

**AVALIAÇÃO MORFOAGRONÔMICA E SELEÇÃO DE LINHAGENS
ENDOGÂMICAS DE MAMOEIRO PARA QUALIDADE DE FRUTO**

JOSEFA GRASIELA SILVA SANTANA

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO - 2020**

**AVALIAÇÃO MORFOAGRONÔMICA E SELEÇÃO DE LINHAGENS
ENDOGÂMICAS DE MAMOEIRO PARA QUALIDADE DE FRUTO**

JOSEFA GRASIELA SILVA SANTANA

“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 – 2020**

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

S232

Santana, Josefa Grasiela Silva.

AVALIAÇÃO MORFOAGRONÔMICA E SELEÇÃO DE LINHAGENS ENDOGÂMICAS DE MAMOEIRO PARA QUALIDADE DE FRUTO / Josefa Grasiela Silva Santana. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

100 f. : il.

Bibliografia: 62 - 77.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2020.
Orientadora: Helaine Christine Cancela Ramos.

1. *Carica papaya*. 2. análise multivariada. 3. diversidade genética. 4. índice de seleção. 5. melhoramento genético. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

AVALIAÇÃO MORFOAGRONÔMICA E SELEÇÃO DE LINHAGENS
ENDOGÂMICAS DE MAMOEIRO PARA QUALIDADE DE FRUTO


JOSEFA GRASIELA SILVA SANTANA

“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 20 de fevereiro de 2020.

Comissão Examinadora:


Prof. Lucas Nunes da Luz (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UNILAB


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


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


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

DEDICATÓRIA

À minha avó Iracema (*in memoriam*), por ter dedicado toda sua vida aos filhos e netos.

À minha mãe Edna, por ser a pessoa mais inteligente e generosa que conheço.

DEDICO ESTA CONQUISTA

AGRADECIMENTOS

O propósito divino e a minha intenção genuína me trouxeram até este momento.

Agradeço absolutamente a todas as pessoas que passaram pela minha vida. Agradeço também todas as situações e circunstâncias que transformaram o meu consciente e inconsciente e que favoreceram para que eu pudesse aprender um pouco mais sobre genética e melhoramento de plantas.

Agradeço a mim pela resistência e determinação, qualidades relevantes sem as quais eu não conseguiria enfrentar as situações difíceis na busca da realização dos meus objetivos.

Agradeço aos meus pais, Edna e Gabriel, e irmãos Áurea, Kiko e Jaqueline, por me apoiarem de todas as formas. Agradeço aos meus sobrinhos Anne e Anthony, por serem minha fonte inesgotável de amor, ternura e carinho. Agradeço também aos demais familiares que sempre torceram por mim.

Agradeço especialmente a minha orientadora Dr^a Helaine Christine Cancela Ramos e aos meus conselheiros, os professores Dr. Alexandre Pio Viana e Dr. Messias Gonzaga Pereira, por absolutamente todas contribuições no desenvolvimento deste trabalho.

Agradeço ao Dr. Lucas Nunes da Luz por ter aceitado o convite para participação na banca de defesa.

Agradeço a todos os professores que agregaram conhecimento de maneira singular. Em especial, agradeço ao professor Dr. Antônio Teixeira do Amaral Jr, por todas as demonstrações de humanidade e respeito.

Agradeço ao secretário Daniel, por ser um agente facilitador diante de toda a burocracia envolvida na pós-graduação.

Agradeço aos amigos que conquistei durante esses quatro anos de doutorado Andressa, Juliano, Kaliane, Letícia, Nádia, Moisés, Roberta e Talles.

Agradeço ao amigo Renato Santa Catarina, por sua generosidade e simplicidade, auxiliando-me inúmeras vezes durante o curso de doutorado.

Agradeço aos parceiros do LMGV Adriana, Daniel, Dieimes, Julio, Jocarla, Marcela, Rafaela e Tathianne.

Agradeço as minhas amigas de longa data Clarissa, Daly e Tatiana, por estarem presentes apesar da distância geográfica.

Agradeço a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade de qualificação.

Agradeço o Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, pelo financiamento do projeto, e a CAPES pela concessão da bolsa.

E o mais importante agradecimento ofereço a Deus por me permitir realizar este sonho.

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

SUMÁRIO

RESUMO	x
ABSTRACT	xii
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1. Objetivo geral	4
2.2. Objetivos Específicos	4
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	5
3.1. <i>Carica papaya</i> L.	5
3.1.1. Aspectos gerais da cultura.....	5
3.1.2. Uso e Importância econômica.....	7
3.1.3. Qualidade do fruto em mamoeiro.....	8
3.1.4. Histórico do melhoramento do mamoeiro no Brasil	10
3.2. Obtenção e condução de linhagens endogâmicas	12
3.3. Análises multivariadas	14
3.4. Predição Blup via modelos mistos.....	15
3.5. Índice de Seleção	17
4. MATERIAL E MÉTODOS	19
4.1. Obtenção de linhagens.....	19
4.2. Condução e desenho experimental	20
4.3. Características morfoagronômicas avaliadas	20
4.4. Análises estatísticas	22

4.4.1. Análise de variância, parâmetros genéticos, teste de médias e correlação de Pearson.....	22
4.4.2. Diversidade genética.....	24
4.4.3. GT biplot	25
4.4.4. Índice de Seleção	26
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	28
5.1. Análise de variância, parâmetros genéticos, teste de médias e correlação de Pearson.....	28
5.2. Diversidade genética.....	35
5.3. GT biplot.....	45
5.4. Índice de Seleção.....	54
5.4.1. Seleção Combinada.....	54
5.4.2. Seleção Direta.....	57
6. CONCLUSÃO	61
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	62

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Resumo da análise de variância para características relacionadas à qualidade do fruto de mamoeiro.....	29
Tabela 2. Componentes da variância e parâmetros genéticos de características morfoagronômicas de mamoeiro.....	31
Tabela 3. Loadings, autovalor, variância relativa e variância acumulada nos componentes principais de sete características morfoagronômicas em linhagens de mamoeiro.	36
Tabela 4. Scores das linhagens F ₅ de mamoeiro em três componentes principais.....	41
Tabela 5. Média predita (MP), ganho de seleção (GS) e ganho de seleção em porcentagem GS(%) das linhagens selecionadas para principais características relacionadas a qualidade de frutos de mamoeiro, ranqueadas pelo índice IVGP.....	55
Tabela 6. Seleção direta de linhagens F ₅ de mamoeiro para as principais características relacionadas a qualidade de fruto..	59

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Fluxograma das etapas de obtenção e condução de população segregante F ₅ de mamoeiro.....	20
Figura 2. Correlação de Pearson entre nove características morfoagronômicas em mamoeiro	34
Figura 3. Screeplot da variância representada por componentes principais para as linhagens F ₅ de mamoeiro.....	37
Figura 4. Dispersão das linhagens de mamoeiro classificadas por peso (Solo, Intermediário e Formosa), nos três primeiros componentes principais (74,88% da variabilidade total) baseada em nove características morfoagronômicas.	38
Figura 5. Contribuições (%) para variabilidade das linhagens F ₅ de características morfoagronômicas em três componentes principais.	39
Figura 6. Contribuição (%) de top 20 linhagens de mamoeiro para variabilidade baseada em três componentes principais.	40
Figura 7. Dendrograma de dissimilaridade genética obtido pelo método UPGMA utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, (CCC=0,80).	43
Figura 8. Divergência entre 14 grupos em termos de desvios da média de quatro principais características para qualidade de fruto.	44
Figura 9. Biplot “which-won-where/what” apresenta um polígono indicando em seus vértices as linhagens de maior desempenho.....	46

Figura 10. Biplot “means x stabilities” apresentando o desempenho médio dos genótipos ao longo do eixo CCM, indicado pela seta e a estabilidade dos genótipos de acordo com o comprimento do vetor que parte do genótipo ao eixo CCM.....	48
Figura 11. Biplot “discrimination and representing” apresentando a visualização vetorial das características.....	50
Figura 12. Biplot “rank genotypes” comparando os genótipos de mamoeiro avaliados com a estimativa de um “genótipo ideal” indicado no centro do círculo concêntrico.....	52
Figura 13. Perfil fenotípico das linhagens F ₅ selecionadas como ideótipos via GT biplot. A) Linhagem 19; B) Linhagem 61; C) Linhagem 63 e D) Linhagem 107. ...	53

RESUMO

SANTANA, Josefa Grasiela Silva; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro de 2020; Avaliação morfoagronômica e seleção de linhagens endogâmicas de mamoeiro para qualidade de fruto; Orientadora: Prof.^a Helaine Christine Cancela Ramos; Conselheiros: Prof. Messias Gonzaga Pereira e Prof. Alexandre Pio Viana.

