PROD, FF, FP, TSS, %VP. Para a característica PMF, a média dos genótipos selecionados para o genitor JS12-P (Tabela 1) foi de 918,10 g, inferior à média geral (951,70 g), tendo sido a média do JS12-G (Tabela 2) de 1567,00 g, superior à média geral (1355,87 g).

Em relação aos genótipos selecionados para o genitor Sekati (Tabela 3), foram observados redução da média para as características PMF, AIPF, NSF, CF, DF e EP e aumento para características importantes como o NFC, PROD, FF, FP, TSS, %VP.

Ao analisar as características relacionadas à produção e à qualidade de frutos das plantas selecionados para o genitor SS-72/12 (Tabela 4), verifica-se que a média fenotípica para os genótipos selecionados pelo ISC foi superior à média geral, exceto para AIPF, NFD, NSF.

Tabela 1. Médias fenotípicas das três épocas de avaliação para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC e seleção direta para o genitor JS12-P.

Nº	Genótipo	AP	AIPF	DC	NFC	NFD	NSF	PMF	PROD	FF	FP	TSS	CF	DF	EP	%VP
1	JS12-P69	219,61	109,29	11,78	71	12	15	810,00	57,51	129,70	84,45	11,90	22,13	8,99	2,54	92,70
2	JS12-P73	197,16	76,77	10,52	63	18	12	762,00	48,01	124,10	93,83	11,00	21,59	8,50	2,75	87,24
3	JS12-P70	192,58	83,43	9,29	75	22	13	806,00	60,45	127,07	84,53	11,30	20,03	8,72	2,39	84,29
4	JS12-P38	214,48	85,78	10,20	43	5	29	957,00	41,15	138,06	101,48	11,20	21,45	9,21	3,22	85,86
5	JS12-P62	191,61	79,75	10,76	44	8	17	838,00	36,87	134,67	100,28	9,90	19,48	8,89	3,13	83,32
6	JS12-P74	205,50	88,34	10,01	30	10	32	718,00	21,54	137,33	93,05	11,60	19,58	7,91	2,10	88,59
7	JS12-P64	167,79	83,68	10,05	43	6	29	828,00	35,60	138,67	95,10	7,80	23,48	8,45	4,00	89,63
8	JS12-P50	181,98	63,31	10,20	45	9	29	911,00	41,00	131,49	92,59	11,25	22,03	8,95	3,32	87,26
9	JS12-P12	205,78	86,96	10,63	59	7	13	1085,00	64,02	138,36	96,63	9,55	24,16	9,08	3,23	84,47
10	JS12-P48	203,53	76,95	10,92	58	1	14	916,00	53,13	129,80	95,38	10,10	19,16	8,78	2,50	82,60
11	JS12-P41	217,62	85,42	11,99	64	9	13	940,00	60,16	128,06	87,34	8,95	24,40	9,28	3,35	88,72
12	JS12-P21	195,43	84,96	10,13	43	70	28	1040,00	44,72	127,87	100,22	10,50	25,37	9,59	4,39	89,35
13	JS12-P30	179,55	69,29	9,05	29	10	36	995,00	28,86	142,73	116,23	9,65	21,63	9,13	2,95	81,90
14	JS12-P63	204,03	92,67	10,40	28	3	37	832,00	23,30	135,47	91,45	10,00	24,16	8,72	3,91	89,97
15	JS12-P65	182,02	79,75	9,88	45	13	18	825,00	37,13	124,87	95,51	9,80	23,42	8,42	3,14	87,15
16	JS12-P18	204,80	74,01	10,40	58	9	21	1068,00	61,94	122,82	91,42	14,10	21,79	8,61	2,48	83,70
17	JS12-P1	208,48	88,62	10,52	74	14	20	1122,00	83,03	127,87	93,78	10,70	25,47	8,98	2,35	84,12
18	JS12-P15	175,46	48,36	9,18	39	6	28	1072,00	41,81	129,18	93,73	12,60	24,87	9,53	4,04	88,07
19 ^a	JS12-P75	214,61	117,64	11,71	29	15	24	696,00	20,18	124,57	93,95	10,00	22,84	8,04	2,54	93,13
20 ^a	JS12-P76	180,97	81,64	9,11	28	7	37	686,00	19,21	122,05	88,87	11,60	20,99	8,10	2,39	88,11
Xs		197,1	81,0	10,3	50,6	9,9	22,4	918,1	46,7	131,6	94,8	10,7	22,5	8,9	3,1	86,6
X0		187,9	78,7	10,0	36,7	10,0	25,4	951,7	35,1	130,5	92,2	10,3	22,7	9,0	3,1	86,3
ds		9,2	2,3	0,3	13,9	-0,1	-2,9	-33,6	11,6	1,1	2,7	0,3	-0,3	-0,1	0,0	0,3

^a Genótipos selecionados por seleção direta. X0: média geral do experimento; Xs Média dos selecionados; ds: diferencial de seleção; AP: altura da planta (cm); AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); DC: diâmetro do caule (cm); NFC número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem fruto; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: produtividade (kg planta⁻¹); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: conteúdo de sólidos solúveis; (°Brix); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); EP: espessura da polpa (cm); %VP: porcentagem de volume de polpa (%).

Tabela 2. Médias fenotípicas das três épocas de avaliação para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC e seleção direta para o genitor JS12-G.

Nº	Genótipo	AP	AIPF	DC	NFC	NFD	NSF	PMF	PROD	FF	FP	TSS	CF	DF	EP	%VP
1	JS12-G2	204,13	105,23	12,41	42	15	16	1853,00	77,83	136,39	91,28	11,05	27,54	11,52	4,92	87,32
2	JS12-G1	211,63	99,84	11,02	52	13	17	1984,00	103,17	121,67	98,23	8,60	24,60	9,13	2,89	81,88
3	JS12-G25	206,68	95,84	12,67	67	13	12	1444,00	96,75	136,23	94,32	11,05	25,14	10,35	3,84	84,44
4	JS12-G11	195,77	77,85	10,70	64	11	16	1574,00	100,74	128,55	91,43	11,00	26,84	10,57	4,02	86,30
5	JS12-G3	180,50	86,98	9,61	23	5	25	1810,00	41,63	127,32	94,35	10,90	29,02	12,16	5,91	89,39
6	JS12-G27	183,52	68,82	10,75	58	11	17	1436,00	83,29	140,13	95,87	8,25	25,16	10,25	4,05	88,28
7	JS12-G4	199,22	81,58	11,01	42	11	22	1786,00	75,01	129,34	86,11	10,25	29,98	10,69	4,37	87,61
8	JS12-G57	211,45	113,71	11,00	67	13	10	1284,00	86,03	136,37	93,12	12,90	23,41	8,92	2,63	80,76
9	JS12-G21	199,95	97,73	10,78	53	10	19	1476,00	78,23	132,74	95,04	10,35	26,77	10,30	3,54	87,40
10	JS12-G7	222,31	111,78	11,52	49	20	12	1652,00	80,95	127,10	91,74	10,00	28,39	10,62	4,06	86,48
11	JS12-G53	209,83	90,27	12,46	70	15	10	1296,00	90,72	125,08	97,78	8,60	26,45	10,59	4,93	87,42
12	JS12-G16	184,74	66,40	12,16	58	6	23	1513,50	87,78	127,62	88,49	9,93	27,66	10,15	3,86	87,63
13	JS12-G74	217,05	86,57	12,18	66	13	15	1238,50	81,74	132,45	94,27	11,48	24,67	9,68	3,35	86,73
14	JS12-G20	199,32	66,71	10,19	52	8	25	1478,00	76,86	133,10	93,03	9,53	25,77	10,39	3,80	87,86
15	JS12-G13	205,29	91,96	10,49	38	12	33	1566,00	59,51	137,01	100,14	9,45	22,22	9,55	3,37	85,52
16	JS12-G30	190,85	86,50	10,63	61	12	15	1425,00	86,93	137,51	90,98	9,05	24,85	10,19	3,82	83,01
17	JS12-G5	156,86	54,90	9,56	37	8	35	1721,00	63,68	126,04	95,35	10,60	24,27	9,41	2,97	83,05
18	JS12-G6	154,11	51,88	10,05	26	9	40	1669,00	43,39	133,70	94,35	10,50	25,27	11,16	4,68	85,69
19 ^a	JS12-G8	236,42	111,36	11,69	24	13	28	1604,00	38,50	130,52	86,12	11,10	28,67	11,10	5,42	89,75
20 ^a	JS12-G9	191,18	84,20	11,14	33	14	28	1590,00	52,47	129,36	90,62	9,95	27,72	10,36	3,30	84,97
Xs		196,3	85,3	11,1	51,4	11,4	20,1	1567,0	78,6	131,6	93,7	10,2	26,0	10,3	3,9	85,9
X0		195,7	82,0	10,7	39,4	10,4	23,7	1355,9	53,4	131,5	91,9	10,0	25,3	10,0	3,7	85,4
ds		0,6	3,3	0,4	12,0	1,0	-3,6	211,1	25,1	0,0	1,8	0,2	0,7	0,3	0,3	0,5

^a Genótipos selecionados por seleção direta. X0: média geral do experimento; xs Média dos selecionados; ds: diferencial de seleção; AP: altura da planta (cm); AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); DC: diâmetro do caule (cm); NFC número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem fruto; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: produtividade (kg planta-1); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: conteúdo de sólidos solúveis (°Brix); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); EP: espessura da polpa (cm); %VP: porcentagem de volume de polpa (%).

Tabela 3. Médias fenotípicas das três épocas de avaliação, para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC e seleção direta para o genitor Sekati

Nº	Genótipo	AP	AIPF	DC	NFC	NFD	NSF	PMF	PROD	FF	FP	TSS	CF	DF	EP	%VP
1	Sekati-71	120,60	45,09	9,97	28	7	16	1138,00	31,86	148,93	95,68	7,90	21,92	10,50	4,46	89,20
2	Sekati-96	115,87	55,12	9,83	27	9	10	1626,00	43,90	143,35	91,20	11,10	24,10	11,83	4,54	88,95
3	Sekati-83	102,70	41,81	10,24	33	6	14	1206,00	39,80	126,35	91,20	8,80	22,07	10,77	4,54	87,42
4	Sekati-51	124,06	53,01	12,57	37	4	7	1699,00	62,86	128,73	94,27	7,60	22,98	11,86	4,85	86,87
5	Sekati-7	129,62	59,60	11,64	29	3	9	1470,00	42,63	129,95	87,90	8,85	22,57	11,55	4,89	88,99
6	Sekati-37	99,30	44,38	10,83	23	6	8	1350,00	31,05	132,85	95,02	10,80	21,51	11,19	3,92	87,74
7	Sekati-48	105,03	45,12	10,52	27	4	14	2160,00	58,32	130,17	100,70	8,60	26,66	13,01	5,70	91,04
8	Sekati-27	112,48	60,86	10,33	14	8	22	896,00	12,54	135,15	99,97	11,30	19,23	9,78	3,31	86,81
9	Sekati-49	121,45	50,57	11,60	31	6	16	1784,00	55,30	124,28	76,67	11,30	23,58	12,59	5,38	89,31
10	Sekati-86	137,15	71,89	12,50	26	13	14	1427,00	37,10	136,77	93,70	8,95	22,99	11,33	4,50	87,43
11	Sekati-47	111,62	59,56	10,23	24	3	14	1390,00	33,36	135,38	92,98	7,80	21,89	11,35	4,69	88,73
12	Sekati-78	99,45	45,50	9,28	36	3	7	1621,00	58,36	126,60	88,54	8,05	23,79	11,73	4,62	83,73
13	Sekati-61	109,36	46,48	9,89	24	2	17	1741,00	41,78	128,35	90,08	10,45	23,10	11,89	4,88	88,43
14	Sekati-40	116,30	55,34	9,90	17	6	15	1668,00	28,36	139,58	94,62	9,20	25,14	11,82	5,31	88,99
15	Sekati-98	100,66	49,87	8,96	20	3	20	1740,00	34,80	125,13	87,72	11,30	23,58	12,32	5,85	88,46
16	Sekati-23	112,46	47,06	9,41	18	7	20	1422,00	25,60	136,66	94,17	9,05	22,55	11,33	4,54	88,43
17	Sekati-67	111,72	56,28	8,95	27	5	15	1274,00	34,40	132,43	82,15	7,90	21,18	10,79	4,16	87,60
18	Sekati-55	120,24	65,29	9,80	24	7	14	1674,00	40,18	136,77	96,22	7,00	24,36	11,92	5,00	87,56
19 ^a	Sekati-74	98,29	54,03	8,26	21	3	15	1340,00	28,14	119,00	94,85	8,20	21,12	11,62	5,24	88,14
20 ^a	Sekati-17	113,64	61,67	8,82	17	2	13	1143,00	19,43	132,12	95,18	7,50	21,08	10,45	4,22	85,56
Xs		113,9	52,9	10,4	25,8	5,7	14,0	1515,0	39,6	133,2	91,8	9,2	23,0	11,5	4,7	88,1
Xo		113,8	55,3	10,2	22,3	5,5	15,0	1584,7	35,6	129,0	88,8	9,1	23,2	11,8	4,8	87,7
ds		0,1	-2,4	0,2	3,5	0,2	-1,0	-68,8	4,0	4,2	3,0	0,1	-0,3	-0,3	-0,1	0,4

^a Genótipos selecionados por seleção direta. X0: média geral do experimento; xs Média dos selecionados; ds: diferencial de seleção; AP: altura da planta (cm); AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); DC: diâmetro do caule (cm); NFC número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem fruto; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: produtividade (kg planta-1); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: conteúdo de sólidos solúveis (°Brix); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); EP: espessura da polpa (cm); %VP: porcentagem de volume de polpa (%).

Tabela 4. Médias fenotípicas das três épocas de avaliação para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC e seleção direta para o genitor SS-72/12.

Nº	Genótipo	AP	AIPF	DC	NFC	NFD	NSF	PMF	PROD	FF	FP	TSS	CF	DF	EP	%VP
1	SS-72/12-14	210,13	83,16	11,15	65	18	6	466,00	30,29	127,53	85,32	12,65	12,63	8,44	1,99	80,48
2	SS-72/12-43	214,55	71,76	12,20	93	14	7	424,67	39,49	121,66	89,50	11,07	12,36	8,21	1,89	81,71
3	SS-72/12-56	251,39	92,69	11,78	84	9	12	451,00	37,88	121,91	78,06	12,90	13,06	8,00	1,92	78,62
4	SS-72/12-12	235,89	101,01	10,47	79	12	5	416,00	32,86	123,90	82,50	12,40	13,48	7,79	2,00	84,11
5	SS-72/12-47	220,16	83,01	10,82	79	4	8	417,00	32,94	125,86	74,58	13,35	13,25	8,02	1,97	81,72
6	SS-72/12-7	218,83	81,71	11,33	61	6	15	401,33	24,48	128,77	84,27	13,77	12,19	7,81	2,03	84,58
7	SS-72/12-37	229,64	75,97	11,41	75	8	5	390,00	29,25	124,21	81,62	12,23	12,64	7,82	2,11	86,90
8	SS-72/12-5	226,40	71,83	10,95	70	12	9	393,33	27,53	128,23	80,26	13,07	12,42	7,78	1,89	83,68
9	SS-72/12-50	239,74	93,83	11,42	73	5	10	416,00	30,37	119,63	84,63	13,10	13,55	7,61	1,89	81,41
10	SS-72/12-54	245,80	89,80	12,59	84	20	6	407,00	34,19	116,93	79,90	11,30	12,20	7,91	2,26	86,02
11	SS-72/12-83	97,16	72,43	10,59	69	11	17	461,33	31,83	117,34	72,79	13,47	13,23	8,17	2,05	79,23
12	SS-72/12-55	240,16	89,48	11,95	71	5	9	392,00	27,83	125,10	80,33	12,95	13,27	7,89	1,96	79,45
13	SS-72/12-35	220,32	74,26	12,17	81	8	9	390,00	31,59	124,58	77,06	13,73	11,55	7,88	1,69	77,81
14	SS- 72/12-44	220,81	76,47	12,00	72	6	11	389,00	28,01	128,45	87,07	10,75	12,82	7,96	1,77	79,77
15	SS-72/12-16	233,34	85,55	11,42	61	11	6	429,00	26,17	120,11	77,99	12,70	13,32	8,07	1,87	81,73
16	SS-72/12-38	216,86	73,00	10,74	72	6	7	374,00	26,93	128,73	75,60	11,77	12,48	7,75	1,84	83,37
17	SS-72/12-59	242,68	88,81	11,26	65	5	11	398,00	25,87	129,35	77,31	12,50	11,94	7,89	1,69	78,03
18	SS-72/12-49	239,83	95,75	12,20	73	9	13	392,50	28,65	128,61	75,34	12,08	12,48	8,21	1,77	76,27
19 ^a	SS- 72/12-24	235,48	99,74	10,73	57	12	17	429,00	24,45	133,08	76,84	10,80	13,47	7,83	1,66	78,95
20 ^a	SS-72/12-26	209,66	69,32	10,14	60	17	7	426,00	25,56	121,36	78,92	10,73	12,51	8,32	1,83	79,59
xs		222,4	83,4	11,5	73,7	9,4	9,2	411,0	30,3	124,5	80,2	12,5	12,7	8,0	1,9	81,4
x0		208,7	84,7	11,2	69,2	11,5	10,1	380,9	26,4	124,1	78,3	11,9	12,4	7,8	1,8	80,1
ds		13,7	-1,4	0,3	4,6	-2,1	-0,9	30,7	3,9	0,4	2,0	0,6	0,4	0,2	0,1	1,3

^a Genótipos selecionados por seleção direta. X0: média geral do experimento; xs Média dos selecionados; ds: diferencial de seleção; AP: altura da planta (cm); AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); DC: diâmetro do caule (cm); NFC número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem fruto; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: produtividade (kg planta⁻¹); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: conteúdo de sólidos solúveis (°Brix); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); EP: espessura da polpa (cm); %VP: porcentagem de volume de polpa (%).

3.1.5 DISCUSSÃO

O híbrido 'Calimosa', primeiro híbrido de mamoeiro brasileiro, tem mostrado superioridade para produção e qualidade de frutos em relação ao híbrido 'Tainung 01', do grupo Formosa, constituindo uma alternativa para o cultivo do mamoeiro, não só no país, mas também para agricultores de outros países, pela exportação de suas sementes (Pereira et al., 2015). O híbrido 'UC10', segundo Pereira et al. (2019c), tem excelente desempenho agrônômico com frutos padrão Formosa de excelente sabor. Contudo, tem sido observado perda do padrão desses híbridos, com considerável aumento de tamanho de fruto no 'UC10' e redução no tamanho de fruto do 'Calimosa'. Esse fato aponta para um detalhe importante não abordado: os híbridos não são estáticos, por isso é de fundamental importância o monitoramento das linhagens genitoras.

A segregação observada nas linhagens genitoras (Figura 1) tem gerado essa perda do padrão exigido pelo mercado consumidor, impactando a comercialização desses híbridos. Na Figura 1, pode-se observar que os genitores JS12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12 apresentaram variação genética, principalmente para a característica PMF, que é de extrema importância para a determinação do padrão de frutos das cultivares híbridas UC10 e Calimosa. Essa observação é um indicativo da possibilidade de selecionar genitores de frutos maiores, que possam ser utilizados para aumentar o peso médio de fruto do híbrido 'Calimosa' e de genitores de frutos menores, que possam ser utilizados para reduzir o peso médio de fruto do híbrido 'UC10'.

Em relação à diversidade genética, o grupo II reuniu o maior número de genótipos, apresentando em sua composição genótipos Sekati, JS12-G e JS12-P, todos do grupo Formosa. Os grupos I, III e IV também foram constituídos de genótipos Sekati e JS12-G, enquanto o grupo V reuniu genótipos Sekati e JS12-P. Por outro lado, os genótipos do grupo Solo (SS-72/12) formaram um único grupo, grupo VI (Figura 2). Assim, fica evidente o agrupamento dos genótipos por grupo heterótico Solo e Formosa, os quais se diferenciam basicamente pelo tamanho dos frutos. É extremamente viável a possibilidade de selecionar genótipos com frutos maiores, visando ao aumento do PMF do 'Calimosa', uma vez que alguns genótipos

Sekati se agruparam com genótipos JS12-P e JS12-G, indicando variabilidade nesses genótipos.

Verifica-se na Figura 3 que o PMF é uma característica que apresenta maior contribuição para a explicação da variação total disponível nos genótipos avaliados neste estudo, enquanto a FF apresenta baixa contribuição, podendo ser descartada em avaliações de divergência genética. Este resultado pode ser atribuído à avaliação de indivíduos de grupos heteróticos distintos, em que a variação de tamanhos de frutos é extremamente perceptível.

As médias dos grupos (Figura 4) mostram que existe variabilidade fenotípica nos diferentes genótipos avaliados, nos quais a seleção pode ser aplicada. Merece destaque a característica PMF, que teve a maior oscilação, deixando clara a variabilidade existente entre e dentro dos genótipos avaliados, possibilitando a seleção de genótipos que futuramente poderão ser utilizadas em programas de hibridação como linhagens genitoras com diferentes PMF, o que torna possível a obtenção de híbridos com diferentes tamanhos de frutos.

Com base no diferencial de seleção dos genótipos selecionados para o genitor JS12-P (Tabela 1), foi observada redução no NFD, NSF e no tamanho dos frutos sem afetar características extremamente importantes como o NFC, PROD, FF, FP, TSS, %VP. Assim, podem ser selecionados genótipos com potencial para reduzir o tamanho dos frutos sem comprometer sua qualidade e produtividade.

É sabido que o diferencial de seleção não é o ganho de seleção e que as medidas de herdabilidade/coeficientes de determinação genotípico são inerentes às populações estudadas e às condições experimentais. No entanto, as estimativas de coeficientes de determinação genotípico (H^2) obtidas em Linhares-ES para características morfoagronômicas em mamoeiro têm apresentado valores elevados, indicando uma grande chance de ganhos genéticos nos procedimentos de seleção. Silva et al. (2008b), avaliando populações segregantes de mamoeiro, obtiveram H^2 variando entre 53% e 99,75% em diversas características morfoagronômicas [AP, DC, AIPF, Número de flores (total, deformadas e estéreis), NFC, PMF, PROD, FF e TSS]. Os autores reportaram valores superiores a 70% para altura de planta (79.19), diâmetro do caule (85.36), produtividade (89.89), firmeza externa do fruto (92.72), firmeza interna do fruto (88.41), teor de sólidos e solúveis (73.68) e peso médio do fruto (99,75).

Como base na elevada magnitude dos coeficientes de determinação genotípico reportada na literatura (Silva et al., 2008b; Santa Catarina, 2020) e no diferencial de seleção obtido, há expectativas de obter ganhos com os genótipos selecionados. Assim, podem, ser selecionados os genótipos com características de interesse e, após o teste de progênies, avaliar em trabalhos futuros o potencial genético dos genitores para gerar híbridos com as mesmas características.

Os genótipos selecionados para o genitor JS12-G (Tabela 2) apresentaram diferencial de seleção positivo para todas as características, exceto NSF (-3,6), o que aponta para redução do NSF e possíveis ganhos nas demais características, em especial PMF (211,1 g) e NFC (12,0). Em relação aos genótipos selecionados, para o genitor Sekati (Tabela 3), foram observados redução quanto ao PMF, AIPF, NSF, CF, DF e EP e aumento de características importantes como o NFC, PROD, FF, FP, TSS, %VP. Santa-Catarina et al. (2020b) ressaltam que a variabilidade para as características FF, FP e TSS permite que as linhagens selecionadas, sejam elas Formosa ou Solo, apresentem qualidade e sabor do fruto.

Estudos divergência genética, ou seja, sobre as diferenças nas frequências alélicas das populações, têm importância fundamental na escolha de genitores, uma vez que a distância genética entre os genitores é um indicativo da expressão heterótica nas progênies (Falconer, 1981). Assim, os resultados obtidos indicam possibilidade de seleção de genótipos com maior e menor PMF, confirmando a necessidade de purificação das linhagens genitoras, visando a atender o padrão esperado para os híbridos a serem desenvolvidos a partir dessas linhagens purificadas, ressaltando a demanda por redução do PMF do 'UC10' e aumento do PMF do 'Calimosa'.

Em relação aos genótipos selecionados para o SS-72/12 (Tabela 4), vale destacar a característica PMF com 411,6 g valor superior à média geral (380,9 g). Os valores das características relacionadas à qualidade também foram superiores à média geral. Apenas AIPF, NFD, NSF apresentaram valores inferiores à média geral. Esse resultado é interessante porque o conjunto de genótipos selecionados apresenta plantas com inserção, mas baixa dos primeiros frutos, além de ter poucos nós sem frutos e frutos deformados.

De acordo com Santa-Catarina et al. (2020a), associada à seleção combinada, a seleção direta pode ser utilizada para seleção de genótipos potencialmente fontes de alelos favoráveis para características específicas. Nesse

sentido, a seleção direta empregada nesse estudo permitiu, com base na característica PMF, manter nas linhagens oito genótipos (dois genótipos por genitor).

Considerando o objetivo da seleção simultânea, foi verificado que o ISC (usando médias fenotípicas padronizadas) foi consistente na identificação de possíveis genótipos para formar o ensaio de progênies. Isso mostra a vantagem de padronizar as observações na avaliação e seleção de genótipos superiores. Assim, fica evidente que essa estratégia pode permitir maior precisão no processo de seleção, aumentando, assim, as chances de sucesso dos programas de melhoramento (Ramos et al., 2014). Associando o ISC e a SD, foram selecionados 80 genótipos (20 genótipos Sekati, 20 genótipos JS-12-P frutos menores, 20 genótipos JS-12-G frutos maiores e 20 genótipos SS-72/12) para compor a próxima etapa do trabalho, que é a avaliação das 80 progênies em ensaio de competição.

Diante dos resultados, percebe-se que, para manutenção das características agrônômicas nas cultivares híbridas, é de extrema importância a utilização de linhas puras como genitores nos ensaios de hibridação, uma vez que variações alélicas em locos gênicos de importância agrônômica nos parentais podem alterar, ao longo do tempo, o padrão dos híbridos desenvolvidos. Nesse sentido, para garantir o alto nível de fixação alélica das linhagens genitoras e, conseqüentemente, a pureza genética das sementes híbridas, algumas ações são fundamentais, incluindo cuidados nos procedimentos de cruzamentos para evitar contaminação, monitoramento da endogamia das linhagens genitoras e, e necessário, fazer sua a purificação de tempos em tempos para evitar tal segregação.

Espera-se que com os genótipos selecionados e a continuidade dos trabalhos sejam alcançadas linhagens purificadas, contribuindo para a manutenção do padrão comercial dos híbridos desenvolvidos, almejando obtenção do híbrido 'UC10' com frutas de no máximo 2,0 kg e o híbrido 'Calimosa' com frutas de 1,2 a 1,4 kg e mais produtivos.

3.1.6 CONCLUSÕES

Há segregação nos genitores JS-12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12 passível de ser explorada no programa de melhoramento do mamoeiro com o intuito de obter híbridos 'UC10' e 'Calimosa' com diferentes pesos do fruto, de modo que atendam às necessidades dos mercados.

O ISC facilitou a seleção combinada de 72 genótipos para as características de interesse na cultura, e a seleção direta permitiu identificar 8 indivíduos com alelos favoráveis para características peso médio do fruto, que não foram selecionadas por meio do ISC, e devem ser levados em consideração para a continuidade do programa de melhoramento.