O mamoeiro é uma das fruteiras mais importantes para o agronegócio brasileiro, e a sua produção depende da disponibilidade de variedades que atendam as demandas dos mercados consumidores. Apesar da prosperidade do cultivo do mamoeiro, poucas variedades são cultivadas. A fim de mitigar esse problema, o programa de melhoramento de mamoeiro da UENF tem entre seus objetivos o desenvolvimento de cultivares que apresentem características agrônômicas superiores. Como parte do processo de desenvolvimento de novas variedades, este estudo teve como objetivo avaliar as linhagens endogâmicas na geração F₅, bem como selecionar as melhores para qualidade de fruto. Para tanto, noventa e sete linhagens endogâmicas da geração F₅, derivadas do cruzamento biparental entre os genótipos Sekati e JS-12 do grupo Formosa, foram avaliadas para nove características morfoagronômicas via fenotipagem digital. Os resultados foram submetidos as seguintes análises estatísticas: análise de variância, estimação de parâmetros genéticos, teste de médias, análise de correlação de Pearson, análise de componentes principais, análise de agrupamento, análise GT biplot, seleção combinada e seleção direta. De acordo com os resultados, as linhagens dispõem de suficiente variabilidade para as principais características relacionadas a

qualidade de frutos em mamoeiro. As características avaliadas apresentam correlações positivas e negativas significativas, que podem auxiliar a seleção direta de uma característica em detrimento de outra no processo de avaliação. Entre as características avaliadas nas diferentes linhagens, o peso médio de frutos e teor de sólidos solúveis foram as de maior e menor contribuição para a variabilidade, respectivamente. As linhagens 96, 86, 61, 63, 52, 70, 51, 107, 39, 7, 1, 50, 19, 106, 104, 100, 22, 30 e 71 foram as mais divergentes. As linhagens 96, 61, 39, 1 e 88 são indicadas como fontes de alelos favoráveis para as características peso médio de frutos, volume de polpa, firmeza de fruto, rendimento de polpa e sólidos solúveis totais, respectivamente. As linhagens 107, 19, 61 e 63, são indicadas como ideótipos para uso *per se*. Indica-se a seleção combinada de 29 linhagens F₅ de mamoeiro que apresentam potencial médio satisfatório de ganho genético para as características peso médio de fruto (12,62 %), firmeza de fruto (3,18 %), firmeza da polpa (1,45 %) e teor de sólidos solúveis (1,75 %), de maior importância para a cultura.

Palavras-chave: *Carica papaya*; análise multivariada; diversidade genética; índice de seleção; melhoramento genético.

ABSTRACT

SANTANA, Josefa Grasiela Silva; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; February 2020; Morphoagronomic evaluation and selection of papaya inbred lines for fruit quality; Adviser: Helaine Christine Cancela Ramos Committee members: Messias Gonzaga Pereira and Alexandre Pio Viana.

Papaya is one of the most important fruit trees for Brazilian agribusiness and its production depends on the availability of varieties that meet the demands of consumer markets. Despite the prosperity of papaya cultivation, few varieties are grown. In order to mitigate this problem, the UENF papaya breeding program has among its objectives the development of cultivars that have superior agronomic characteristics. As part of the process of developing new varieties, this study aimed to evaluate the inbred lines in the F₅ generation, as well as to select the best ones for fruit quality. Ninety-seven inbred lines of the F₅ generation, derived from the two-parent crossing between the Sekati and JS-12 genotypes of the Formosa group, were evaluated for nine morpho-agronomic characteristics via digital phenotyping. The results were submitted to the following statistical analyzes: analysis of variance, estimation of genetic parameters, test of means, Pearson's correlation analysis, analysis of principal components, cluster analysis, GT biplot analysis, combined selection and direct selection. According to the results, the inbred lines have sufficient variability for the main characteristics related to papaya fruit quality. The evaluated characteristics have significant positive and negative correlations, which can help the direct selection of one

characteristic over another in the evaluation process. Among the characteristics evaluated in the different inbred lines, the average fruit weight and soluble solids content were those with greater and lesser contribution to the variability, respectively. Inbred lines 96, 86, 61, 63, 52, 70, 51, 107, 39, 7, 1, 50, 19, 106, 104, 100, 22, 30 and 71 are the most divergent. Inbred lines 96, 61, 39, 1 and 88 are indicated as favorable allele sources for the characteristics of average fruit weight, pulp volume, fruit firmness, pulp yield and total soluble solids, respectively. Inbred lines 107, 19, 61 and 63 are indicated as ideotypes for use per se. The combined selection of 29 papaya F₅ inbred lines that have a satisfactory average potential for genetic gain is indicated for the characteristics of average fruit weight (12,62 %), fruit firmness (3,18 %), flesh firmness (1,45 %) and soluble solids content (1,75 %), of greater importance for the crop.

Keywords: *Carica papaya*; multivariate analysis; genetic diversity; selection index; plant breeding.

1. INTRODUÇÃO

No Brasil, o mamão é uma das espécies frutíferas mais cultivadas e comercializadas, tem substancial papel socioeconômico para a fruticultura que se dá pela geração de empregos e elevada receita derivada da alta produção de frutos para o comércio interno e para exportações. Apesar de ser um cultivo próspero, os campos de produção de mamão são sustentados por estreita base genética com o uso de poucas cultivares dos grupos heteróticos Solo e Formosa. Este cenário frequente em zonas fixas de cultivo favorece a susceptibilidade da cultura a estresses bióticos e abióticos que afetam diretamente a sua produtividade (Luz et al., 2015; Vivas et al., 2015).

O desafio enfrentado para contornar a base genética estreita é uma situação inerente ao processo de melhoria da cultura do mamoeiro na busca por genótipos superiores. Nesse contexto, uma das formas para criar e explorar a variabilidade se dá pela obtenção de populações segregantes. Tais populações são obtidas por cruzamentos ou pela recombinação de genótipos que se apresentam como fontes de alelos favoráveis para características de interesse relacionadas a resistência a doenças, qualidade de frutos e produtividade (Santa Catarina et al., 2020).

Os genótipos obtidos em populações segregantes devem apresentar estabilidade além de atender as demandas para as características agrônômicas de interesse, este propósito é alcançado com a condução desses genótipos por

autofecundação durante cinco ou seis gerações no intuito de se obter alto nível de endogamia, sem perda do seu vigor (Ramos et al., 2014).

Diversos métodos foram desenvolvidos para condução de populações segregantes, dentre eles: o método SSD (*Single Seed Descent*) é um dos mais utilizados pelos programas de melhoramento de plantas. Este método possui como principal benefício a redução do tempo requerido para obtenção das linhagens endogâmicas, e apresenta como característica a separação da fase de obtenção da endogamia da fase de seleção, tendo como vantagem a maior variância genética aditiva presente em indivíduos nas gerações avançadas (Borém et al., 2017).

A seleção de genótipos superiores depende da adequada avaliação de características relacionadas a qualidade de frutos, e implica na obtenção de genótipos que resistam a maiores períodos e condições de armazenamento e transporte, favorecendo menores perdas ao longo da cadeia produtiva de mamão, pois o consumo de frutos *in natura* exige uma atividade conjunta que ocorre desde a colheita realizada por produtores, transportadores até os varejistas, fornecendo aos consumidores finais, frutos de alta qualidade visual e sensorial (Siddiqui, 2018).

Considerando que um dos aspectos mais importantes para a comercialização de frutos de mamão é a qualidade. Os principais atributos indicadores de qualidade são o teor de sólidos solúveis e a firmeza. O sabor típico dos frutos de mamão é resultado da interação de sólidos solúveis, ácidos orgânicos e compostos voláteis durante o período do amadurecimento (Wijaya e Feng, 2013). Já a firmeza é um atributo importante, que junto ao sabor e outros componentes constituem um perfil de qualidade sensorial dos consumidores para aceitação de frutos *in natura* como também é essencial para o manejo de frutos, principalmente para armazenamento e transporte (Zhang et al., 2019).

Em qualquer programa de melhoramento, o procedimento de seleção de materiais genéticos que apresentem respostas favoráveis ao maior número de características de interesse com eficiência é muito importante (Silva et al., 2008). Dessa forma, técnicas de análises multivariadas possibilitam ao melhorista apontar os indivíduos potenciais para obtenção de híbridos em programas de melhoramento genético e conseqüentemente facilitam a seleção de materiais promissores (Tobar-Tosse et al., 2015). Em mamoeiro, a metodologia mais

indicada para a seleção de genótipos superiores é a seleção combinada utilizando índice de seleção (Ramos et al., 2014; Santa Catarina et al., 2020). Diante do exposto, este estudo teve como objetivo avaliar as linhagens de mamoeiro em geração avançada para identificar quais são os genótipos que sob seleção proporcionam a maior magnitude de ganhos genéticos possível para as características de interesse.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Esse trabalho teve como objetivo avaliar linhagens F₅ de mamoeiro por características morfoagronômicas, bem como indicar as linhagens superiores para qualidade de fruto.

2.2. Objetivos Específicos

- a) Estimar componentes de variância e parâmetros genéticos de linhagens F₅ de mamoeiro;
- b) Analisar a correlação entre as características morfoagronômicas em linhagens F₅ de mamoeiro;
- c) Avaliar a estrutura de variação em componentes principais das linhagens F₅ de mamoeiro;
- d) Analisar a formação de grupos distintos em linhagens F₅ de mamoeiro;
- e) Selecionar linhagens superiores F₅ de mamoeiro para a qualidade de fruto.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1. *Carica papaya* L.

3.1.1. Aspectos gerais da cultura

O mamoeiro é a terceira cultura tropical mais cultivada no mundo. É cultivada por seus frutos, papaína, pectina e substâncias antibacterianas. Tem a Mesoamérica como o centro de sua origem e domesticação, devido a existência de muitas populações silvestres da espécie ocorrendo nesta região e, portanto, compondo o pool genético de variabilidade genética que pode ser utilizado para o melhoramento da cultura (Chávez-Pesqueira e Núñez-Farfán, 2017).