3.2 CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE PROGÊNIES DE *Carica papaya* L. E SELEÇÃO DE GENITORES

3.2.1 INTRODUÇÃO

O mamoeiro é uma das fruteiras tropicais de maior importância no Brasil. Segundo os dados da Faostat 2021, o Brasil ocupa o terceiro lugar na produção mundial. As cultivares mais exploradas no Brasil são classificadas em dois grupos heteróticos, Solo e Formosa, que se diferenciam principalmente pelo tamanho dos frutos. O grupo Solo apresenta frutos piriformes ou arredondados, de tamanho pequeno, com peso variando de 300 a 650 g, polpa laranja-avermelhada. As cultivares desse grupo são geneticamente uniformes, consistindo de linhagens puras fixadas por sucessivas gerações de autofecundação (Serrano e Cattaneo, 2010). O grupo Formosa é caracterizado por apresentar frutos com peso médio dos variando entre 1000 e 1400 g (Vettorazzi, 2020).

A espécie *Carica papaya* é classificada como autógama facultativa com cleistogamia (Damasceno Junior et al. (2009b), conferindo uma grande vantagem à cultura, uma vez que tanto híbridos quanto linhagens podem ser obtidos, explorados e cultivados. Segundo Dantas e Lima (2001), o mamoeiro não sofre depressão por endogamia, facilitando o melhoramento genético na espécie, pois possibilita a obtenção de linhagens endogâmicas que podem ser utilizadas no desenvolvimento tanto de cultivares tipo linha pura quanto de cultivares híbridas.

As populações das espécies autógamas são frequentemente constituídas pela mistura de tipos homozigóticos, muitas vezes fenotipicamente semelhantes. No entanto, algumas cultivares que estão em cultivo há longo tempo estão sujeitas à perda da pureza genética, mesmo aquelas que se originaram de uma única linha pura. As causas para isto vão desde a ocorrência de mistura acidental com sementes de outras cultivares, mutações, ou cruzamentos naturais com outras cultivares, portanto, nessas populações geneticamente heterogêneas, podem ser isoladas diversas linhas puras por seleção (Borém, 2017).

No mamoeiro, Silva et al. (2007a) observaram graus variáveis de *loci* em heterozigose, em genitores Formosa, apontando para a necessidade de monitoramento da evolução do grau de fixação dos genitores para produzir híbridos vigorosos e uniformes. Nesse sentido, Padilha et al. (2003) destacaram que, durante o processo de manutenção do estoque de linhagens elite utilizadas nos programas de melhoramento genético, é preciso que as linhagens sejam mantidas com um elevado grau de homozigose e de pureza. Porém essa homozigose e pureza não são comumente monitoradas, sendo observada segregação nas linhagens genitoras. Este fato impactou o padrão dos híbridos obtidos com considerável aumento no tamanho do fruto do híbrido 'UC10' e redução do tamanho do fruto do híbrido 'Calimosa' afetando, conseqüentemente, sua comercialização.

Assim é necessário proceder a uma seleção de linhagens com diferentes tamanhos de frutos visando a futuros cruzamentos na expectativa de ajustar tamanho do híbrido 'UC10' para frutas de no máximo 2,0 kg e o híbrido 'Calimosa' para frutas de 1,2 a 1,4 Kg. A seleção combinada e a seleção direta têm se mostrado eficientes na cultura do mamoeiro, podendo ser utilizadas nesse processo de purificação de linhagens. Frente ao exposto, teve-se por objetivo avaliar 81 progênies dos genótipos Sekati, JS-12-P, JS-12-G e SS-72/12 oriundas da seleção combinada e seleção direta, estimar os parâmetros genéticos e aplicar a seleção combinada para selecionar 20 linhagens (cinco do Sekati, cinco do JS-12-P, cinco do JS-12-G e cinco do SS-72/12) para futuros cruzamentos.

3.2.2 REVISÃO

3.2.2.1 Modelos mistos no melhoramento genético de fruteiras

A experimentação em campo está associada ao desbalanceamento de dados em razão das mais variadas causas, incluindo perdas de plantas e parcelas, quantidades desiguais de sementes e de mudas disponíveis por tratamento, rede experimental com diferentes números de repetições por experimento e diferentes delineamentos experimentais, entre outras (Resende, 2006). Além disso, a avaliação e a seleção de indivíduos em fruteiras apresentam particularidades, como, por exemplo, utilização dos indivíduos selecionados por vários anos, o que demanda rigor e precisão nos métodos de seleção, uso de avaliações repetidas ao longo do tempo e seleção envolvendo comparações de indivíduos de diferentes gerações, fato que requer a utilização de métodos mais elaborados (Resende, 2006). O REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), também denominado de metodologia de modelos mistos, proporciona estimações e predições mais precisas de parâmetros e valores genéticos por apresentar grande flexibilidade de análise, permitindo contornar dificuldades causadas por desbalanceamentos experimentais (Resende, 2006).

No caso de dados desbalanceados, a ANOVA conduz a estimativas imprecisas de componentes de variância, sendo, portanto, a predição de valores genéticos dúbia. Na metodologia de modelos mistos com dados desbalanceados, os efeitos do modelo não devem ser testados via teste F, tal como se faz no método da análise de variância, sendo recomendado para os efeitos aleatórios o teste da razão de verossimilhança (LRT), por meio de uma análise de deviance (Resende, 2007). A deviance é uma estatística derivada da razão entre as verossimilhanças do modelo completo, em relação ao modelo sem o efeito que se deseja testar. Esta análise, sugerida por Resende (2007), representa uma generalização da análise de variância clássica para casos balanceados e desbalanceados e indica a qualidade do ajuste do modelo. Nesses casos de dados desbalanceados, o REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada) torna-se um procedimento ótimo de avaliação genotípica (Resende, 2006).

Segundo Resende (2004), as principais vantagens do procedimento REML/BLUP são permitir comparar indivíduos através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais e blocos), permitir a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação dos componentes de variância e predição dos valores genéticos, permitir lidar com estruturas mais complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos), podendo ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais.

Considerando que o sucesso da seleção depende da variabilidade genética e da acurácia dos métodos de seleção, é importante o uso de metodologias que estimem os componentes de variância e permitam a previsão dos valores genéticos de indivíduos candidatos à seleção (Resende, 2007). Um procedimento ótimo de avaliação genotípica refere-se ao componente da variância (REML) e a valores genotípicos (BLUP) que utilizam a modelagem mista, proporcionando estimativas e previsões mais precisas (Resende, 2006).

O procedimento REML/BLUP tem sido aplicado a um grande número de fruteiras, incluindo elas a aceroleira (Paiva et al., 2007), o cajueiro (Cavalcanti et al., 2007), o citrus (Pompeu Júnior et al., 2012), o cupuaçuzeiro (Maia et al., 2011), a macieira (Kouassi et al., 2009), a mangueira (Hardner et al., 2012), o maracujazeiro (Silva et al., 2017), a goiabeira (Gomes et al., 2016) e a videira (Santos et al., 2018).

No mamoeiro, o procedimento REML/BLUP foi aplicado com sucesso no melhoramento da cultura para estimação de parâmetros genéticos e valores genotípicos em populações segregantes visando à seleção de genótipos superiores para caracteres morfoagronômicos como comprimento e peso do fruto, sólidos solúveis totais e firmeza do fruto (Oliveira et al., 2012; Pinto et al., 2013), para a redução da mancha-fisiológica (Pinto et al., 2013) e para características relacionadas a doenças (Vivas et al., 2014a, b), e tem mostrado contornar os problemas de desbalanceamento experimental rotineiros nas pesquisas com esta espécie (Cortes et al., 2019).

Pinto et al. (2013) e Ramos et al. (2014) trabalharam com modelos mistos para selecionar genótipos superiores, utilizando características morfoagronômicas, e obtiveram resultados satisfatórios. Vivas et al. (2014b) avaliaram o potencial genético de contribuição de genótipos crioulos de mamoeiro na resistência à

mancha-de-phoma e Vivas et al. (2014a) avaliaram a eficiência de modelos mistos na seleção de genótipos resistentes a doenças foliares ocasionadas por fungos.

Cortes et al. (2018) concluíram que o índice de seleção combinada foi consistente na seleção de seis progênes superiores, permitindo ganhos promissores para as características produção de frutos e espessura de polpa, que são de importância para o melhoramento.

3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1 Condições experimentais e material genético

O experimento foi conduzido na empresa Caliman Agrícola S/A, localizada na latitude de 19° 15' e longitude de 40° 10', no município de Linhares, Espírito Santo, durante os anos de 2020 e 2021. O clima da região é do tipo AWI (tropical úmido), com verão chuvoso e inverno seco (Alvares et al., 2013). As sementes dos genótipos JS12- P, JS12-G, Sekati e SS-72/12 selecionadas via seleção combinada e seleção direta (Figura 1) foram semeadas em casa de vegetação da Fazenda Santa Terezinha, em outubro de 2020, utilizando bandejas plásticas com capacidade para 96 tubetes de 55 cm³. Foram utilizados o substrato vegetal HT Tropstrato e o fertilizante Basacote mini 3M®, fórmula NPK (Mg) 13-06-16 (1.4) com micronutrientes 0,0; 2,5; 5,0; 7,5; 10,0 e 12,5 kg m⁻³ de liberação lenta.

Após 30 dias da semeadura, as mudas dos genótipos Sekati, JS12- P, JS12-G e SS-72/12, foram plantadas em delineamento látice quadrado 9 x 9, com três repetições e quatro plantas por parcela, em um espaçamento de 3,6 m entre as linhas e 1,5 m entre plantas na linha (Figura 1). Em razão da taxa de segregação de plantas hermafroditas e femininas na proporção 2:1 (para linhagens), foram utilizadas três mudas por cova (96,3% probabilidade de obter pelo menos uma planta hermafrodita). Noventa dias após o plantio, as plantas foram sexadas, permanecendo no campo as plantas hermafroditas.

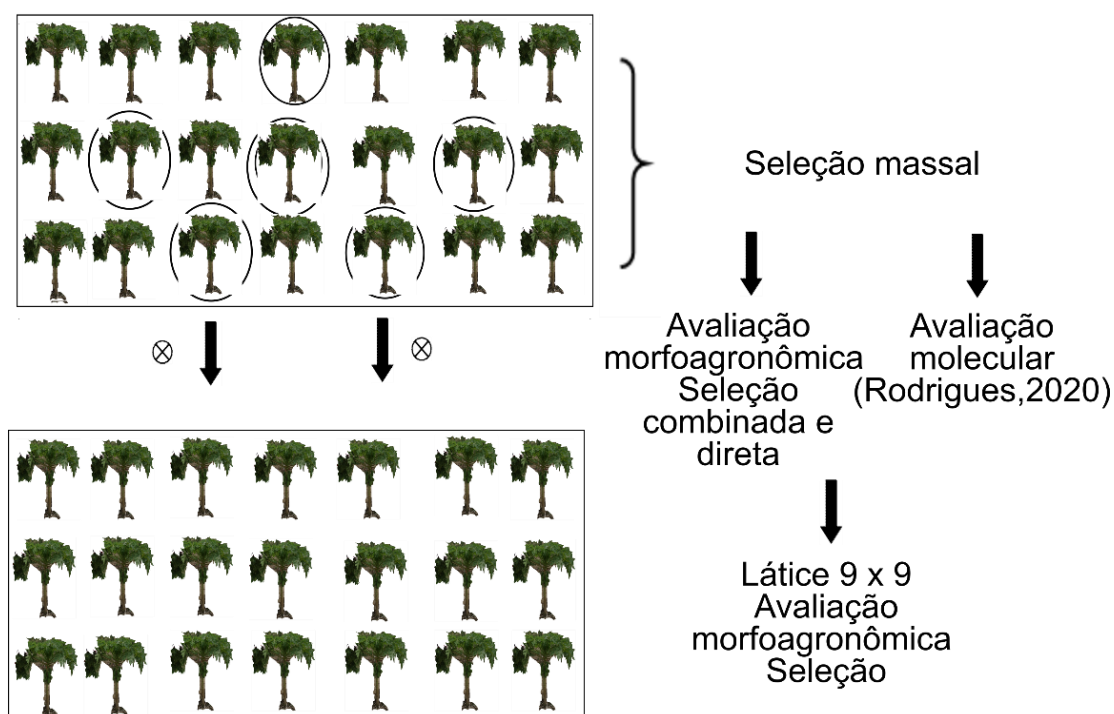


Figura 1. Fluxograma das etapas realizadas para purificação de linhagens parentais de importantes híbridos em mamoeiro (Linhares, ES, 2021).

3.2.3.2 Características avaliadas

3.2.3.2.1 Mensuração das características morfoagronômicas via fenotipagem digital

As características avaliadas foram altura da planta – AP, expressa em cm, mensurada da base do solo até a inserção do último par de folhas, utilizando a ferramenta *straight* do software ImageJ; altura de inserção do primeiro fruto – AIPF, expressa em cm, mensurada da base do solo até a inserção do primeiro fruto no caule na planta, utilizando a ferramenta *straight*; diâmetro do caule – DC, expresso em cm, mensurado a 20 cm da base do solo, mensurado com a ferramenta *straight*; número de frutos deformados – NFD, obtido pela contagem do número de frutos com deformações, contagem feita de forma semi-automática utilizando o plugin *cell counter* do software imageJ; número de nós sem frutos – NSF, obtido pela contagem dos nós sem frutos, via plugin *cell counter*; número de frutos comerciais – NFC, obtido pela contagem de frutos com características comerciais, via plugin *cell counter*; e produtividade – PROD, expressa em kg planta⁻¹.

¹, obtida pela multiplicação do NFC pelo peso médio de fruto. Para proceder à identificação durante a análise e o processamento de imagens foi colocada uma plaqueta de plástico modelo E-30 próximo do caule de cada planta contendo as informações bloco, nome do genótipo e planta. Para identificar o último fruto avaliado no cacho em cada avaliação, as plantas foram marcadas com uma lã de cor vermelha. Uma escala de medida conhecida foi colocada no solo, próximo ao caule das plantas avaliadas, para posterior calibração das imagens, que foram processadas e analisadas empregando o software ImageJ v1.50c.