A abundância de suas sementes com ampla viabilidade garantiu na época das explorações marítimas do ¹Novo Mundo, a precoce distribuição ao longo das rotas comerciais tropicais. A partir de meados do séc. XVI chegou ao Panamá, Porto Rico e Cuba e, nos séculos seguintes, passou a ser cultivada na Índia e amplamente distribuída em várias ilhas do sul do oceano pacífico (Storey, 1969).

De acordo com a atual classificação, o mamoeiro é a única espécie do gênero *Carica* e que juntamente a outros cinco gêneros (*Cylicomorpha*, *Jarilla*, *Horovitzia*, *Vasconcellea*, *Jacaratia*) compõem a família Caricaceae (Badillo, 2000). Além disso, é a espécie de maior importância econômica dentro da família

¹Novo Mundo é um dos nomes dados ao hemisfério ocidental, mais especificamente ao continente americano. O termo tem as suas origens nos finais do século XV em razão da descoberta da América por Cristóvão Colombo.

Caricaceae (Carvalho e Renner, 2012). É uma planta herbácea, perene, de crescimento rápido, que produz frutos sucessivamente nas axilas das folhas que são dispostas em espiral ao longo do tronco ereto. Os frutos apresentam tamanhos variados e são classificados quanto à forma como ovóides, esféricos ou piriformes; podem atingir 50 cm de comprimento e pesar até mais de 1 Kg; a cor da polpa do fruto varia entre amarela, laranja ou vermelha, com espessura variando de 2,5 a 5,0 cm. As sementes são pequenas, arredondadas, rugosas e recobertas por uma camada mucilaginosa, apresentando coloração de acordo com a variedade (Dantas et al., 2002).

É uma espécie dicotiledônea, poligâmica com três tipos de flores: masculina ou estaminada, feminina ou pistilada e hermafrodita ou bissexual. As populações silvestres de mamoeiro são dioicas (plantas masculinas e femininas) e as ginodioicas (plantas hermafroditas e femininas) são produto da domesticação (VanBuren et al., 2015). Além das diferentes formas florais apresentadas pelo mamoeiro, outro fato importante é a “reversão sexual” que ocorre em flores masculinas e hermafroditas sob condições ambientais desfavoráveis (Zerpa-Catanho et al., 2019), sendo as flores hermafroditas mais vulneráveis que as masculinas com atrofia do ovário não havendo formação do fruto. Este fenômeno é denominado estaminação, esterilidade feminina ou esterilidade de verão (Damasceno Junior et al., 2008; Martelleto et al., 2011).

A depender da população, o mamoeiro pode se reproduzir por polinização cruzada, mas sua estrutura floral tal como é, juntamente ao fato de ocorrência da cleistogamia favorecem a ocorrência de autopolinização. Ademais, a espécie não sofre depressão por endogamia, e esta característica tem como vantagem a fixação de características de interesse em programas de melhoramento genético, possibilitando o desenvolvimento de linhagens e híbridos (Dantas e Lima, 2001).

O mamoeiro é uma espécie diploide, com nove pares de cromossomos ($2n=2x=18$), e o seu genoma apresenta 372 Mpb, considerado relativamente pequeno e promissor para a exploração genômica. Foi a quinta angiosperma e a primeira geneticamente modificada a ser sequenciada (Ming et al., 2008). A determinação do sexo para os três tipos de plantas de mamão, feminina, masculina e hermafrodita, é regulada geneticamente pelo emparelhamento de cromossomos sexuais, e essa região ligada ao sexo se comporta como um cromossomo sexual XY (VanBuren et al., 2015). As combinações cromossômicas

para plantas femininas, masculinas e hermafroditas são XX, XY e XY^h, respectivamente (Liu et al., 2004; Ma et al., 2004; Wang et al., 2017).

As plantas de mamoeiro não apresentam diferenças morfológicas na fase juvenil/vegetativa, e por este motivo, a diferenciação dos tipos sexuais se dá apenas com a floração. Entre os cromossomos X e Y^h, várias diferenças foram identificadas que podem explicar diferenças fenotípicas entre plantas hermafroditas e plantas femininas. Por outro lado, os cromossomos Y e Y^h foram descritos como altamente semelhantes (99,60 %), sendo ainda um desafio explicar quais diferenças observadas entre plantas masculinas e hermafroditas são responsáveis por seus fenótipos (Wang et al., 2012; VanBuren et al., 2015; Liao et al., 2017).

3.1.2. Uso e Importância econômica

O mamão é uma das frutas tropicais mais apreciadas por apresentar suave e agradável sabor, além disso, é excelente fonte de cálcio, pró-vitamina A e vitamina C (ácido ascórbico), por este motivo é importante destacar sua ampla utilização em dietas alimentares (Serrano e Cattaneo, 2010). O fruto maduro é consumido *in natura* e usado na preparação de refrigerantes, geleias e outros produtos processados na indústria alimentícia (Carr, 2014). Suas folhas, caules e frutos são bastante utilizados no tratamento de enfermidades por possuírem o alcaloide carpaína, e a enzima proteolítica papaína. Além do uso na medicina, a enzima papaína apresenta diversificadas aplicações práticas nas indústrias da borracha, farmacêutica, alimentícia e têxtil (Arango et al., 2000).

O cultivo do mamoeiro se dá durante todo o ano e exige renovação dos seus pomares necessitando constantemente de mão de obra. Em função dessa demanda, a cultura exerce relevante papel social e econômico para a fruticultura nacional. Destacam-se como maiores produtores no Brasil, os Estados da Bahia (368,875 toneladas) e do Espírito Santo (311,150 toneladas), e respondem por 65 % da produção do país, seguidos dos Estados do Ceará (115,525 toneladas), Rio Grande do Norte (86,342 toneladas) e Minas Gerais (43,556 toneladas) (IBGE, 2018).

Em 2016, em todo mundo, foram cultivados aproximadamente 442 mil ha de mamão, com produção superior a 13 milhões de toneladas de frutas frescas. Os principais produtores foram Índia, Brasil, México, Indonésia e República

Dominicana. A produção na Índia correspondeu a 5,9 milhões de toneladas que representa 45,3 % da produção mundial. O Brasil, segundo maior produtor com 1,5 milhão de toneladas, respondeu com 11 % da produção mundial. O volume exportado de mamão no mundo foi de 356,950 mil toneladas, correspondendo a movimentação de aproximadamente US\$ 277 milhões. O México foi o maior exportador, sendo responsável por 32,69 % das movimentações e, o Brasil ocupou a segunda posição, com 15 % das movimentações na exportação mundial de mamão (FAOSTAT, 2018). Os principais destinos do mamão brasileiro são a União Europeia, os Estados Unidos e o Canadá, com importações de 89%, 6% e 1%, respectivamente, dos volumes exportados pelo Brasil (SECEX, 2018).

3.1.3. Qualidade do fruto em mamoeiro

O mamão é um fruto climatérico que sofre grandes perdas pós-colheita. Uma vez o fruto colhido, drásticas mudanças bioquímicas que envolvem altas taxas respiratórias e de produção de etileno promovem o amadurecimento e amolecimento do fruto e resultam em fácil deterioração durante todo o processo de maturação. Esta perecibilidade acarreta em uma redução da vida útil pós-colheita, sendo um dos obstáculos mais relevantes das atividades de armazenamento e transporte em longas distâncias na cadeia produtiva de frutos de mamoeiro (Hanif et al., 2020).

As modificações das características físico-químicas durante o processo de amadurecimento são consideradas para estabelecer estágios de amadurecimento, que variam do momento que o fruto atinge o seu completo desenvolvimento físico e pode ser colhido no momento em que o fruto apresenta coloração completamente amarela e atinge o amadurecimento de consumo ou organoléptico. Tais características físico-químicas em cada estágio são utilizadas como indicadores de qualidade para fins comerciais no uso dos frutos como matéria-prima ou na geração de novos produtos (Barragán-Iglesias et al., 2018).

Dentre as características diretamente associadas a qualidade de frutos de mamão, as características físico-químicas que apresentam maior importância são firmeza e teor de sólidos solúveis. Nos frutos, o que confere firmeza é a estrutura dinâmica da parede celular composta por polissacarídeos complexos como β -glucanos, galacturonanos, arabinanos e galactanos e alguns componentes secundários adicionais como glicoproteínas, enzimas, minerais e compostos

fenólicos. A polpa dos frutos carnudos, assim como a do mamão, é composta de celulose, hemicelulose e grandes quantidades de pectinas, principalmente galacturanas, e a degradação e solubilização desses componentes contribuem para redução da adesão entre as células, resultando em perda da firmeza e amolecimento do tecido durante o processo de amadurecimento (Shiga et al., 2009). Ao contrário da firmeza, os sólidos solúveis - que são as vitaminas, ácidos, açúcares e aminoácidos solubilizados em água – frequentemente aumentam durante o amadurecimento devido a biossíntese ou degradação dos polissacarídeos.

No melhoramento genético de mamoeiro é de fundamental importância o conhecimento quanto ao controle genético das características de firmeza e sólidos solúveis, que estão diretamente relacionadas a qualidade de frutos. Essas características, consideradas poligênicas para a cultura do mamoeiro apresentam dominância parcial entre os alelos, e os efeitos associados a componentes aditivos são predominantes em relação aos efeitos associados a componentes de dominância. Para a característica firmeza alelos recessivos, predominante, mas não exclusivamente, atuam para aumentar a média dessa variável, enquanto que para teor de sólidos solúveis, são os alelos dominantes que, predominante, mas não exclusivamente, atuam no sentido de aumentar a média dessa variável (Cardoso et al., 2015).

As características ligadas a qualidade do fruto, como teor de sólidos solúveis e firmeza podem contribuir em investigações de variabilidade genética na seleção assistida por marcadores, quando a variação dessas características são identificadas em regiões gênicas ou por fatores de transcrição potencialmente relacionados a estrutura da parede celular e da produção de etileno e podem ser associadas a fenótipos de interesse agrônômico. Dessa forma, o atlas baseado no genoma do mamoeiro com 790 microssatélites distribuídos entre 300 genes envolvidos no amadurecimento do mamão é uma ferramenta poderosa que pode auxiliar e melhorar a eficiência da seleção assistida por marcadores no melhoramento de mamoeiro e em estudos genéticos populacionais (Vidal et al., 2014).

A abordagem por mapeamento genético e identificação de QTL's associados (*Quantitative trait loci*) também é uma ferramenta para prática da seleção assistida por marcadores na cultura do mamoeiro. O atlas baseado em

sequências SNP (*single nucleotide polymorphism*) associados a QTLs pode identificar 14 QTLs relacionados as características de firmeza e sólidos solúveis. Além disso, os marcadores SNPs foram desenhados e validados identificando vários genes candidatos que controlam a variação das características para qualidade de fruto. Assim, toda anotação gênica resultante dará suporte a trabalhos que visam a seleção assistida por marcadores no programa de melhoramento de mamoeiro da UENF (Bohry, 2018).

Um melhor entendimento sobre as principais características indicadoras de qualidade para frutos de mamoeiro, por meio de análises quanto à variação individual e a associação entre elas, pode facilitar a seleção de melhores genótipos com o intuito de aumentar a vida útil e reduzir as perdas dentro da cadeia produtiva de frutos de mamão.

3.1.4. Histórico do melhoramento do mamoeiro no Brasil

Informações sobre os primeiros trabalhos visando o melhoramento de plantas de mamoeiro no Brasil são escassas, no entanto, há relatos de que foram realizados pelo Instituto Agrônomo de Minas Gerais. Esta evidência pode ser atribuída pela supremacia quanto a produção nos estados de Minas Gerais, São Paulo, Rio de Janeiro e Espírito Santo na década de 50 (Martins e Costa, 2003).

Em meados da década de 70, a região de Monte Alto - SP era considerada a capital brasileira do mamão, contudo a ocorrência endêmica de uma doença causada por vírus chamada “mosaico do mamoeiro” deu início a migração da cultura para outras regiões brasileiras como o nordeste do Pará, extremo sul da Bahia e norte do Espírito Santo. Outro fato que estimulou a difusão da cultura foi a busca pela maior proximidade de mercados consumidores, contribuindo para disseminação da cultura nos estados de Goiás, Pernambuco, Ceará, Minas Gerais e Rio Grande do Norte (Ruggiero et al., 2011).

Após a dizimação das lavouras de mamoeiro em São Paulo, o estado do Pará iniciou a difusão do plantio de variedades hermafroditas do tipo Havaí, mamão Solo, chamado naquela época de mamão Amazonas, e por apresentarem baixa taxa de fecundação cruzada favoreceram o aproveitamento destas plantas em plantios comerciais, fato esse que revolucionou o cultivo de mamoeiro no Brasil. Por essa razão, várias linhagens do mamão Solo foram difundidas em

vários estados, inclusive no Espírito Santo e Bahia, que no futuro se tornariam os maiores produtores de mamão Solo do país (Martins e Costa, 2003).

A partir dos anos 80, houve a diversificação do cultivo do mamoeiro com a importação de sementes de variedades híbridas do grupo Formosa, provenientes de Taiwan, que possuem plantas que produzem elevado número de frutos grandes e pesados, e que continuam até os dias atuais sendo importadas (Serrano e Cattaneo, 2010; Ruggiero et al., 2011).

Em meados dos anos 90, o reconhecimento do importante papel socioeconômico do cultivo do mamoeiro para o agronegócio brasileiro marcou o início das atividades voltadas ao melhoramento genético do mamoeiro no Brasil. As principais instituições que desenvolvem variedades para atender o agronegócio brasileiro são Embrapa Mandioca e Fruticultura, INCAPER (Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural) e UENF (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro). Estas instituições, desde então, começaram a desenvolver ações para o melhoramento genético do mamoeiro, baseadas na exploração da variabilidade genética presente nos bancos de germoplasma de mamoeiro (Pereira et al., 2019).

Concomitantemente, nesse período, a UENF iniciou uma parceria junto a empresa Caliman Agrícola S.A., localizada em Linhares - ES, em que o principal objetivo foi gerar novos híbridos e variedades de mamoeiro, procurando fornecer subsídios para independência do país quanto a aquisição de sementes importadas e para a produção de frutos de melhor qualidade a fim de atender os mercados nacional e internacional. Assim, ao longo de 22 anos de existência, o programa de melhoramento da UENF gerou registros de híbridos importantes de mamoeiro, com destaque ao primeiro híbrido brasileiro, denominado de “UC-01” (“UENF/CALIMAN – 01”) ou popularmente chamado de Calimosa, sendo cultivado pelos agricultores em diferentes regiões do país (Pereira et al., 2019).

Atualmente, o MAPA (Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento) apresenta cinquenta e sete cultivares de mamoeiro registradas e disponíveis aos produtores do Brasil, dentre estes materiais, vinte e uma cultivares são produtos do programa de melhoramento genético de mamoeiro estabelecido pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) em parceria com a empresa Caliman Agrícola S.A., uma das maiores produtoras e exportadoras de mamão no Brasil (Azevedo, 2019).

O grupo científico que desenvolve pesquisas em melhoramento do mamoeiro na UENF, ao longo de mais de 20 anos, atua em diversas linhas de pesquisa visando a obtenção de materiais genéticos elite (Pereira et al., 2019). Dessa forma, variadas investigações foram realizadas para dar suporte ao objetivo principal e envolvem desde aspectos relacionados a morfo-anatômica de sementes (Santos et al., 2009), aspectos citogenéticos básicos e aplicados (Damasceno Junior et al., 2008, 2009, 2010; Freitas et al., 2013), conversão sexual (Silva et al., 2007), sexagem molecular (Duarte et al., 2020), diversidade genética (Ramos et al., 2011, 2012), heterose (Cardoso et al., 2014), seleção recorrente (Santa-catarina et al., 2020), controle genético (Cardoso et al., 2015), desenvolvimento de linhagens (Cortes et al., 2019), fenotipagem baseada em imagem digital (Cortes et al., 2017; Santa-Catarina et al., 2018), capacidade combinatória (Barros et al., 2017b), topcross (Vettorazzi et al., 2021), análise dialélica (Cardoso et al., 2017), identidade genética (Pirovani et al., 2018), fisiologia em pós-colheita (Silva et al., 2015a, b), análise proteômica (Vale et al., 2014, 2016), resistência a doenças (Vivas et al., 2010, 2011, 2014b, 2015; Poltronieri et al., 2017, 2019; Oliveira et al., 2018a), entre outros.

3.2. Obtenção e condução de linhagens endogâmicas

A questão chave para os melhoristas de plantas está centrada na presença de variabilidade, sem a qual não é possível obter progressos no melhoramento genético. Em populações segregantes, quanto mais divergentes forem os seus genitores maior é a probabilidade do aumento da variabilidade genética obtida por meio das combinações alélicas favoráveis (Barbieri et al., 2005; Oliveira et al., 2018a). A variabilidade de um determinado germoplasma permite o emprego de técnicas que possibilitam a identificação de genótipos superiores. Todavia, a base genética quando restrita pode ocasionar sérias implicações como a inviabilidade de criação de novas cultivares e a intensificação da erosão genética devido ao uso do número reduzido de genótipos divergentes em hibridações artificiais (Coimbra et al., 2004).

Diante do cenário de estreita base genética intrínseco ao melhoramento do mamoeiro, a indicação adequada de genitores e o planejamento de cruzamentos para obtenção de populações segregantes estão entre as mais

importantes etapas para o sucesso do programa de melhoramento (Borém et al., 2017).

Uma população segregante deve ser conduzida por meio de sucessivas autofecundações utilizando métodos eficientes para obtenção de indivíduos homocigotos (linhagens endogâmicas), uma vez que as diferenças entre as plantas a serem detectadas são cada vez menores (Raposo et al., 2000). Dentre os métodos de condução disponíveis estão o de seleção massal (*bulk*), genealógico (*pedigree*), SSD (Single Seed Descent) e retrocruzamento.

O método de seleção massal ou *bulk*, é aquele em que as plantas são selecionadas com base no fenótipo, tem forte ação da seleção natural e é indicado para caracteres de alta herdabilidade; o método genealógico ou *pedigree* é aquele em que as plantas têm um controle parental detalhado (Bespalkok et al., 1999), enquanto o método mais utilizado em espécies autógamas é o SSD (Single Seed Descent ou Descendente de semente única). Esse método tem como principal característica separar a fase de aumento da endogamia da fase de seleção. É o procedimento que visa garantir que cada linhagem homocigota corresponda a uma planta na geração F₂. Além disso, permite o uso de diferentes ambientes e épocas, possibilitando que o tempo para obtenção do máximo da endogamia seja reduzido significativamente.