3.2.3.2.2 Avaliação de características físico-químicas

Em cada avaliação, foram colhidos os frutos que apresentaram o mesmo estágio de maturação (Ripening Stages on-tree - RST1), quando o fruto atinge seu máximo desenvolvimento físico e pode ser colhido (Barragán-Iglesias et al., 2018).

O peso médio de fruto – PMF foi obtido pela pesagem dos frutos em balança digital, marca Toledo, modelo 9094. Após a pesagem, foi mensurada a firmeza do fruto - FF, expressa em N, obtida por um penetrômetro digital modelo Itália TR a partir de uma amostra de três perfurações por fruto. Em seguida, cada fruto foi cortado ao meio ao longo do seu eixo longitudinal. Posteriormente, metade do fruto foi escaneado usando um Scanner de bancada modelo óptico Pro A320 acoplado a um notebook de uso pessoal, a fim de obter as imagens e executar avaliação das seguintes características morfológicas: comprimento do fruto – CF, expresso em cm, obtido pela mensuração do comprimento do fruto, através da segmentação da imagem e uso da ferramenta *wand* do software ImageJ; diâmetro do fruto DF, expresso em cm, obtido pela mensuração do diâmetro de cada fruto via ferramenta *wand*; comprimento da cavidade ovariana – CCO, expresso em cm, obtido pela mensuração da cavidade ovariana utilizando a ferramenta *straight*; diâmetro da cavidade ovariana – DCO, expresso em cm, obtido pela mensuração do diâmetro da cavidade ovariana, via ferramenta *straight* e espessura da polpa – EP, expressa em cm, obtida pela mensuração da espessura da polpa em cada fruto, utilizando a ferramenta *straight*, utilizando a metodologia de análise e processamento de imagens digitais descrita e validada por Santa-Catarina et al. (2018), utilizando o software ImageJ v1.50c. A porcentagem de volume de polpa -

%VP, expressa em porcentagem, foi obtida pela diferença entre o volume do fruto e o volume da cavidade ovariana, calculados pelas seguintes equações:

$$V_F = \frac{\pi(C_F \times D_F^2)}{6} \quad (1)$$

$$V_{CO} = \frac{\pi(C_{CO} \times D_{CO}^2)}{6} \quad (2)$$

$$V_P = V_F - V_{CO} \quad (3)$$

$$\%V_P = \frac{V_P \times 100}{V_F} \quad (4)$$

Em que: V_F , V_{CO} e V_P são os volumes estimados do fruto, da cavidade ovariana e da polpa, respectivamente; C_F e C_{CO} são o comprimento do fruto e o comprimento da cavidade ovariana; e D_F e D_{CO} são o diâmetro do fruto e o diâmetro da cavidade ovariana.

A outra metade da fruta foi empregada para medir a firmeza da polpa - FP, expressa em N, mensurada por um penetrômetro digital modelo Itália TR, obtida por uma amostra de três perfurações por fruto. O teor de sólidos solúveis – TSS, expresso em °Brix, foi obtido com o auxílio de um refratômetro digital portátil, modelo Mettler toledo Refracto 30PX.

3.2.3.3 Análises estatísticas

3.2.3.3.1 Componentes de variância e parâmetros genéticos

De acordo com modelo descrito em Viana e Resende (2014), a análise de deviance foi obtida da seguinte forma:

$$D = -2\ln(L) \quad (5)$$

$$\ln(L) = -1/2\ln|X'V - 1X| - 1/2\ln|V| - 1/2(y - Xm)'V - 1(y - Xm) \quad (6)$$

Em que $\ln(L)$ é o ponto máximo da função de logaritmo de máxima verossimilhança restrita (REML); y é o vetor da variável analisada; m é o vetor dos efeitos das observações, assumido fixo; X é a matriz de incidência dos efeitos fixos; e V é a matriz de variância-covariância de y .

O teste estatístico LRT (teste de razão de verossimilhança) foi utilizado para testar o significado dos efeitos, da seguinte forma:

$$LRT = | - 2 \ln(L_{se}) + 2 \ln (L_{fm}) | \quad (7)$$

Em que L_{se} é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo reduzido (sem os efeitos) e L_{fm} é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo completo.

As progênies foram avaliadas utilizando a metodologia do modelo linear misto pelo procedimento REML (máxima verossimilhança restrita) para estimar os componentes de variância e os parâmetros genéticos, tendo sido o procedimento BLUP (melhor predição linear não viciada) utilizado para predição dos valores genotípicos. Os dados agronômicos obtidos foram analisados, utilizando o Selegen (Resende, 2016), o modelo estatístico equivale a:

$$y = X_r + Z_g + W_p + T_b + \varepsilon \quad (8)$$

Em que:

y é o vetor de dados;

r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios);

b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios); e

ε é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas X, Z, W, T representam as matrizes de incidência para os efeitos r, g, p e b, respectivamente as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

As análises foram feitas utilizando o software Selegen-REML/Blup de acordo com o modelo 7 (Resende, 2016). Foram estimados os seguintes componentes de variância (REML individual):

V_g : variância genotípica;

V_{parc} : variância ambiental entre parcelas;

V_{bloc} : variância ambiental entre blocos;

V_e : variância residual;

V_f : variância fenotípica individual;

$h^2g = h^2$: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais;

$c^2_{\text{parc}} = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

$c^2_{\text{bloc}} = c^2_1$: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

$CV_{g\%}$: coeficiente de variação genotípica;

$CV_{e\%}$: coeficiente de variação residual;

h^2_{mc} : herdabilidade ajustada da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa; e

Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa.

Média geral do experimento.

3.2.3.3.2 Seleção combinada

Para seleção dos genótipos, foram consideradas simultaneamente quinze características através do índice de seleção combinada (ISC). Esse índice foi proposto por Silva et al., (2008) e retificado por Ramos et al., (2014) e pode ser estimado pela seguinte equação:

$$ISC = (VFt_1 \times p_1) + (VFt_2 \times p_2) + \dots + (VFt_i \times p_i) \quad (9)$$

Em que:

VFt são as médias fenotípicas padronizados da característica i , (obtido utilizando a seguinte equação: $(Xg - \dot{X}g) / SXg$;

Xg é o valor mensurado no indivíduo para a característica x ;

$\dot{X}g$ é a média geral da característica e SXg é o desvio padrão); e

p é o peso agrônômico estabelecido para cada característica i , e pode ser positivo ou negativo de acordo com a direção da seleção.

Os pesos agrônômicos estabelecidos por tentativa com base no conhecimento dos melhoristas do programa de melhoramento do mamoeiro UENF/CALIMAN e na importância agrônômica das características avaliadas e no objetivo do trabalho foram: AP (1), AIPF (-10), DC (5), NFC (100), NFD (-20), NSF (-20), PMF (200 (JS12-G e SS-72/12) e -200 (Sekati e JS12-P)), PROD (100), FF

(100), FP (100), TSS (100), CF (1), DF (1), EP (70) e %VP (50). Pesos negativos (-200) e positivos (200) foram atribuídos à característica PMF a fim de identificar possíveis variações dos respectivos genitores com tamanhos diferentes de frutos. Para os cálculos do ISC, foi utilizado o Microsoft Office Excel (2019). A seleção combinada foi feita com base no valor genotípico das progênies, na sequência, o índice de seleção também foi utilizado para seleção das melhores linhagens dentro das melhores progênies.

Após a seleção dos genótipos, foi calculado o diferencial de seleção de acordo com a seguinte equação:

$$D_s = X_s - X_o \quad (10)$$

Em que D_s é o diferencial de seleção; X_s é a média dos indivíduos selecionados; e X_o é a média dos genótipos.

O ganho por seleção foi estimado pela seguinte equação:

$$G_s = h^2 \times D_s$$

Em que G_s é o ganho com a seleção e é a h^2 herdabilidade.

3.2.4 RESULTADOS

3.2.4.1 Análise de Deviance, Componentes de variância e parâmetros genéticos

A análise de deviance, Tabela 1, mostrou efeito significativo de genótipos a 1% de probabilidade para altura da planta, altura da inserção do primeiro fruto, diâmetro do caule, número de frutos comerciais, número de frutos deformados, nós sem fruto, peso médio dos frutos, firmeza do fruto, firmeza da polpa, conteúdo de sólidos solúveis, comprimento do fruto, diâmetro do fruto, espessura da polpa e porcentagem de volume de polpa. Já para produtividade, observa-se uma significância de 5% de probabilidade.

Tabela 1. Análise de Deviance (ANADEV) para 15 características morfoagronômicas avaliadas em 81 progênies de mamoeiro (Linhares, ES, 2021).

	AP		AIPF		DC	
Efeito	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)
Genótipo	827,56 ⁺	65,14 ^{**}	2641,81 ⁺	11,44 ^{**}	619,20 ⁺	8,04 ^{**}
Parcela	2772,99 ⁺	10,57 ^{**}	2631,82 ⁺	1,45 ^{ns}	613,29 ⁺	2,13 ^{ns}
Modelo completo	2762,42		2630,37		611,16	
	NFC		NFD		NSF	
Efeito	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)
Genótipo	2216,60 ⁺	68,41 ^{**}	1484,76 ⁺	7,69 ^{**}	2055,90 ⁺	75,97 ^{**}
Parcela	2148,38 ⁺	0,19 ^{ns}	1478,86 ⁺	1,79 ^{ns}	1981,72 ⁺	1,79 ^{ns}
Modelo completo	2148,19		1477,07		1979,93	
	PMF		FF		FP	
Efeito	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)
Genótipo	4785,26 ⁺	93,51 ^{**}	2061,57 ⁺	12,83 ^{**}	1824,10 ⁺	7,02 ^{**}
Parcela	4698,18 ⁺	6,43 [*]	2050,87 ⁺	2,13 ^{ns}	1825,00 ⁺	7,92 ^{**}
Modelo completo	4691,75		2048,74		1817,08	
	EP		CF		DF	
Efeito	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)
Genótipo	-414,96 ⁺	120,83 ^{**}	1224,64 ⁺	191,80 ^{**}	389,00 ⁺	80,28 ^{**}
Parcela	-533,23 ⁺	2,56 ^{ns}	1045,55 ⁺	12,71 ^{**}	312,26 ⁺	3,54 ^{ns}
Modelo completo	-535,79		1032,84		308,72	
	TSS		%VP		PROD	
Efeito	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)	Deviance	LRT (χ^2)
Genótipo	648,34 ⁺	19,80 ^{**}	1652,54 ⁺	54,18 ^{**}	2003,90 ⁺	4,10 [*]
Parcela	628,57 ⁺	0,03 ^{ns}	1598,36 ⁺	0,00 ^{ns}	2002,90 ⁺	3,10 ^{ns}
Modelo completo	628,54		1598,36		1999,80	

AP: altura da planta (cm); AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); DC: diâmetro do caule (cm); NFC número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem fruto; PMF: peso médio dos frutos (g); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); EP: espessura da polpa (cm); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); TSS: conteúdo de sólidos solúveis (°Brix); %VP: porcentagem de volume de polpa (%); PROD: produtividade (kg planta⁻¹). LRT (χ^2): teste de razão de verossimilhança. ^{ns} Não significativo; Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente. ⁺ Deviance do modelo ajustado sem o referido efeito.

Esses resultados revelam a possibilidade de seleção entre as linhagens para todos os caracteres. Houve diferença significativa de 1% de probabilidade para efeito de parcela, para as características altura de planta, firmeza da polpa, comprimento do fruto, e a 5% de probabilidade para peso médio dos frutos, indicando variabilidade genética dentro da parcela.

Os resultados de componentes de variância e parâmetros genéticos para as 15 características avaliadas em 81 de indivíduos de um teste de progênies em mamoeiro são apresentados na Tabela 2.

Os valores obtidos para variância genotípica (V_g) revelam existência de uma ampla variabilidade genética entre os genótipos, sendo maior para PMF. Constata-se presença de considerável variabilidade genética para as características NFC, NFD, NSF, PMF, CF, conforme pode ser visto pela magnitude do coeficiente de variação genética individual ($CV_{gi}\%$), que equivalente a 37,28 % para PMF e 45,91% para NFC. O $CV_e\%$, variou de 2,58 % ($\%VP$) a 34,22 % (NFD). O maior coeficiente de variação experimental ($CV_e\%$) foi relacionado ao número de frutos deformados (34,22 %), seguido pela produtividade (30,73 %) e pelo número de frutos comerciais (21,52%), enquanto o menor $CV_e\%$ foi observado para porcentagem de volume de polpa (2,58 %) (Tabela 2). O coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_{parc}) foi de baixa magnitude, revelando que o delineamento experimental empregado foi eficiente.

Em relação às estimativas de h^2_{mc} , os valores variaram de 0,46 para PROD a 0,98 para CF e foram superiores às estimativas de h^2 para todas as características avaliadas. Os valores de acurácia Ac_{clon} variaram de 0,68 a 0,99 (Tabela 2).

3.2.4.2 Seleção combinada

Em razão da variabilidade genética existente, foi possível selecionar entre e dentro das progênies dos genitores JS-12 e Sekati. A seleção combinada foi feita com base nos valores genotípicos das progênies, Tabela 3, e na planta para identificação das melhores linhagens dentro das progênies.

Foram selecionadas cinco progênies por genitor - JS12-P, JS12-G, Sekati e SS-72/12 - totalizando 20 progênies apresentadas na Tabela 3. Utilizando o índice de seleção combinada (ISC), foram selecionados, dentro dessas progênies, cinco indivíduos com frutos maiores para o genótipo JS12-G, Tabela 4, e SS-72/12, Tabela 7, cinco indivíduos com frutos menores para os genótipos Sekati, Tabela 5, e JS12-P (Tabela 6).

Os indivíduos selecionados para o genótipo JS12-G, Tabela 4, proporcionaram ganho genético variando de 325,57 a 660,72 g para PMF. Nos indivíduos selecionados para o genótipo JS12-P, Tabela 5, foram observadas uma redução de 107,78 a 549,02 g para PMF e uma redução de 172,48 a 392,15 g nos indivíduos selecionados para o genótipo Sekati (Tabela 6).

Tabela 2. Componentes de variância e parâmetros genéticos para as 15 características avaliadas em 81 genótipos de um teste de progênies em mamoeiro, Linhares - ES.

Parâmetros	AP	AIPF	DC	NFC	NFD	NSF	PMF	FF
V _g	550,91	83,98	0,29	89,62	2,94	64,55	131702,13	17,78
V _{parc}	114,71	34,25	0,19	3,16	1,79	5,29	14664,83	7,62
V _{bloc}	2,32	16,16	0,04	7,57	0,71	4,21	2244,60	0,71
V _e	282,24	287,93	1,41	66,14	13,86	39,42	44376,79	62,81
V _f	950,18	422,32	1,92	166,49	19,30	113,47	192988,35	88,92
h ² _g	0,58 +- 0,11	0,20 +- 0,06	0,15 +- 0,06	0,5 +- 0,11	0,15 +- 0,06	0,57 +- 0,11	0,68 +- 0,12	0,20 +- 0,06
c ² _{parc}	0,12	0,08	0,10	0,02	0,09	0,05	0,08	0,09
c ² _{bloc}	0,00	0,04	0,02	0,05	0,04	0,04	0,01	0,01
CV _{gi%}	13,68	11,48	5,79	45,91	25,58	26,88	37,28	3,28
CV _{e%}	7,93	12,91	7,86	21,52	34,22	13,02	16,49	3,76
h ² _{mc}	0,90	0,70	0,62	0,93	0,63	0,93	0,94	0,70
A _{cclon}	0,95	0,84	0,79	0,97	0,79	0,96	0,97	0,83
Média geral	171,63	79,81	9,36	20,62	6,70	29,89	973,58	128,43

AP: altura da planta (cm); AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); DC: diâmetro do caule (cm); NFC número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem fruto; PMF: peso médio dos frutos (g); FF: firmeza do fruto (N); V_g: variância genotípica. V_{parc}: variância ambiental entre parcelas. V_{bloc}: variância ambiental entre blocos. V_e: variância residual. V_f: variância fenotípica individual. h²_g = h²: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais. c²_{parc} = c²: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela. c²_{bloc} = c²₁: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco. CV_{gi%}: coeficiente de variação genotípica. CV_{e%}: coeficiente de variação residual. h²_{mc}: herdabilidade ajustada da média de genótipo. A_{cclon}: acurácia da seleção de genótipos. Média geral do experimento.

Tabela 2.- Cont

Parâmetros	FP	EP	CF	DF	TSS	%VP	PROD
V _g	8,30	0,15	21,97	0,95	0,56	16,18	6,77
V _{parc}	9,20	0,01	1,06	0,09	0,02	0,22	9,34
V _{bloc}	2,91	0,00	0,04	0,03	0,10	1,22	0,35
V _e	30,11	0,04	2,00	0,43	1,46	16,79	57,88
V _f	50,51	0,20	25,06	1,51	2,15	34,41	74,33
h ² _g	0,16 +- 0,06	0,72 +- 0,12	0,88 +- 0,13	0,63 +- 0,11	0,26 +- 0,07	0,47 +- 0,10	0,09+- 0,04
c ² _{parc}	0,18	0,04	0,04	0,06	0,01	0,01	0,13
c ² _{bloc}	0,06	0,01	0,00	0,02	0,05	0,04	0,00
CV _{gi%}	3,22	15,13	24,34	10,86	8,18	4,94	16,38
CV _{e%}	4,57	5,38	6,48	5,02	6,78	2,58	30,73
h ² _{mc}	0,60	0,96	0,98	0,93	0,81	0,92	0,46
A _{cclon}	0,77	0,98	0,99	0,97	0,90	0,96	0,68
Média geral	89,47	2,53	19,25	8,98	9,18	81,39	15,88

FP: firmeza da polpa (N); EP: espessura da polpa (cm); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); TSS: conteúdo de sólidos solúveis (°Brix); %VP: porcentagem de volume de polpa (%); PROD: produtividade (kg planta-1). V_g: variância genotípica. V_{parc}: variância ambiental entre parcelas. V_{bloc}: variância ambiental entre blocos. V_e: variância residual. V_f: variância fenotípica individual. h²_g = h²: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais. c²_{parc} = c²: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela. c²_{bloc} = c²₁: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco. CV_{gi%}: coeficiente de variação genotípica. CV_{e%}: coeficiente de variação residual. h²_{mc}: herdabilidade ajustada da média de genótipo. A_{cclon}: acurácia da seleção de genótipos. Média geral do experimento.

Tabela 3. Valores genotípicos (u+g) para 15 características nas linhagens selecionadas no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC para os genitores JS12-G, JS12-P, Sekati e SS-72/12.

Progênie	u+g														
	AP	AIPF	DC	NFC	NFD	NSF	PMF	FF	FP	EP	CF	DF	TSS	%VP	PROD
JG14	184,92	71,96	9,47	19	7	38	1567,62	130,98	90,04	2,93	26,49	10,65	9,51	83,18	18,10
JG53	159,14	74,73	9,29	16	5	34	1460,47	133,68	90,66	2,93	22,56	10,16	9,28	81,56	17,19
JG25	186,27	77,70	9,52	23	6	26	1354,66	130,49	90,77	2,99	24,90	9,76	8,29	85,98	18,32
JG05	172,37	73,61	9,27	20	6	33	1514,22	131,48	90,74	2,54	22,70	9,01	8,81	83,22	17,78
JG04	182,67	81,53	9,14	14	6	37	1495,53	128,32	91,75	2,89	26,90	9,91	8,79	84,75	16,66
JP41	187,85	80,92	9,39	30	8	25	915,42	131,92	91,69	2,33	19,39	9,10	8,80	78,68	19,07
JP76	172,50	82,70	8,88	17	6	37	1214,79	129,84	91,32	2,73	22,58	9,66	9,65	81,54	16,38
JP70	173,60	79,85	9,45	18	7	32	1002,06	133,40	89,81	2,43	19,35	9,04	9,57	78,74	16,42
JP44	178,06	89,52	9,11	13	6	30	1126,13	131,73	94,02	2,68	25,56	9,38	8,25	86,29	15,13
JP48	169,01	73,73	9,59	17	6	39	1372,87	131,98	90,99	2,90	23,33	10,38	8,98	81,15	17,38
S27	152,65	75,12	9,28	18	6	28	984,05	126,14	88,02	2,63	17,46	9,72	9,13	80,42	16,30
S07	123,94	68,51	9,26	18	6	29	859,16	126,44	89,57	2,56	18,12	8,99	9,36	84,85	15,22
S47	136,28	73,82	9,02	12	6	34	913,93	130,13	89,72	2,85	17,66	9,05	9,39	86,61	14,07
S83	133,87	72,78	8,83	14	5	29	1010,68	127,84	89,08	2,96	19,25	9,46	9,42	86,33	14,75
S49	127,70	72,22	9,15	15	5	30	1177,88	128,03	87,74	3,00	19,74	9,73	9,26	85,10	16,02
SS43	196,69	86,01	10,01	43	10	17	474,54	125,75	88,95	2,08	14,60	7,90	9,63	78,30	17,30
SS54	197,65	84,94	9,74	38	9	17	473,08	127,29	90,64	1,92	11,91	7,36	9,86	74,60	16,08
SS50	192,24	84,04	9,33	29	6	23	507,21	127,50	91,21	2,21	12,99	7,71	9,24	78,23	15,31
SS05	179,11	77,77	9,97	31	8	18	549,46	125,45	88,26	2,07	12,44	8,04	10,05	79,29	15,95
SS12	200,41	91,26	9,61	39	8	20	368,46	126,23	88,43	2,04	12,57	7,15	9,79	84,43	15,40

AP: altura da planta (cm); AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); DC: diâmetro do caule (cm); NFC número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem fruto; PMF: peso médio dos frutos (g); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); EP: espessura da polpa (cm); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); TSS: conteúdo de sólidos solúveis (°Brix); %VP: porcentagem de volume de polpa (%); PROD: produtividade (kg planta⁻¹).

Tabela 4. Médias fenotípicas das duas épocas de avaliação para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC para o genitor JS12-G.

Progênie selecionada	Planta	Repetição	Bloco	PMF			NFC			FF		
				Média	ds	Gs	Média	ds	Gs	Média	ds	Gs
JG14	3	I	1	1914,00	703,80	660,72	17	3	3	139,72	7,65	5,33
JG25	2	II	16	1557,00	346,80	325,57	28	14	13	131,61	-0,46	-0,32
JG53	3	II	7	1828,00	617,80	579,99	24	10	9	136,10	4,04	2,81
JG05	3	II	13	1746,00	535,80	503,01	22	8	7	141,13	9,07	6,31
JG04	1	I	1	1756,00	545,80	512,39	20	6	5	126,63	-5,43	-3,78
MP JS12G				1210,20			14			132,06		
Progênie selecionada	Planta	Repetição	Bloco	Média	FP		TSS			PROD		
					ds	Gs	Média	ds	Gs	Média	ds	Gs
JG14	3	I	1	95,92	4,03	2,41	11,10	2,14	1,74	32,54	15,04	6,92
JG25	2	II	16	89,59	-2,30	-1,37	6,45	-2,52	-2,05	43,60	26,10	12,01
JG53	3	II	7	92,63	0,75	0,45	7,70	-1,27	-1,03	43,87	26,37	12,14
JG05	3	II	13	95,17	3,28	1,96	7,60	-1,37	-1,11	38,41	20,91	9,62
JG04	1	I	1	94,12	2,23	1,33	7,80	-1,17	-0,95	35,12	17,62	8,11
MP JS12G				91,89			8,97			17,50		

PMF: peso médio dos frutos (g); NFC número de frutos comerciais; FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: conteúdo de sólidos solúveis ($^{\circ}$ Brix); PROD: produtividade (kg planta^{-1}). MP JS12G: média de todas as progênies do genótipo JS12-G.

Tabela 5. Médias fenotípicas das duas épocas de avaliação para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC para o genitor JS12-P.

Progênie selecionada	Planta	Repetição	Bloco	PMF			NFC			FF		
				Média	ds	Gs	Média	ds	Gs	Média	ds	Gs
JP41	1	I	1	1050,00	-114,81	-107,78	33,00	17,67	16,46	139,47	7,27	5,06
JP76	1	II	17	1032,00	-132,81	-124,68	34,00	19,00	17,70	140,47	8,27	5,75
JP70	1	II	10	580,00	-584,81	-549,02	14,00	-1,33	-1,24	139,27	7,07	4,92
JP44	2	I	6	794,00	-370,81	-348,11	13,00	-2,33	-2,17	137,17	4,97	3,46
JP48	1	I	6	930,00	-234,81	-220,44	17,00	1,67	1,56	133,58	1,38	0,96
MP JS12P				1164,81			15			132,20		
Progênie selecionada	Planta	Repetição	Bloco	FP			TSS			PROD		
				Média	ds	Gs	Média	ds	Gs	Média	ds	Gs
JP41	1	I	1	94,57	1,22	0,73	7,90	-0,60	-0,49	34,65	17,17	7,90
JP76	1	II	17	94,48	1,13	0,68	8,50	0,00	0,00	17,54	0,06	0,03
JP70	1	II	10	95,00	1,65	0,99	12,60	4,10	3,34	8,12	-9,36	-4,31
JP44	2	I	6	91,87	-1,48	-0,89	8,30	-0,20	-0,16	10,32	-7,16	-3,29
JP48	1	I	6	99,42	6,07	3,63	8,00	-0,50	-0,41	15,81	-1,67	-0,77
MP JS12P				93,35			8,5			17,48		

PMF: peso médio dos frutos (g); NFC número de frutos comerciais; FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: conteúdo de sólidos solúveis ($^{\circ}$ Brix); PROD: produtividade (kg planta^{-1}). MP JS12P: média de todas as progênies do genótipo JS12-P.

Tabela 6. Médias fenotípicas das duas épocas de avaliação para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC para o genitor Sekati.

Progênie selecionada	Planta	Repetição	Bloco	PMF			NFC			FF		
				Média	ds	Gs	Média	ds	Gs	Média	ds	Gs
S07	3	I	1	740,00	-335,72	-315,17	20,00	5,74	5,35	125,65	-0,78	-0,54
S27	2	II	18	852,00	-223,72	-210,03	25,00	10,74	10,01	125,35	-1,08	-0,75
S47	3	I	9	860,00	-215,72	-202,52	14,00	-0,26	-0,24	140,48	14,05	9,78
S83	3	III	27	892,00	-183,72	-172,48	7,00	-7,26	-6,76	128,45	2,02	1,40
S49	3	I	5	658,00	-417,72	-392,15	18,00	3,74	3,49	127,88	1,45	1,01
MP Sekati				1075,72			14			126,43		
Progênie selecionada	Planta	Repetição	Bloco	FP			TSS			PROD		
				Média	ds	Gs	Média	ds	Gs	Média	ds	Gs
S07	3	I	1	96,67	9,27	5,54	9,90	0,84	0,68	14,80	-0,60	-0,28
S27	2	II	18	87,40	0,00	0,00	9,90	-9,06	-7,38	21,30	5,90	2,71
S47	3	I	9	82,08	-5,32	-3,18	9,60	0,54	0,44	12,04	-3,36	-1,55
S83	3	III	27	92,80	5,40	3,23	11,00	1,94	1,57	6,24	-9,16	-4,22
S49	3	I	5	91,25	3,85	2,30	9,70	0,64	0,52	11,84	-3,56	-1,64
MP Sekati				87,40			9,06			15,40		

PMF: peso médio dos frutos (g); NFC número de frutos comerciais; FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: conteúdo de sólidos solúveis ($^{\circ}$ Brix); PROD: produtividade (kg planta^{-1}). MP Sekati: média de todas as progênies do genótipo Sekati.