Em estudo de condução de populações segregantes em espécie autógama comparando vários métodos, Raposo et al. (2000) conclui que não há diferenças marcantes entre os métodos, desde que sejam conduzidos corretamente obedecendo seus princípios. No entanto, esses autores destacam que os métodos SSD e *bulk* apresentam-se como os mais vantajosos, pois a condução de populações por meio destes métodos é de manejo fácil e flexível.

Dentro do programa de mamoeiro da UENF, o método de retrocruzamento já foi utilizado para conversão de plantas ginóicas em plantas ginóica-andromonóicas (Silva et al., 2007), e na indicação das melhores progênes e identificação dos genótipos potenciais para o desenvolvimento de linhagens superiores (Ramos et al., 2014). Este método também foi utilizado para incorporação de regiões genômicas que controlam a característica de coloração da casca do fruto e estão associadas a tolerância da mancha fisiológica (Pinto et al., 2013a). Já no trabalho de Cortes et al. (2019) o método genealógico ou *pedigree* de condução de populações foi utilizado para seleção de plantas de

progênies com performances superiores, e o método SSD foi utilizado na obtenção de linhagens F₄ para identificação de QTL para as principais características agronômicas (Azevedo, 2019).

3.3. Análises multivariadas

A análise multivariada consiste em um conjunto de técnicas que podem ser utilizadas quando várias medidas são feitas em indivíduos ou objetos (Olkin e Sampson, 2001; Rencher, 2005; Hair Jr et al., 2009). Nessa análise, as medidas são denominadas variáveis e os indivíduos ou objetos são denominados unidades de investigação, amostragem ou ainda podem ser denominadas unidades experimentais. Assim, uma análise simultânea contendo duas ou mais variáveis pode ser considerada uma análise multivariada. Em geral, dados multivariados são frequentes, mas muitas vezes não são avaliados como tal. Todavia, diante da disponibilidade e crescimento do poder computacional atuais, é imprescindível o uso das análises multivariadas junto a análises estatísticas univariadas (Olkin e Sampson, 2001; Rencher, 2005; Hair Jr et al., 2009).

Vale ressaltar que para ser considerada verdadeiramente uma análise multivariada, todas as variáveis devem atender aos requisitos de aleatoriedade e inter-relação, de tal modo que seus diferentes efeitos não podem ser interpretados separadamente. A grande porção de informações que são coletadas simultaneamente dessas variáveis demanda técnicas complexas que convertem os dados avaliados em conhecimento. As informações são coletadas e armazenadas para triagem e conseqüente melhoria na tomada de decisões (Hair Jr et al., 2009). Contemporaneamente, os objetivos de programas de melhoramento genético podem ser alcançados de forma rápida e eficaz por meio da avaliação simultânea das características de interesse. Dessa maneira, as características morfoagronômicas são a primeira escolha usada para descrever e classificar um germoplasma específico.

No melhoramento de plantas, as técnicas de análise multivariada apresentam-se como instrumentos que em suma permitem predizer fenômenos genéticos como pleiotropia, estimar a diversidade e auxiliar na seleção de genótipos superiores em gerações segregantes, reunindo informações sobre um diverso conjunto de características de interesse (Cruz e Carneiro, 2006). Entre os objetivos que podem ser alcançados por meio da aplicação de técnicas de análise

multivariada no melhoramento de plantas estão a redução da dimensionalidade ou simplificação estrutural dos dados avaliados, sem perda de informações importantes; o agrupamento e classificação de objetos ou variáveis de acordo com sua similaridade; a natureza, direção e grau de relacionamento entre variáveis; previsão de valores de uma ou mais variáveis baseada na observação de outras; e construção e testes de hipóteses para validação de informações antecedentes (Johnson e Wichern, 2014).

As técnicas de análises multivariadas são classificadas em três grandes grupos (Johnson e Wichern, 2014). O primeiro grupo corresponde às técnicas de análises inferenciais sobre médias, e incluem a análise de variância multivariada (MANOVA), análise de regressão multivariada, e análise de trilha; o segundo grupo trata das técnicas de análises inferenciais sobre a estrutura de covariâncias, e incluem análise de componentes principais, análise fatorial, e análise de correlações canônicas; e o terceiro está relacionado às técnicas de análises para classificação e agrupamento, e incluem as análises discriminantes e de classificação e análises de agrupamento.

A utilização de técnicas multivariadas tem sido bastante diversificada nas investigações sobre o mamoeiro, como, exemplos, têm-se estimativa da diversidade genética em mamoeiro utilizando redes neurais (Barbosa et al., 2011), avaliação da resistência a múltiplas doenças foliares em germoplasma de mamão (Vivas et al., 2015), aplicação de seleção combinada no desenvolvimento de linhagens superiores de mamoeiro (Cortes et al., 2019).

3.4. Predição Blup via modelos mistos

Um modelo estatístico que é composto de fatores de efeito aleatório além do erro e de fatores de efeito fixo, além da média é chamado de modelo misto (Resende, 2004). O início das aplicações desta metodologia se deu no melhoramento animal na estimação do melhor preditor linear não viciado (BLUP - best linear unbiased prediction) (Henderson, 1975). Para o melhoramento vegetal também tem sido aplicada tal metodologia e conseqüentemente os programas de melhoramento de plantas perenes tem se favorecido das vantagens pertinentes ao método citado.

Nas últimas décadas, o procedimento REML/BLUP tem sido considerado como padrão para a estimação de componentes da variância por máxima

verossimilhança restrita (REML) e para a predição de valores genotípicos pela melhor predição linear não viciada (BLUP) em espécies perenes. Tal prática se tornou recorrente, pois os melhoristas de plantas enfrentam no campo certas particularidade nos ensaios experimentais associados ao desbalanceamento dos dados, a variabilidade ambiental, a diferenças quanto a sensibilidade dos materiais genéticos, e a heterogeneidade das variâncias dentro de uma rede experimental (Resende, 2000, 2004, 2016).

O uso do REML/BLUP traz como principais vantagens a comparação de indivíduos ou variedades numa série temporal (gerações, anos) e em diferentes espaços (localização, blocos), a correção simultânea de efeitos ambientais, a estimação acurada de componentes de variância e previsão de valores genotípicos, a análise de estruturas de dados complexas (medições repetidas, diferentes anos, localização e projetos), utilizando dados desbalanceados e desenhos não ortogonais (Resende, 2016).

Em modelos mistos com efeitos aleatórios de tratamentos, a predição BLUP tem como propriedades a maximização da acurácia seletiva, minimização do erro de predição, predição não viciada de valores genéticos, maximização do ganho genético por ciclo de seleção, maximização da probabilidade de selecionar o melhor entre dois genótipos; e a maximização da probabilidade de selecionar o melhor entre vários genótipos (Resende, 2004).

A aplicação dos modelos mistos no melhoramento de plantas tem sido realizada para diversas culturas, como pinhão-manso (Alves et al., 2019), goiaba (Ribeiro et al., 2019), pêssego (Oliveira et al., 2018d), capim elefante (Rodrigues et al., 2017), milho-pipoca (Santos et al., 2017), batata-doce (Borges et al., 2010).

No melhoramento de mamoeiro, o procedimento de modelagem mista tem sido utilizado com sucesso, a saber: seleção combinada em progênies segregantes (Pinto et al., 2013b), seleção combinada em população de retrocruzamento (Ramos et al., 2014), seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma (Vivas et al., 2014a), predição de ganhos genéticos com a seleção entre e dentro de progênies S_2 (Silva et al., 2017), seleção de linhagens recombinantes por fenotipagem baseada em imagem (Cortes et al., 2018a), desenvolvimento de linhagens superiores do grupo Formosa, utilizando o método *pedigree* e o procedimento REML/BLUP (Cortes et al., 2019).

3.5. Índice de Seleção

A função usada para discriminar espécies foi criada originalmente por Fisher (1936). No mesmo ano, Smith (1936) aplicou o conceito discriminante para a construção de um índice a fim de selecionar linhagens de plantas. No entanto, foram as contribuições de Hazel (1943) que resultaram na teoria clássica de índice de seleção que reúne numa combinação linear, os valores genéticos ponderados pelos pesos econômicos das características de interesse.

Em programas de melhoramento, a utilização da teoria clássica de índice de seleção se mostra como uma opção eficiente para selecionar de maneira simultânea um conjunto complexo de características de interesse econômico, permitindo assim combinar várias informações pertinentes as unidades experimentais (Cruz et al., 2012).

As características de plantas de mamoeiro sob avaliação não apresentam o mesmo valor do ponto de vista econômico. Então, um peso econômico determina o quão importante uma característica é no processo de seleção. Assim, o peso econômico é o primeiro passo para o melhorista definir o caminho de seleção a se seguir. Portanto, a definição do valor de cada característica deve ser realizado separadamente de acordo com o produto final a ser alcançado com a seleção, com a região e com as demandas de mercado (Hazel e Lush, 1942).

Neste sentido, os índices de seleção têm sido úteis em várias investigações, contribuindo de forma eficiente para selecionar múltiplas características simultaneamente em diferentes culturas, como na seleção entre e dentro de progênies de goiabeira para características de interesse agrônomo (Paiva et al., 2016), seleção de famílias superiores de pinhão manso utilizando valores genéticos preditos para múltiplas características considerando várias colheitas (Alves et al., 2019).

Assim como nas culturas acima citadas, a estratégia de índice de seleção também tem sido adotada para a cultura do mamoeiro com eficiência. Silva et al. (2008) aplicaram pela primeira vez a estratégia de índice de seleção em gerações segregantes de mamoeiro para produção de frutos comerciais, que combina simultaneamente variáveis ponderadas por pesos agrônomicos. Esses autores, concluíram que embora o índice de seleção tenha propiciado um menor ganho genético, este método gera uma maior expectativa de êxito nas próximas gerações por considerar variáveis agrônomicas favoráveis e desfavoráveis à

cultura. Sendo considerada a estratégia mais adequada por propiciar maiores chances de sucesso no avanço de gerações, Pinto et al. (2013), Ramos et al. (2014b) e Cortes et al. (2019) aplicaram a mesma metodologia na seleção de genótipos superiores de mamoeiro.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Obtenção de linhagens

As 97 linhagens F₅ de mamoeiro utilizadas no presente trabalho foram originadas do cruzamento inicial entre as linhagens Sekati e JS-12 provindas do Banco de Germoplasma do programa UENF/CALIMAN (Figura 1). A partir da geração F₂, os genótipos foram conduzidos por meio do método *Single Seed Descent* (SSD). Ambas as linhagens genitoras pertencem ao mesmo grupo heterótico (Formosa), contrastantes entre si para caracteres agronômicos e sensoriais. A linhagem Sekati possui frutos grandes, ótima firmeza de polpa e teor de sólidos solúveis mediano, sendo usado como fonte de espessura da polpa. Por sua vez, o JS-12 é divergente, apresentando firmeza de polpa moderada e teor de sólidos solúveis elevado, sendo utilizado como fonte de sabor. Além disso, esses genitores apresentam elevada capacidade geral de combinação em combinações híbridas com genótipos do grupo Solo como também com genótipos do grupo Formosa (Cardoso et al., 2014).

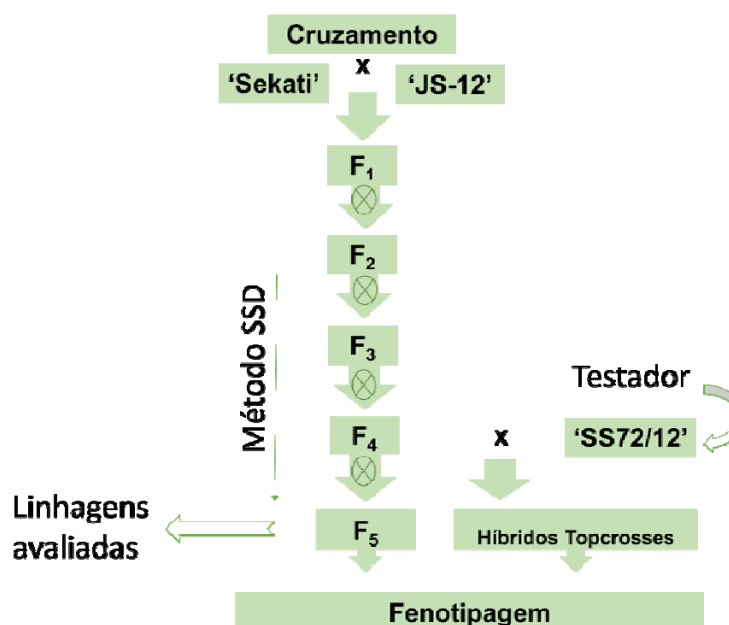


Figura 1. Fluxograma das etapas de obtenção e condução de população segregante F₅ e híbridos topcrosses de mamoeiro.

4.2. Condução e desenho experimental

O experimento foi conduzido na área comercial da Empresa Caliman Agrícola S.A., localizada no município de Linhares - ES, situado geograficamente entre os paralelos 19°06' – 19°18' de latitude sul e entre os meridianos 39°45' – 40°19' de longitude oeste. O experimento compreendeu 169 tratamentos, sendo composto por 97 linhagens, 62 híbridos topcross e 10 testemunhas (genótipos SS-72/12, Maradol, Waimanalo, 'UC01', 'Tainung', 'Golden', 'Aliança', 'UC10', JS-12 e Sekati). O delineamento experimental consistiu em látice 13 x 13 com cinco repetições, duas plantas por parcela com espaçamento 3,6 m entre fileiras e 1,8 m entre plantas. Tal delineamento envolveu ampla avaliação de aspectos agrônômicos quanto à qualidade, produtividade e resistência a doenças das linhagens F₅ e dos híbridos obtidos pelo cruzamento das linhagens F₄ com o testador SS-72/12.

4.3. Características morfoagronômicas avaliadas

As avaliações das linhagens foram realizadas nos meses de janeiro, maio e julho do ano de 2018. As características mensuradas foram: peso médio de fruto (PMF) expresso em gramas; firmeza do fruto (FF) e firmeza de polpa (FP)

expressas em Newtons; teor de sólidos solúveis (TSS) expresso em °Brix; comprimento do fruto (CF), diâmetro do fruto (DF), espessura da polpa (EP), comprimento da cavidade ovariana (CCO), diâmetro da cavidade ovariana (DCO) expressos em centímetros, volume de fruto (VF), volume da cavidade ovariana (VCO) e volume do polpa (VP) expresso em centímetro cúbico, e rendimento de polpa (RENDP) expresso em porcentagem.

As mensurações das características CF, DF, EP, CCO, DCO, VF, VCO, VP e RENDP foram realizadas no Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV) da UENF, a partir de imagem digital obtidas de 3 frutos por planta. Enquanto as características PMF, FF, FP e TSS foram mensuradas no laboratório de controle de qualidade da Empresa Caliman Agrícola S.A.

A mensuração da característica PMF foi obtida pela pesagem dos frutos realizada em balança analítica. A mensuração da característica TSS foi alcançada por meio de suco extraído por prensa de mão de uma amostra da polpa da região mediana, com o auxílio de um refratômetro portátil modelo Densito 30PX Density meter marca Mettler Toledo.

Para mensuração da característica FF foram realizadas perfurações em três pontos equidistantes na região equatorial do fruto. Já para a característica FP, a mensuração foi obtida cortando-se o fruto em duas faces iguais, no sentido transversal com perfuração de três pontos equidistantes na polpa do fruto. As firmezas de fruto e de polpa foram avaliadas pela resistência a penetração, utilizando-se de um Penetrômetro Digital de Bancada (*FruitPressureTester*, Italy, Modelo 53205) com adaptador de 3,0 x 3,0 cm (altura x diâmetro).

As imagens digitais foram obtidas a partir dos frutos cortados longitudinalmente, escaneados em um scanner modelo Optico Pro A320. A partir destas imagens, os valores das mensurações digitais dos frutos foram obtidos para as características CF, DF, CCO, DCO, EP, VF, VCO, VP, e RENDP, conforme metodologia de obtenção de imagens digitais proposta por Santa-Catarina et al. (2018). A característica EP foi mensurada utilizando as ferramentas *Straight e Wand*. Já as características CF, CCO, DF e DCO foram mensuradas através dos parâmetros *major* e *minor* fornecidos pelo software ImageJv1.50c.

A característica VP foi obtida pela diferença entre VF (volume do fruto) e VCO (volume da cavidade ovariana) utilizando as mensurações dos comprimentos e diâmetros do fruto e da cavidade ovariana, seguindo a

fórmula $V_e = \pi(L \times D^2/6)$, em que V_e é o volume estimado, L é o comprimento e D o diâmetro, conforme descrito por Santa-Catarina et al. (2018) adaptado de Koc (2007). RENDP foi obtido seguindo a fórmula: $RENDP = (VP \times 100)/VF$.

4.4. Análises estatísticas

4.4.1. Análise de variância, parâmetros genéticos, teste de médias e correlação de Pearson

As observações provenientes dos 169 tratamentos (linhagens, híbridos e testemunhas) foram submetidos a análise de variância considerando o delineamento em látice quadrado, para testar a significância dos efeitos, com auxílio do software SAS (SAS Institute, Cary, NC, USA). Para análise de variância, foi utilizado o seguinte modelo estatístico:

$$Y = \mu + r(j) + b/r(k)(j) + G(i) + e_{ijk}$$

Onde:

μ é a constante geral;

$r(j)$ é o efeito da j-ésima repetição $\sim NID(0, \sigma^2_r)$;

$b/r(k)(j)$ é o efeito do k-ésimo bloco, na j-ésima repetição $\sim NID(0, \sigma^2_b)$;

$G(i)$ é o efeito do i-ésimo genótipo $\sim NID(0, \sigma^2_g)$; e

e_{ijk} : é o erro experimental $\sim NID(0, \sigma^2)$.

No quadro 1 é apresentado o esquema da análise de variância, com as respectivas esperanças dos quadrados médios.

Quadro 1. Análise de variância conjunta e as esperanças de quadrados médios para as respectivas fontes de variação.

FV	GL	QM	E(QM)	F
REP	(r-1)	QMRep	$\sigma^2 + gb\sigma^2_R$	-
Bloco/Rep	r(k-1)	QMB	$\sigma^2 + g\sigma^2_{B/R}$	-
Genótipo	(g-1)	QMG	$\sigma^2 + rb\sigma^2_G$	QMG/QMR
Linhagens	(i-1)	QML	$\sigma^2 + rb\sigma^2_L$	QML/QMR
Híbridos	(h-1)	QMH	$\sigma^2 + rb\sigma^2_H$	QMH/QMR
Testemunha	(t-1)	QMT	$\sigma^2 + rb\theta^2_T$	QMT/QMR
E.C.	(ec-1)	QMEC	$\sigma^2 + rb\theta^2_{EC}$	QMEC/QMR
Resíduo	(k-1)(rk-k-1)	QMR	σ^2	-
Resíduo-L	-	QMRL	$^*\sigma^2$	-
Total	(gr)-1	-	-	-

k = número de blocos; r = número de repetições; g = número de genótipos; Resíduo-L = resíduo linhagens; FV = fonte de variação; EC = entre categorias.