Tabela 7. Médias fenotípicas das duas épocas de avaliação para 15 características nos genótipos selecionados no programa de melhoramento do mamoeiro de acordo com o ISC para o genitor SS-72/12.

Progênie selecionada	Planta	Repetição	Bloco	PMF			NFC			FF		
				Média	ds	Gs	Média	ds	Gs	Média	ds	Gs
SS43	1	I	3	516,00	122,18	116,44	81,00	45,38	42,47	127,80	6,92	5,36
SS54	2	II	16	438,00	44,18	42,10	51,00	15,38	14,39	124,85	3,97	3,08
SS50	2	I	4	444,00	50,18	47,82	60,00	24,38	22,82	124,87	3,98	3,09
SS05	2	I	3	538,00	144,18	137,41	41,00	5,38	5,03	124,95	4,07	3,15
SS12	3	I	8	412,00	18,18	17,33	43,00	7,38	6,91	128,80	7,92	6,14
MP SS-72/12				393,82			35,62			120,88		
Progênie selecionada	Planta	Repetição	Bloco	FP			TSS			PROD		
				Média	ds	Gs	Média	ds	Gs	Média	ds	Gs
SS43	1	I	3	93,83	8,86	5,75	11,40	1,33	1,07	41,80	27,52	12,54
SS54	2	II	16	89,15	4,18	2,71	11,40	1,33	1,07	22,34	22,34	10,18
SS50	2	I	4	95,43	10,46	6,78	8,30	-1,77	-1,43	26,64	26,64	12,14
SS05	2	I	3	92,00	7,03	4,56	11,00	0,93	0,75	22,06	22,06	10,06
SS12	3	I	8	96,87	11,90	7,72	12,10	2,03	1,64	17,72	17,72	8,08
MP SS-72/12				84,97			10,07			14,28		

PMF: peso médio dos frutos (g); NFC número de frutos comerciais; FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: conteúdo de sólidos solúveis (°Brix); PROD: produtividade (kg planta⁻¹). MP Sekati: média de todas as progênies do genótipo SS-72/12.

3.2.5 DISCUSSÃO

3.2.5.1 Análise de Deviance, componentes de variância e parâmetros genéticos

A significância dos efeitos foi avaliada pela análise de Deviance, tendo sido observada significância para genótipos para todas as características. Para a característica PMF, foi observada significância tanto para genótipos, quanto para parcelas, indicando que a seleção pode ser empregada entre e dentro das linhagens.

Os valores obtidos para V_g revelam a existência de uma ampla variabilidade genética entre os genótipos, principalmente para PMF, indicando a possibilidade de sucesso na seleção de genótipos potenciais para ajuste de tamanho dos híbridos,

O coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_{parc}) foi de baixa magnitude, revelando que o delineamento experimental empregado foi ótimo, pois reduziu a heterogeneidade ambiental dentro de parcelas. O c^2 mede a variabilidade dentro de blocos, podendo ser classificado como baixo ($c^2 < 0,10$) e alto ($c^2 > 0,10$) e as baixas magnitudes de c^2 indicam que pequenas variações ambientais permaneceram dentro das parcelas durante a execução do estudo e também que o delineamento experimental adotado foi eficiente (Cortes et al., 2019).

As magnitudes elevadas de CV_g para características de relevância no melhoramento genético do mamoeiro, como NFD, NSF, PMF e NFC, indicam que é possível selecionar progênies produtivas com baixo número de frutos deformados e baixo número de nós sem fruto. As magnitudes de herdabilidades individuais foram menores do que aquelas baseadas na média das progênies, significando que existe variância genética tanto entre progênies quanto dentro de progênies, indicando que pode ser empregada a seleção entre as progênies e dentro delas.

Em relação às magnitudes do coeficiente de variação genética (CV_g), o qual expressa em porcentagem a quantidade de variação genética existente, foram observadas magnitudes variando de 3,22% a 45,91%. As maiores magnitudes foram observadas para as características NFC, NFD, NSF, PMF e CF. Segundo Cortes et al. (2019), magnitudes elevadas para características de relevância no melhoramento genético do mamoeiro, como NFC, PROD e NFD, indicam que é

possível selecionar progênies altamente produtivas com baixo número de frutos deformados.

De acordo com trabalho desenvolvido por Ferreira et al. (2016), em que foram comparadas diferentes classificações de coeficientes de variação para a cultura do mamoeiro, a classificação mais indicada é a descrita por Costa et al. (2002). Segundo essa classificação, os valores encontrados para as características AP (7,93%), FP (4,57%) são considerados baixos e os valores para AIPF (12,91%) e DC (7,86%) são considerados medianos, indicando boa precisão experimental. Ramos et al. (2014), Cortes et al. (2018) e Vettorazzi (2020) também encontraram valores abaixo de 20% para AP, AIPF e DC. Os coeficientes de variação experimental (CVe%) foram altos para as características número de frutos deformados (34,22 %) produtividade (30,73 %) e número de frutos comerciais (21,52%) (Tabela 2). Porém coeficientes dessas magnitudes são comuns em experimentos com a cultura (Ramos et al., 2014; Luz et al., 2015; Barros et al., 2017; Cortes et al., 2019; Vettorazzi 2020). As magnitudes altas de coeficiente de variação experimental, observadas no presente estudo, indicam baixa precisão experimental, mas podem estar associadas à ampla variação que estas características apresentam entre as progênies.

No presente estudo, as estimativas de h^2_{mc} variaram de 0,45 para PROD a 0,98 para CF. Segundo Resende (1995), a magnitude da herdabilidade pode ser classificada como baixa ($0,01 h^2 \leq 0,15$), mediana ($0,15 \leq h^2 \leq 0,50$) e alta ($h^2 > 0,50$). As estimativas de h^2_{mc} foram superiores às estimativas de h^2 para todos os caracteres avaliados, o que mostra um possível potencial para seleção dentro e entre progênies, com boas perspectivas de avanço genético. Elevadas magnitudes revelam existência de expressiva variabilidade genética e pouca influência do ambiente na expressão destas características e uma situação altamente favorável à seleção entre progênies (Cortes et al., 2019).

A qualidade da avaliação genotípica deve ser inferida pelo parâmetro conhecido como acurácia, parâmetro que expressa a correlação entre o valor genotípico real dos genótipos e aquele predito a partir das informações obtidas dos experimentos de campo, sendo mais alto quanto menores forem os desvios absolutos entre esses valores (Resende, 2007). Os valores de acurácia apresentaram magnitudes elevadas entre 0,67 e 0,98 (Tabela 1). Segundo Resende (2007), o ideal é que os valores de acurácia sejam superiores a 0,5, pois

altas acurácias indicam que a precisão da seleção praticada nas progêneses será alta. Viana (2014) ressalta que, nas etapas iniciais e intermediárias do melhoramento, são desejáveis acurácias da ordem de 70 % ou mais.

3.2.5.2 Seleção combinada

Por meio da análise molecular, foi detectada maior variabilidade genética intragenotípica para a linhagem Sekati, seguida da linhagem JS-12 G e JS-12 P, ambas pertencentes ao grupo heterótico Formosa (Rodrigues, 2021). Esse fato pode estar associado a uma taxa de alogamia observada no grupo Formosa (Damasceno Junior et al., 2009b), uma vez que, em cultivares de mamoeiro Formosa, as plantas tendem a ter uma taxa de alogamia acentuada, promovendo recombinações genéticas, preservando, portanto, certa variabilidade genética (Silva et al., 2007a). Nesse contexto, justifica-se a seleção nessas progêneses, visando ao ajuste do tamanho dos híbridos 'Calimosa' e 'UC10'.

Tendo em vista essa variabilidade intragenotípica, foi possível selecionar as melhores progêneses, selecionadas via seleção combinada com base nos valores genotípicos dos genótipos JS-12P, JS12-G e Sekati, Tabela 3, e posteriormente os indivíduos dentro dessas linhagens (Tabelas 4, 5, 6 e 7). Para efeito de seleção pelos componentes de média preditos pelo BLUP, os valores genotípicos ($u + g$) devem ser preferidos pelos pesquisadores no melhoramento de plantas, em vez das médias fenotípicas, pois são estes os verdadeiros valores a serem preditos (Viana e Resende, 2014).

Os indivíduos selecionados para o genótipo JS12-G, Tabela 4, proporcionaram ganho genético variando de 325,57 a 660,72 g para PMF e de 6,92 a 12,14 kg planta⁻¹ para PROD. No entanto, pode ser observado que alguns indivíduos apresentaram ganho negativo para as características FF e FP. Já para TSS, apenas um dos indivíduos selecionados não teve ganho negativo. Isso ocorreu porque foi atribuído maior peso agrônômico à característica PMF, em função do objetivo do presente trabalho, e pode ser explicado pela correlação negativa entre o TSS e o PMF, relatada por Souza et al. (2014), Reis et al. (2015) e Santana et al. (2021). No entanto, a seleção de linhagens purificadas, de maior peso, não prejudicará o desempenho dos híbridos gerados por elas, pois essas

linhagens já são genitoras dos híbridos que apresentam características que atendem ao mercado consumidor, havendo necessidade de ajuste apenas do PMF.

Nos indivíduos selecionados para o genótipo JS12-P, Tabela 5, foram observadas uma redução de 107,78 a 549,02 g para PMF e uma redução de 172,48 a 392,15 g nos indivíduos selecionados para o genótipo Sekati (Tabela 6). Sabe-se que o peso de fruto e o número de frutos comerciais têm efeito direto positivo sobre a produção de frutos (Jana et al., 2005). Embora haja uma ligeira redução na PROD, o diferencial de seleção negativo observado para PMF é desejado, uma vez que o interesse é a seleção de plantas com frutos menores, visando à obtenção do 'UC10' com frutos menores oriundos do cruzamento dessas linhagens. Para o genótipo SS-72/12, Tabela 7, o ganho de seleção variou de 17,33 a 137,41 para PMF.

Vale ressaltar que a seleção combinada, empregada para seleção dos indivíduos que serão utilizados nas próximas etapas, tem se mostrado eficiente na cultura do mamoeiro. Santa-Catarina et al. (2020a), Pinto et al. (2013), Ramos et al. (2014) e Silva et al. (2008) obtiveram resultados favoráveis aplicando seleção combinada na seleção de genótipos promissores no melhoramento de mamoeiro.

A purificação genética tem sido uma estratégia usada para minimizar os efeitos negativos da mistura de cultivares, incluindo perda de identidade genética e desuniformidade do cultivo e da produção, o que dificulta o manejo da lavoura e comercialização do produto, comprometendo a competitividade do negócio (Rocha et al., 2008). A seleção de plantas individuais com teste de progênie tem sido uma estratégia utilizada para recuperar a originalidade da cultivar de feijão - caupi, como foi o caso da cultivar BR3 Tracuateua (Freire Filho et al., 2005).

A seleção praticada inicialmente nas linhagens JS-12, Sekati e SS-72/12 foi feita no campo de produção de sementes, com ausência de delineamento (Capítulo 1). Com a realização do teste de progênes, foi possível maior controle experimental, mitigando as possibilidades de a seleção ser influenciada pelo ambiente. Além disso, as progênes foram autofecundadas, contribuindo para redução da segregação observada. A segregação entre as linhagens é esperada, uma vez que se trata de genótipos e grupos heteróticos distintos. No entanto, as progênes avaliadas ainda apresentam segregação dentro das linhagens, demonstrando que os locos que governam essa característica não estão fixados

nesses genótipos. Sendo assim, é necessário continuar monitorando a variabilidade dessas linhagens.

Espera-se que com as linhagens selecionadas e a continuidade do programa de melhoramento genético de mamoeiro da UENF sejam obtidos híbridos com diferentes padrões de fruto, visando à obtenção de híbridos 'UC10' menores e de 'Calimosa' maiores.

3.2.6 CONCLUSÕES

Há variabilidade genética nas progênes avaliadas, sendo possível selecionar entre e dentro delas.

Foi possível selecionar cinco linhagens com frutos maiores para o genótipo JS12-G (JG14, JG53, JG25, JG05, JG04) e cinco linhagens com frutos menores para os genótipos Sekati (S27, S07, S47, S83, S49) e JS12-P (JP41, JP76, JP70, JP44, JP48).