Para cada característica as estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas por:

- Variância residual linhagem: $^*\sigma^2 = \text{QMRL} \quad (1)$

- Variância genotípica: $\sigma^2_g = \frac{(\text{QMRL} - \text{QML})}{r \frac{k}{k+1}} \quad (2)$

- Variância fenotípica: $\sigma^2_{Fe} = \frac{\text{QML}}{r \frac{k}{k+1}} \quad (3)$

- Herdabilidade: $h^2 = \frac{\sigma^2_g}{\sigma^2_{Fe}} \quad (4)$

- Coeficiente de variação experimental: $CV_e(\%) = \left(\frac{100 \sqrt{\sigma^2_{Fe}}}{\bar{x}} \right) \quad (5)$

- Coeficiente de variação genético: $CV_g(\%) = \left(\frac{100 \sqrt{\sigma^2_g}}{\bar{x}} \right) \quad (6)$

Índice de variação: $Iv(\%) = \frac{CV_g}{CV_e} \times 100 \quad (7)$

Foi realizado o agrupamento de médias das linhagens F₅ pelo algoritmo Scott Knott ao nível de 5% de probabilidade.

Os coeficientes de correlação de Pearson entre as características das linhagens F₅ foram determinados utilizando a matriz de dados, seguindo a equação a seguir:

$$\bullet r = \frac{\text{Cov}(x,y)}{\sqrt{V(x)V(y)}} \quad (8)$$

Em que:

X e Y são duas variáveis quantitativas aleatórias;

Cov é a covariância;

V é a variância.

Para visualização gráfica dos coeficientes de correlação foi utilizado o pacote corrplot no software R.

Todas as observações fenotípicas mensuradas foram submetidas às pressuposições da normalidade da distribuição dos dados pelo teste Shapiro-Wilk e homogeneidade das variâncias pelo teste de Bartlett. Além disso, também foi executado diagnóstico de multicolinearidade na matriz de correlação residual pelo software Genes (Cruz, 2013), a fim de descartar características redundantes nos resultados nas análises multivariadas.

4.4.2. Diversidade genética

Foram realizadas análises de estatística descritiva, componentes principais (PCA) e agrupamento. Foram utilizadas as médias (cada valor é a média de três épocas de avaliação) de sete características morfoagronômicas relacionadas à qualidade de frutos avaliadas em noventa e sete linhagens F₅.

Para realização da PCA, os dados foram submetidos aos testes de Bartlett e índice de Kaiser-Meyer-Olkin (KMO), que indicam a adequação dos dados e confirmam a significância das correlações existentes entre as características avaliadas. A análise foi realizada pela decomposição do valor singular (SVD) considerando o seguinte modelo:

$$\bullet \frac{(T_{ij} + \beta_j)}{s_j} = \sum_{n=1}^2 \lambda_n \xi_{in} \eta_{jn} + \varepsilon_{ij} = \sum_{n=1}^2 \xi_{in} \eta_{jn} + \varepsilon_{ij} \quad (9)$$

Onde T_{ij} é o valor médio do genótipo i para a característica j ; β_j é o valor médio de todos os genótipos para a característica j ; S_j é o desvio padrão da característica j entre as médias dos genótipos; λ_n é o valor do componente principal n (CP_n); ξ_{in} e η_{jn} são as pontuações para o genótipo i e característica j no CP_n , respectivamente; e ε_{ij} é o resíduo associado ao genótipo i na característica j .

Para análise de agrupamento, foi obtida a matriz de dissimilaridade, com base na distância generalizada de Mahalanobis ($D_{ii'}$) seguindo a equação a seguir:

$$\bullet D_{ii'}^2 = \delta' \varphi^{-1} \delta \quad (10)$$

Em que:

$D_{ii'}^2$: distância generalizada de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

φ^{-1} : matriz de variância e covariâncias residuais;

δ' : [$d_1 d_2 \dots d_n$] sendo $d_j = X_{ij} - X_{i'j}$;

X_{ij} : média do i -ésimo genótipo em relação à j -ésima variável.

Com a matriz de distância foi utilizado o método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*) para agrupamento e construção do dendrograma.

A determinação do número ótimo de grupos foi realizada por meio do método de Mojena, adotando $k= 1,25$ como regra de parada, baseado no tamanho relativo dos níveis de fusão do dendrograma, como sugerido por Milligan e Cooper (1985).

Todas as análises para estimação de diversidade foram realizadas no software R. Os pacotes psych, FactoMineR e factoextra foram utilizados para a PCA, e para a análise de agrupamento foram utilizados os pacotes hclust, ggplot2, ggpubr e factoextra.

4.4.3. GT biplot

Para análise GT biplot foram utilizadas as médias de nove características morfoagronômicas avaliadas em noventa e sete linhagens. As médias foram organizadas como estrutura de linha x coluna para aplicação do método GT biplot (Yan e Rajcan, 2002) para visualização em um biplot genótipo por característica.

A análise multivariada GT biplot foi realizada pela decomposição do valor singular (SVD) considerando o modelo descrito anteriormente na análise de PCA.

Um biplot 2-D é uma aproximação gráfica de uma tabela de dados bidirecional. Isso envolve duas etapas: decompor a tabela de duas vias em componentes principais (CPs) e plotar as pontuações do CP1 em relação às pontuações do CP2 para cada uma das linhas e colunas para formar um biplot. Os dois primeiros CPs foram usados para agrupar os genótipos, cujos valores foram usados para gerar os biplots; CP1 foi usado no eixo horizontal, enquanto CP2 foi usado no eixo vertical. A análise GT biplot foi realizada utilizando o pacote GGEbiplotGUI no software R (Wickham, 2016).

4.4.4. Índice de Seleção

Os valores genotípicos, ou médias genotípicas utilizados para criação de um índice de seleção foram estimados pelo procedimento BLUP (melhor preditor linear não viciado), utilizando o software Selegen-REML/BLUP, apresentado por (Resende, 2016). O seguinte modelo estatístico foi utilizado para a avaliação genética dos dados, considerando o delineamento em látice 13 x 13 em três épocas de avaliação:

$$\bullet y = X_m + Z_g + W_b + T_p + e \quad (11)$$

Em que y é o vetor de dados, m é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), p é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios) e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas (X , Z , W e T) representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O modelo estatístico 70 do *software* Selegen foi utilizado considerando que os materiais são derivados de autofecundação. Esse modelo é indicado para avaliação de genótipos (acessos, cultivares, clones, híbridos, linhagens e famílias) em várias repetições no desenho experimental látice.

A seleção combinada foi realizada com base na média da parcela, para identificação dos melhores genótipos. Para tanto, valores genotípicos padronizados foram multiplicados pelos pesos agrônômicos. Para padronização

do VG's utilizou-se a metodologia descrita por Ramos et al. (2014b), de acordo com o seguinte modelo:

$$\bullet \text{ VG} = \left(\frac{X_g - \bar{X}_g}{sX_g} \right) \quad (12)$$

Onde X_g é o valor mensurado no indivíduo para a variável x , \bar{X}_g é a média geral da variável, e sX_g é o desvio padrão.

Os pesos agronômicos utilizados foram os descritos por Ramos et al. (2014b): Peso médio de fruto-PMF (1), firmeza de fruto-FF (100), firmeza de polpa-FP (100), teor de sólidos solúveis-TSS (100), espessura de polpa-EP (70). E os pesos agronômicos para as características comprimento da cavidade ovariana-CCO (1), diâmetro da cavidade ovariana-DCO (1), volume de polpa-VP (100) e rendimento de polpa-RENDP (100) consideraram a importância para a cultura do mamoeiro.

O índice foi construído como descrito a seguir:

$$\bullet \text{ IVGP} = (\text{VG1} \times p1) + (\text{VG2} \times p2) + \dots + (\text{VGn} \times pn) \quad (13)$$

Em que, VG é o valor genotípico predito padronizado e p é o peso agronômico estabelecido para cada variável.

Os procedimentos necessários para construção do índice de seleção foram realizados pelo software Selegen REML/BLUP (Resende, 2016) e pelo Microsoft office Excel 2016. Foi praticada uma intensidade de seleção de 30 % para a indicação das melhores linhagens.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Análise de variância, parâmetros genéticos, teste de médias e correlação de Pearson

No resumo da análise de variância encontram-se os valores dos quadrados médios dos tratamentos com as respectivas significâncias, bem como do seu desdobramento nas categorias linhagens, híbridos e testemunhas. Considerando a categoria linhagens, a análise de variância apresentou diferença estatística significativa ao nível de 5 % de probabilidade pelo teste F, para a maioria das características (Tabela 1). A existência de diferença significativa entre as linhagens avaliadas permite inferir que há variabilidade entre as mesmas para todas as características, com exceção para teor de sólidos solúveis, indicando uma limitada divergência genética para esta característica. A existência de variabilidade é imperativa para o programa de melhoramento genético do mamoeiro, pois permite a seleção de genótipos superiores com características morfoagronômicas desejáveis.

Tabela 1. Resumo da análise de variância para características relacionadas à qualidade do fruto de mamoeiro. Campos dos Goytacazes, 2020.