As linhagens selecionadas poderão ser utilizadas em cruzamentos para obtenção de híbridos visando ao ajuste no tamanho dos frutos do 'Calimosa' e do 'UC10'.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alvares, C.A., Stape, J.L., Sentelhas, P.C., Gonçalves, J.L.M., Sparovek, G. (2013) Koppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, 22:711-728. <https://doi.org/10.1127/0941-2948/2013/0507>
- Alves, F.L., Pacova, B.E.V., Galveas, P.A.O. (2003) Seleção de plantas matrizes de mamão, grupo Solo, para produção de sementes. *In: Martins, D.S., Costa, A.F.S. (ed.). A cultura do mamoeiro: tecnologias de produção*. Vitória, ES: Incaper, p.105-114.
- AOAC (1990) *Official Methods of Analysis*, 13th ed. Association of Official Analytical Chemists, Washington, DC, USA.
- Arumuganathan, K. e Earle, E.D. (1991) Nuclear DNA content of some important plant species. *Plant Mol. Biol. Rep.* 9:208-218.
- Barragán-Iglesias, J., Méndez-Lagunas, L.L., Rodríguez-Ramírez, J. (2018) Ripeness indexes and physicochemical changes of papaya (*Carica papaya* L. cv. Maradol) during ripening on-tree. *Scientia Horticulturae*, 236:272–278. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2017.12.012>
- Barros, G.B.A., Aredes, F.A.S., Ramos, H.C.C., Catarina, R.S., Pereira, M.G. (2017) Combining ability of recombinant lines of papaya from backcrossing for sexual

- conversion. *Revista Ciência Agronômica*, 48(1):166-174. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170019>
- Borém A., Miranda, G.V., Fritsche-Neto, R. (2017) (7ed.) Melhoramento de plantas. Editora UFV, Viçosa, 543p.
- Cardoso, D.L., Luz, L.N. da, Macêdo, C.M.P. de, Gonçalves, L.S.A., Pereira, M.G. (2014) Heterosis in papaya: inter and intragroup analysis. *Revista Brasileira Fruticultura*, 36(3):610–619. <https://doi.org/10.1590/0100-2945-279/13>
- Carvalho, L.P. de, Barroso, P.A.V., Santos, J.A.T. dos, Alves, H.S. (2005) Seleção massal e porcentagem de fibra em cultivar de algodoeiro colorido. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 40(9):895–898. <https://doi.org/10.1590/s0100-204x2005000900009>
- Cattaneo, L.F. (2001) Avaliação da divergência genética e análise de gerações em mamoeiro (*Carica papaya* L.). Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 94p.
- Chagas, J.T.B., Vivas, M., Moraes, R. de., Francelino, H. de O., Jorge, T.S., Santa-Catarina, R., Amaral Júnior, A.T. do, Daher, R.F., Pereira, M.G. (2021) Prospection of genotypes resistant to black spot in half-sib families of papaya. *Agronomy Journal*, 1-11. <https://doi.org/10.1002/ajj2.20784>
- Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Azevedo, A.O.N., Poltronieri, T.P. de S., Vettorazzi, J.C.F., Moreira, N.F., Ferregueti, G.A., Ramos, H.C.C., Viana, A. P., Pereira, M.G. (2018) Papaya recombinant inbred lines selection by image-based phenotyping. *Scientia Agricola*, 75(3):208-215. <https://doi.org/10.1590/1678-992X-2016-0482>
- Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Barros, G.B. de A., Arêdes, F.A.S., Silveira, S.F. da, Ferregueti, G.A., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2017) Model-assisted phenotyping by digital images in papaya breeding program. *Scientia Agricola*, 74(4):294-302. <https://doi.org/10.1590/1678-992x-2016-0134>
- Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2019) Development of superior lines of papaya from the Formosa

- group using the pedigree method and REML/Blup procedure. *Bragantia*, 78(3):1-11. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20180253>
- Costa, A. de F.S. da, Costa, A.N. da (2003) Melhoramento genético de mamoeiro, do grupo formosa, e obtenção de genótipos superiores. *In: SIMPÓSIO PAPAYA BRASIL*, 1, 2003, Vitória -ES. Martins, D. dos S. (ed.). *Papaya Brasil: qualidade do mamão para o mercado interno*, 390-392. Vitória: Incaper, 2003. <https://biblioteca.incaper.es.gov.br/digital/bitstream/item/871/1/2003-melhoramento-12.pdf>
- Costa, A. de F.S. da, Pacova, B.E.V. (2003) Caracterização de cultivares, estratégias e perspectivas de melhoramento genético do mameiro. *In: Martins, D.S., Costa, A. de F.S da (ed.). A cultura do mamoeiro: tecnologias de produção*. Vitória, ES: Incaper, 59-102. <http://biblioteca.incaper.es.gov.br/digital/bitstream/item/924/1/Livro-A-Cultura-do-Mamoeiro-1.pdf>
- Cruz, C.D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agron.*, 35(3):271-276. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>
- Damasceno Junior, P.C., Costa, F.R. da, Pereira, T.N S., Freitas Neto, M., Pereira, M.G. (2009a) Karyotype determination in three Caricaceae species emphasizing the cultivated form (*C. papaya* L.). *Caryologia*, 62(1):10-15. <https://doi.org/10.1080/00087114.2004.10589660>
- Damasceno Junior, P.C., Pereira, T.N.S., Pereira, M.G., Silva, F.F. da, Souza. M. de M., Nicoli, R.G. (2009b) Preferential reproduction mode of hermaphrodite papaya plant (*Carica papaya* L.; *Caricaceae*). *Revista Brasileira de Fruticultura* 31(1):182-189. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452009000100025>
- Dantas, J.L.L. (2000) Introdução. *In: Trindade, A. V. (org.) Mamão. Produção: aspectos técnicos*. Embrapa Mandioca e Fruticultura (Cruz das Almas, BA). — Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, p.9, (Frutas do Brasil; 3). <http://www.frutvasf.univasf.edu.br/images/mamaoproducao.pdf>

- Dantas, J.L.L., Junghans, D.T., Lima, J.F. (2013) *Mamão: o produtor pergunta, a Embrapa responde – 2.ed. rev. e atual.– Brasília, DF: Embrapa,170p.*
<http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/976856>
- Dantas, J.L.L.; Castro Neto, M.T. de. (2000) Aspectos botânicos e fisiológicos. *In:* Trindade, A. V. (org.) *Mamão. Produção: aspectos técnicos.* Embrapa Mandioca e Fruticultura (Cruz das Almas, BA). — Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, p.9, (Frutas do Brasil; 3).
<http://www.frutvasf.univasf.edu.br/images/mamaoproducao.pdf>
- Dantas, J.L.L.; Oliveira, E.J. de; Pereira, M.G. Cattaneo, L.F. (2011) Melhoramento genético do mamoeiro no Brasil. *In:* SIMPÓSIO DO PAPAYA BRASILEIRO, 5., 2011, Porto Seguro. Inovação e sustentabilidade: *anais.* Porto Seguro: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2011. 1 CD-ROM.
- Darlington C.D., Ammal E.K.J. (1946) *Chromosome atlas of cultivated plants.* London, G. Allen & Unwin Ltd. 378p. <https://doi.org/10.2307/1933550>
<https://www.worldcat.org/title/chromosome-atlas-of-cultivated-plants/oclc/959585>
- Duarte, R.P., Ramos, H.C.C., Vieira, H.D., Pirovani, A. A.V., Boechat, M.S.B., Santana, F.A., Mendes, T.N., Poltronieri, T.P. de S., Pereira, M.G. (2020). Molecular sexing in papaya (*Carica papaya* L.) seeds based on endosperm DNA. *Euphytica*, 216(99):6. <https://doi.org/10.1007/s10681-020-02625-7>
- Falconer, D.S. (1981) *Introduction to Quantitative Genetics.* 2 ed.. Longman Group Limited, New Yourk, 340 p.
- Falconer, D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa.* Trad. Silva, M.A. e Silva, J.C., 1.ed., 2.impr., Viçosa, MG: UFV. Impr. Univ. 279 p.: il.; 23 cm.
http://bibcentral.ufpa.br/arquivos/15000/18800/19_18808.htm
- FAOSTAT. (2021) Food and Agriculture Organization of the United Nations. Crops production. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC> Acesso em: 26 out. 2021.
- Freire Filho, F.R., Cravo, M. da S., Ribeiro, V.Q., Rocha, M. de M., Castelo, E. de O., Brandão, E. dos S., Belmino, C.S. (2005) *BR3-Tracueteua purificada:*

cultivar de feijão-caupi para o estado do Pará. Belém: Embrapa Amazônia Oriental. 4p. (Embrapa Amazônia Oriental. Comunicado Técnico, 134). <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/27790/1/com.tec.134.pdf>

- Gomes, V.M., Ribeiro, R.M., Viana, A.P., Souza, R.M., Santos, E.A., Rodrigues, D.L., Almeida, O.F.D. (2016) Inheritance of resistance to *Meloidogyne enterolobii* and individual selection in segregating populations of *Psidium* spp. *Journal of Plant Pathology*, 148:699-708. <https://doi.org/10.1007/s10658-016-1128-y>
- Gu, Z., Gu, L., Elis, R., Schlesner, M., Brors, B. (2014) Circlize implements and enhances circular visualization in R. *Bioinformatics*. 30(19):2811-12. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu393>
- Huerta-Ocampo, J.Á., Osuna-Castro, J.A., Lino-López, G.J., Barrera-Pacheco, A., Mendoza-Hernández, G., De León-Rodríguez, A., Barba de la Rosa, A.P. (2012) Proteomic analysis of differentially accumulated proteins during ripening and in response to 1-MCP in papaya fruit. *Journal of Proteomics* 75(7):2160-2169. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2012.01.015>
- IBGE (2021) Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Produção Agrícola - Lavoura Permanente. Disponível em: <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/es/pesquisa/15/0?tipo=ranking&indicador=11986&ano=2020> Acesso em: 28 out. 2021.
- Jana, B.R., Rai, M., Das, B., Nath, V. (2005) Genetic variability and association of component for fruit yield in papaya (*Carica papaya* L.). *The Orissa Journal of Horticulture* 33:90-95. <http://krishi.icar.gov.in/jspui/handle/123456789/24200>
- Liu, Z., Moore, P.H., Ma, H., Ackerman, C.M., Ragiba, M., Yu, Q., Pearl, H.M., Kim, M.S., Charlton, J.W., Stiles, J.I., Zee, F.T., Paterson, A.H., Ming, R. (2004) A primitive Y chromosome in papaya marks incipient sex chromosome evolution. *Nature*, 427: 348–352. <https://doi.org/10.1038/nature02228>
- Luz, L.N. da., Pereira, M.G., Barros, F.R., Barros, G. de B., Ferregueti, G.A. (2015) Novos híbridos de mamoeiro avaliados nas condições de cultivo tradicional e

- no semiárido brasileiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 37:159–171. <https://doi.org/10.1590/0100-2945-069/14>
- Luz, L.N., Santa-Catarina, R., Barros, G.B., Barros, F.R., Vettorazzi, J.C.F., Pereira, M.G. (2018) Adaptability and stability of papaya hybrids affected by production seasonality. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 18: 357-364. <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332018v18n4a54>
- Marin, S.L.D., Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T., Martelleto, L.A.P., Ide, C.D. (2006) Partial diallel to evaluate the combining ability for economically important traits of papaya. *Scientia Agricola*, Piracicaba, 63 (6): 540–546. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162006000600005>
- Ming, R., Hou, S., Feng, Y., Yu, Q., Dionne-Laporte, A., Saw, J. H., et al. (2008) The draft genome of the transgenic tropical fruit tree papaya (*Carica papaya* Linnaeus). *Nature* 452:991–996. <https://doi.org/10.1038/nature06856>
- Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA). Guia de inspeção de campos para produção de sementes / Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. – 3. ed. revisada e atualizada – Brasília: Mapa/ACS, 2011. 41 p.
- Miranda, D.P., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F, Santana, J. G.S., Poltronieri, T.P.S., Pirovani, A.A.V., Azevedo, A.O.N., Duarte, R.P. Rodrigues, A.S., Bohry, D., Pereira, M.G. (2021). Topcross hybrids in papaya (*Carica papaya* L.): evaluation of the potential for increasing fruit quality in new cultivars. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 1–14. <https://doi.org/doi:10.1080/03650340.2021.1905799>
- Moraes, R; Vivas, M. Cruz, D.P. da; Santa-Catarina, R; Almeida, R. N. de; Souza, Y.P. de; Daher, R. F.; Viana, A. P. Pereira, M.G. (2021). Selection for papaya resistance to multiple diseases in a base population of recurrent selection. *Euphytica*, 217:188 <https://doi.org/10.1007/s10681-021-02919-4>
- Nouman, M., Niaz, B., Saeed, F., Arshad, M.U., Anjumb, F.M. (2022) Nutritional and bioactive profile of different parts of *Carica papaya* L. in relation to

thrombocytopenia. *International Journal of Food Properties*. 25(1) 24-32.
<https://doi.org/10.1080/10942912.2021.2019271>

Oliveira, M. do S. P.de; Neto, J. T.de F. (2008) Seleção massal em açazeiros para a produção de frutos. *Revista Ciências Agrárias*, 49(1)145-156
<http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/409902>

Oliveira, R. A. De; Daros, E.; Resende, M. D. V. De; Bepalhok-Filho, J. C.; Zambon, J. L. C.; Souza, T. R. De; Lucius, A. S. F. (2011) Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. *Bragantia*, 70(4): 796-800.
<https://doi.org/10.1590/S0006-87052011000400010>

Padilha, L.; Guimarães, C.T.; Paiva, E. (2003) Avaliação da Pureza Genética em Sementes de Milho Utilizando Marcadores Microsatélites. *Embrapa Milho e Sorgo, Circular Técnica* 30. 65p.
<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/487546/1/Circ30.pdf>

Pereira, M. G., Ferreguetti, G. A., Pereira, T. N. S., Ramos, H. C. C., Cortes, D. F.M., Santa-Catarina, R., Luz, L. N., Barros, G. B. A., Arêdes, F. A. S., Boechat, M.S. B., Silveira, S. F., Oliveira, J. G. (2015) Melhoramento Genético do Mamoeiro: Programa UENF/CALIMAN. *In: Anais do VI Simpósio do Papaya Brasileiro*. 1ed. Vitória, ES: DCM/Incaper, 6, p. 01-41.

Pereira, M.G., Luz, L.N., Santa-Catarina, R., Ramos, H.C.C., Pereira, T.N.S., Barros, G.B.A., Ferreguetti, G.A., Vivas, M., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Azevedo, A.O.N., Silveira, S.F., Oliveira, J.G., Viana, A.P., (2019c) UC10: a new early Formosa papaya cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19:131–134. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n1c18>

Pereira, M.G., Luz, L.N., Santa-Catarina, R., Ramos, H.C.C., Pereira, T.N.S., Barros, G.B.A., Ferreguetti, G.A., Vivas, M., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Azevedo, A.O.N., Silveira, S.F., Oliveira, J.G., Viana, A.P., (2019b) 'UC14': a new papaya cultivar with intermediate fruit size. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19:226–229. <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n2c31>

- Pereira, M.G.; Poltronieri, T.P.S.; Pereira, T.N.S.; Ramos, H.C.C.; Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F.; Arêdes, F.A.S.; Boechat, M.S.B.; Venâncio, T.M.; Azevedo, A.O.N.; Cortes, D.F.M.; Moreira, N.F.; Bohry, D.; Silveira, S.F.; Vivas, M.; Ferregueti, G.A. (2019a) Twenty-two-year papaya breeding program: from breeding strategy establishment to cultivar development. *Functional Plant Breeding Journal*, 1: 9-27. <http://dx.doi.org/10.35418/2526-4117/v1n2a2>
- Pereira, M.G.; Santa-Catarina, R. (2021) Recurrent selection in papaya: An effective strategy for the continuous development of new cultivars. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 21: e381321S7. <https://doi.org/10.1590/1984-70332021v21Sa20>
- Pinto, F.O., Luz, L.N., Pereira, M.G., Cardoso, D.L., Ramos, H.C.C. (2013) Metodologia dos modelos mistos para seleção combinada em progênes segregantes de mamoeiro. *Agrária - Revista Brasileira de Ciências Agrárias* 8:211-217. <https://doi.org/10.5039/agraria.v8i2a2409>
- Pirovani, A. A. V., Ramos, H. C. C., Santa-Catarina, R., Poltronieri, T. P. de S., Vettorazzi, J. C. F., Santos, P. H. A. D., ... Pereira, M. G. (2021b). New source of alleles for resistance to black spot and phoma spot in papaya (*Carica papaya* L.). *Euphytica*, 217(6). <https://doi.org/10.1007/s10681-021-02863-3>
- Pirovani, A.A.V., Ramos, H.C.C., Duarte, R.P., Miranda, D.P., Bohry, D., Santana, J.G.S., Santos, P. H.A.D., Pereira, M.G. (2021a) Molecular characterization of elite lines of papaya (*Carica papaya* L.) via SSR markers. *Functional Plant Breeding Journal*, 3, 1, 49-58. <http://dx.doi.org/10.35418/2526-4117/v3n1a5>
- Poltronieri, T.P.S., Silveira, S.F., Vivas, M., Santa Catarina, R., Cortes, D.F.M., Azevedo, A.O.N., Pereira, M.G. (2017) Selecting black-spot resistant papaya genotypes derived from backcrossing and hybrids. *Genetics and Molecular Research*. <https://doi.org/10.4238/gmr16019401>
- R Core Team (2018) R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Available online at <https://www.R-project.org/>

- Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Viana, A.P., Luz, L.N., Cardoso, D.L., Ferregueti, G.A., (2014) Combined selection in backcross population of papaya (*Carica papaya* L.) by the mixed model methodology. *American Journal of Plant Sciences*, 5:2973–2983. <https://doi.org/10.4236/ajps.2014.520314>
- Reis, R.C., Viana, E. de S., de Jesus, J.L., Dantas, J.L.L., Lucena, R.S. (2015) Caracterização físico-química de frutos de novos híbridos e linhagens de mamoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 50: 210–217. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2015000300004>
- Resende, M. D. V. (1995) Delineamento de experimentos de seleção para maximização da acurácia seletiva e do progresso genético. *Revista Árvore*, Viçosa. 19(4): 479-500.
- Resende, M. D. V. (2004) Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo. Documentos, 100. Colombo: Embrapa Florestas.14-36p.<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/298794/1/doc100.pdf>
- Resende, M. D. V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16(4): 330-339. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>
- Resende, M. D.V., Thompson, R., Welham, S.J. (2006) Multivariate spatial statistical analysis of longitudinal data in perennial crops. *Revista de matemática e estatística*, 24 (1): 147-169. <https://repository.rothamsted.ac.uk/item/8q3zq>
- Resende, M.D.V. de. Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561p.
- Rocha, M. De M. Oliveira, J. T. S. Freire Filho, F. R. Câmara, J. A. Da S. Ribeiro, V. Q. Oliveira, J. A. de (2008) Purificação genética e seleção de genótipos de feijão-caupi para a região Semi-Árida Piauiense. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 28p. <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/70714>
- Rodrigues, A.S., (2021) Caracterização molecular em mamoeiro visando à seleção e à purificação de linhagens genitoras de híbridos comerciais. Tese (Mestrado

em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes, RJ,70p.

Santa-Catarina, R., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C., Ferregueti, G.A., Pereira, M.G., (2018) Image-based phenotyping of morpho-agronomic traits in papaya fruits (*Carica papaya* L. THB var.). *Australian Journal of Crop Science*, 12, 1750-1756. <https://doi.org/10.21475/ajcs.18.12.11.p1437>

Santa-Catarina, R., Pereira, M.G., Vettorazzi, J.C.F., Cortes, D.F.M., Poltronieri, T.P. de S., Azevedo, A.O.N., Moreira, N.F., Miranda, D.P., Moraes, R., Pirovani, A.A.V., Ramos, H.C.C., Vivas, M., Viana, A.P., (2020a) Papaya (*Carica papaya* L.) S1 family recurrent selection: Opportunities and selection alternatives from the base population. *Scientia Horticulturae*, 260, 108848 <https://doi:10.1016/j.scienta.2019.108848>

Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Cortes, D.F.M., Santana, J.G.S., Poltronieri, T.P. de S., Miranda, D.P., Pirovani, A.A.V., Moreira, N.F., Pereira, M. G., (2020b) Phenotypic characterization of recurrent selection S1 Papaya (*Carica papaya* L.) families by multivariate approach. *Euphytica*, 216(7). <https://doi:10.1007/s10681-020-02655-1>

Santa-Catarina, R.; Cortes, D.F.M.; Vettorazzi, J.C.F.; Poltronieri, T.P.S.; Barros, G. B.A.; Aredes, F.A.S.; Azevedo, A.O.N.; Ramos, H.C.C.; Pereira, M.G., (2019) Combining ability for fruit yield and quality in papaya recombinant inbred lines from the sexual conversion backcrossing. *Euphytica*, 215, 154-164. <https://doi.org/10.1007/s10681-019-2485-3>

Santana, J.G.S., Ramos, H.C.C., Miranda, D.P., Santa Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., de Sousa Poltronieri, T.P., Duarte, R.P., Pirovani, A.A.V., Bohry, D., do Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G. (2021) Genotype analysis by trait is a practical and efficient approach on discrimination of inbred lines and identification of papaya (*Carica papaya* L.) ideotypes for fruit quality. *Euphytica*. <https://doi.org/10.1007/s10681-021-02850-8>

- Santos, J.B., Menezes, M. Menezes, M. (2004) Genetic diversity in Carioca and Pérola cultivars of common bean based on RAPD markers. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 4:178-182.
- Santos, P.R. dos, Viana, A.P., Gomes, V.M., Preisigke, S. da C., Santos, E.A., Cavalcante, N.R., Almeida, O.F. de, Walker, M.A. (2018) Clonal selection in interspecific *Vitis* spp. hybrids resistant to the root-lesion nematode *Pratylenchus brachyurus* by REML/BLUP. *Fruits*, 73(3):191-197. <https://doi.org/10.17660/th2018/73.3.6>
- Serrano, L.A.L., Catanneo, L.F. (2010) O cultivo do mamoeiro no Brasil. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 32 (3): 675–695. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452010000300001>
- Silva, F. F., Pereira, M. G., Damasceno Júnior, P.C., Daher, R. F., Pereira, T.N.S., Filho, G.A.S., Viana, A P., Ferregueti, G.A. (2007a) Monitoring of the genetic variability in papaya parent 'Formosa' of 'UENF/CALIMAN 01' hybrid via RAPD. *Cropp Breeding and Applied Biotechnology*, 7(1) 36-42.
- Silva, F. H. de L. e, Viana, A. P., Freitas, J. C. de O., Santos, E. A., Rodrigues, D. L., & Amaral Junior, A. T. do. (2017). Prediction of genetic gains by selection indexes and REML/BLUP methodology in a population of sour passion fruit under recurrent selection. *Acta Scientiarum Agronomy*, 39(2), 183-190. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v39i2.32554>
- Silva, F.F., Pereira, M.G., Campos, W.F., Damasceno Junior, P.C., Pereira, T.N.S., Filho, G.A.S., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Ferregueti, G.A. (2007b) DNA-Marker-assisted sex conversion in elite papaya genotype (*Carica papaya* L.). *Cropp Breeding and Applied Biotechnology*, 7: 52–58.
- Silva, F.F., Pereira, M.G., Ramos, H.C.C., Damasceno Júnior, P.C., Pereira, T.N.S., Viana, A.P., Daher, R.F., Ferregueti, G.A. (2008b) Estimation of genetic parameters related to morpho agronomic and fruit quality traits of papaya. *Crop Breed Breeding and Applied Biotechnology*, 8, 65–73.
- Silva, F.F., Pereira, M.G., Ramos, H.C.C., Damasceno Júnior, P.C., Pereira, T.N.S., Gabriel, A.P.C., Viana, A.P., Ferregueti, G.A., (2008a) Selection and estimation

of the genetic gain in segregating generations of papaya (*Carica papaya* L.). *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 8, 1–8.

- Silva, M. M. da, Broetto, S. G., Valbão, S. C., Costa, A. D. F. S. da, Silva, D. M. (2010). Características vegetativas e de frutos de mamoeiros obtidos por seleção massal. *Semina: Ciências Agrárias*, 31(1), 29. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2010v31n1p29>
- Silva, M.G.M., Viana, A.P. (2012) Alternativas de seleção em população de Maracujazeiro-Azedo sob Seleção Recorrente Intrapopulacional. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 34: 525-531. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452012000200026>
- Singh, D., (1981) The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 41: 237-245.
- Souza, B.S., Durigan, J.S., Donadon, J.R., Teixeira, G. H. de A. (2005) Conservação de mamão “Formosa” minimamente processado armazenado sob refrigeração. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 27 (2): 273–276. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452005000200021>
- Souza, J.M.A., Ataíde, E.M., Silva, M.D.S. (2014) Qualidade pós-colheita e correlação entre características físicas e químicas de frutos de mamoeiro comercializados em Serra Talhada - PE. *Magistra*, 26: 554–560.
- Storey, W.B. (1953) Genetics of the papaya. *Journal of Heredity*, 44 (2):70–78.
- Vettorazzi, J.C.F., (2020) Linhagens endogâmicas recombinantes: variabilidade genética, avaliação per se, capacidade combinatória e heterose em mamoeiro. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes, RJ,91p.
- Viana, A.P., Resende, M.D.V. (2014) Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras. 1. ed. Rio de Janeiro: Interciência. 296p.
- Vivas, M., Cardoso, D. L., Ramos, H. C. C., Santos, P. H. D. dos, Silveira, S. F. da, Moraes, R. de, & Pereira, M. G. (2018) Genetic diversity between papaya lines

and their correlation with heterosis in hybrids for disease resistance and morpho-agronomic traits. *Summa Phytopathologica*, 44(2), 110–115.

<https://doi.org/10.1590/0100-5405/176828>

Vivas, M., Ramos, H. C. C., Santos, P. H. D., Silveira, S. F., Pereira, T. N. S., do Amaral, A. T., & Pereira, M. G. (2016) Heterosis and genetic diversity for selection of papaya hybrids for resistance to black spot and phoma spot. *Tropical Plant Pathology*, 41(6), 380–389. <https://doi.org/10.1007/s40858-016-0109-1>

Vivas, M., Silveira, S. F. da, Vivas, J. M. S., Santos, P. H. D. dos, Carvalho, B. M., Daher, R. F., Amaral Júnior, A. T., Pereira, M. G. (2017) Phenotypic characterization of papaya genotypes to determine powdery mildew resistance. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 17(3), 198–205. <https://doi.org/10.1590/1984-70332017v17n3a31>

Vivas, M., Silveira, S.F., Amaral Júnior, A.T., Cardoso, D.L., Pereira, M.G., (2013a) Inheritance of papaya resistance to fungal disease based on Hayman's diallel analysis. *Bragantia*, 72(4): 332–337. <https://doi.org/10.1590/brag.2013.047>

Vivas, M., Silveira, S.F., Cardoso, D.L., Pereira, M.G., Santos, P.H.D., Ferregueti, G.A., (2012) Capacidade Combinatória e heterose para resistência a pinta-preta em mamoeiro por meio de análise dialélica. *Tropical. Plant Pathology* 37(5): 326–332. <https://doi.org/10.1590/S1982-56762012000500004>

Vivas, M., Silveira, S.F., Pereira, M. G., Cardoso, D.L., Ferregueti, G.A. (2013b) Análise dialélica em mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma. *Ciência Rural*, Santa Maria, 43(6): 945–950. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782013005000054>

Vivas, M., Silveira, S.F., Terra, C.E.P.S., Pereira, M.G. (2010) Reação de germoplasma e híbridos de mamoeiro à mancha-de-phoma (*Phoma caricae-papayae*) em condições de campo. *Tropical Plant Pathology*, 35 (5): 323–328. <https://doi.org/10.1590/S1982-56762010000500009>

Vivas, M., Silveira, S.F., Viana, A.P., Amaral Jr, A.T., Ferregueti, G. A., Pereira, M.G. (2015) Resistance to multiple foliar diseases in papaya genotypes in

Brazil. *Crop Protection*, 71: 138–143.
<https://doi.org/10.1016/j.cropro.2015.02.007>

Vivas, M., Silveira, S.F., Viana, A.P., Amaral Junior, A.T., Cardoso, D.L., Pereira, M.G. (2014a) Efficiency of circulant diallels via mixed models in the selection of papaya genotypes resistant to foliar fungal diseases. *Genetics and Molecular Research*, 13(3):4797-4804. <https://doi.org/10.4238/2014.July.2.9>

Vivas, M., Silveira, S.F., Vivas, J.M.S., Viana, A.P., Junior, A.T.A., Pereira, M.G. (2014b) Seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma via modelos mistos. *Bragantia*, 73 (4): 446–450. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.216>

Vivas, M.; Silveira, S F da; Cardoso, D.L; Amaral Júnior, A.T do; Pereira, M.G. (2014c) Heterose para resistência a mancha-de-phoma em híbridos de mamoeiro obtidos a partir de cruzamentos entre e dentro de grupos heterótico. *Summa phytopathology*, 40 (4):318-322. <https://doi.org/10.1590/0100-5405/2017>