FV	GL	QM								
		PMF	FF	FP	TSS	EP	CCO	DCO	VP	RENDP
Repetição	4	292400,27	213,57	198,9	2,32	0,08	2,70	2,12	113195,54	20,99
Bloco/repetição	60	102514,04	58,47	45,18	1,86	0,07	3,70	0,5	47190,63	29,84
Tratamentos	168	294262,39**	111,86**	78,45**	3,64**	0,19**	23,99**	1,58**	206501,4**	121,15**
Linhagens	96	293766,83**	143,35**	70,91*	2,80 ^{ns}	0,19**	16,5**	1,08**	183981,73**	51,12**
Híbridos	61	63677,79**	56,16 ^{ns}	49,34*	1,87 ^{ns}	0,05 ^{ns}	6,98**	0,59**	27371,31**	56,07**
Testemunhas	9	293199,27	21,05	149,28	0,30	0,20	13,35	0,48	166892,55	32,19
EC	2	32073704,37	6986458,745	736,30355	117,7591	0,34885	1,4811	23,7311	178793,33	16861581,32
Resíduo	612	54672,27	40,99	35,47	1,47	0,05	3,67	0,33	31536,97	24,43
Total	844	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Média Geral		1154,78	126,88	85,72	10,18	2,68	17,26	5,21	807,16	75,29
Média Linhagens		1249,76	126,66	87,40	9,75	2,78	18,56	4,83	928,44	79,36
Média Testemunhas		1207,68	127,85	86,42	9,80	2,58	16,70	5,48	797,37	73,08
Resíduo Linhagens		62662,65	40,74	40,90	1,76	0,06	4,53	0,39	39580,33	25,67

FV: fonte de variação; GL: grau de liberdade; QM: quadrado médio, EC: entre categorias, **: Significativo a 1%, * Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; ns: não significativo,

PMF: peso médio de fruto (g); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); EP: espessura da polpa (cm); CCO: Comprimento da cavidade ovariana (cm); DCO: diâmetro da cavidade ovariana (cm); VP: volume de polpa (cm³), RENDP: rendimento de polpa (%).

Com base nas estimativas dos coeficientes de variação genético (CVg) observa-se valores relativamente baixos (3,02 a 19,52 %), assim como para os coeficientes de variação experimental (CVe) que apresentaram valores variando de 5,04 a 21,43 %. Quanto as estimativas de herdabilidade (h^2), observa-se valores que variaram de médio a alto (0,48 a 0,83). Os índices de variação (Iv) que variaram de 0,40 a 0,91, apresentaram em geral elevados valores, excetuando-se TSS (0,40), FP (0,43) e RENDP (0,47) (Tabela 2).

Os coeficientes de variação experimental obtidos foram considerados baixos para a maioria das características avaliadas e indicam precisão experimental conforme critério proposto por Ferreira et al. (2016). Em sua pesquisa, Cortes et al. (2018) constataram que os baixos coeficientes de variação refletiram precisão experimental no tocante à avaliação da eficiência metodológica de fenotipagem por imagens para características agrônômicas em linhagens recombinadas de mamoeiro F₄. De igual modo, Azevedo (2019) verificou precisão experimental para as características relacionadas a qualidade de fruto em linhagens recombinadas de mamoeiro na geração F₄. Logo, esses resultados demonstram confiabilidade nas escolhas quanto aos delineamentos experimentais utilizados, bem como nas estratégias de condução e avaliação de ensaios realizados para o melhoramento do mamoeiro.

Tabela 2. Componentes da variância e parâmetros genéticos de características morfoagronômicas de mamoeiro. Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

Característica	Parâmetros							Média
	σ^2	σ^2_g	σ^2_{Fe}	h^2	CV_g	CV_e	Iv	
PMF	62662,65	51497,29	63272,86	0,81	18,16	20,03	0,91	1249,76
FF	40,74	22,05	30,88	0,71	3,71	5,04	0,74	126,66
FP	40,90	7,63	15,27	0,50	3,16	7,32	0,43	87,40
TSS	1,76	0,29	0,60	0,48	5,49	13,61	0,40	9,75
EP	0,06	0,03	0,04	0,74	6,25	8,81	0,71	2,78
CCO	4,53	2,76	3,55	0,78	8,96	11,47	0,78	18,56
DCO	0,39	0,16	0,23	0,69	8,32	12,93	0,64	4,83
VP	39580,33	32834,26	39626,83	0,83	19,52	21,43	0,91	928,44
RENDP	25,67	5,75	11,01	0,52	3,02	6,38	0,47	79,36

σ^2 : variância residual; σ^2_g : variância genotípica; σ^2_{Fe} : variância fenotípica; h^2 : herdabilidade; CV_g : coeficiente de variação genético; CV_e : coeficiente de variação experimental; Iv : Índice de variação. PMF: peso médio de fruto (g); FF: firmeza do fruto (N); FP: Firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); EP: espessura da polpa (cm); CCO: Comprimento da cavidade ovariana (cm); DCO: diâmetro da cavidade ovariana (cm); VP: volume de polpa (cm³); RENDP: rendimento de polpa (%).

Com relação ao coeficiente de variação genético (CVg), que expressa a quantidade de variação genética em porcentagem, os maiores valores foram observados para PMF e VP, sendo estas características de grande importância, pois estão relacionadas ao rendimento de frutos em plantas de mamoeiro. Este coeficiente reflete ampla variabilidade genética existente para estas características e podem ser adequadamente utilizados para o melhoramento genético, permitindo a seleção de genótipos promissores baseado na sua variação genética livre de causas ambientais.

Quanto ao índice de variação (Iv) que é a relação entre os coeficientes de variação experimental e genético, e expressa a proporção de variação devido a causas genéticas, foi possível observar que grande parte da variação ocorrida nas características PMF e VP foi consequente de causas genéticas, indicando uma situação favorável em resposta a seleção segundo Vencovsky (1987). Em contrapartida, FP e TSS ao exibir os menores valores indicam que a escolha baseada nestas características para selecionar genótipos superiores não seria tão favorável, pois a obtenção de ganhos genéticos seria reduzida, sendo esta situação um indicativo de limitação no progresso genético (Ramos et al., 2012).

Para a maioria das características avaliadas, os valores de herdabilidade refletem uma expectativa quanto a significativos ganhos genéticos no processo de seleção. Segundo Barros et al. (2017) a herdabilidade expressa o quanto da variação observada é herdável. Pinto et al. (2013) observaram de maneira correlata a herdabilidade em progênies segregantes de mamoeiro, que apresentaram valores de baixo a médio para características relacionadas a qualidade de fruto. Estes autores indicam que possíveis causas para essa situação podem ser atribuídas a estreita base genética da população segregante ou a condições ambientais que afetam os componentes de variação.

As médias das nove características foram agrupadas pelo algoritmo de Scott-Knott (Apêndice A), com formação de um a cinco grupos distintos. Com relação ao PMF, as linhagens se dividiram em cinco grupos, e as que apresentaram as maiores médias foram 61, 86 e 96. O grupo com menores médias foi composto por dezoito linhagens, dentre elas, as linhagens 88 e 52 que apresentam peso com padrão comercial Solo (PMF < 700g). Para a característica FF, as linhagens se dividiram em quatro grupos, e os melhores valores variaram de 141,3 a 149,2 N, sendo as linhagens 39, 63, 51 e 7 pertencentes a este grupo.

Já para a característica FP, as médias se dividiram em apenas dois grupos, e as linhagens com melhores médias variaram de 86,8 a 98,9 N. Igualmente para a característica TSS, as linhagens foram divididas em dois grupos, em que as linhagens com as melhores médias variaram de 9,8 a 11,9 °Brix. Para as características EP e DCO não foi observada distinção entre as médias das linhagens. Enquanto para CCO as linhagens se dividiram em 3 grupos distintos. Para VP houve formação de quatro grupos, e as melhores médias variaram de 1383,3 a 1652,9 cm³, sendo as linhagens 106, 63, 96, 86, 19, 107 e 61 pertencentes a este grupo. Em termos de porcentagem, o rendimento das linhagens se dividiu em apenas dois grupos, em que os melhores resultados variaram de 80,4 a 89,2 % de rendimento de polpa.

Todas as linhagens que apresentaram melhor média para PMF e FF superaram as testemunhas Tainung, UC01 e UC10 que são as principais cultivares utilizadas em campos de produção para frutos com padrão comercial Formosa no Brasil. Para TSS todas as linhagens com melhores médias tiveram desempenho superior a variedade UC01. Nota-se que há linhagens promissoras dentre os genótipos avaliados, visto que para produção de fruto em mamoeiro, uma das características que denotam produtividade é PMF e as que indicam qualidade são firmeza e sólidos solúveis.

Referente às correlações existentes entre as características avaliadas, a análise de correlação de Pearson revelou coeficientes significativos entre as variáveis mensuradas (Figura 2). Os coeficientes de correlação positiva foram observados entre PMF e VP ($r = 0,92$), EP e VP ($r = 0,79$), PMF e EP ($r = 0,72$), PMF e CCO ($r = 0,67$), PMF e DCO ($r = 0,63$), CCO e VP ($r = 0,59$), FF e FP ($r = 0,48$), CCO e DCO ($r = 0,40$). Por sua vez RENDP e DCO ($r = -0,71$), VP e TSS ($r = -0,16$) apresentaram correlação negativa, respectivamente.

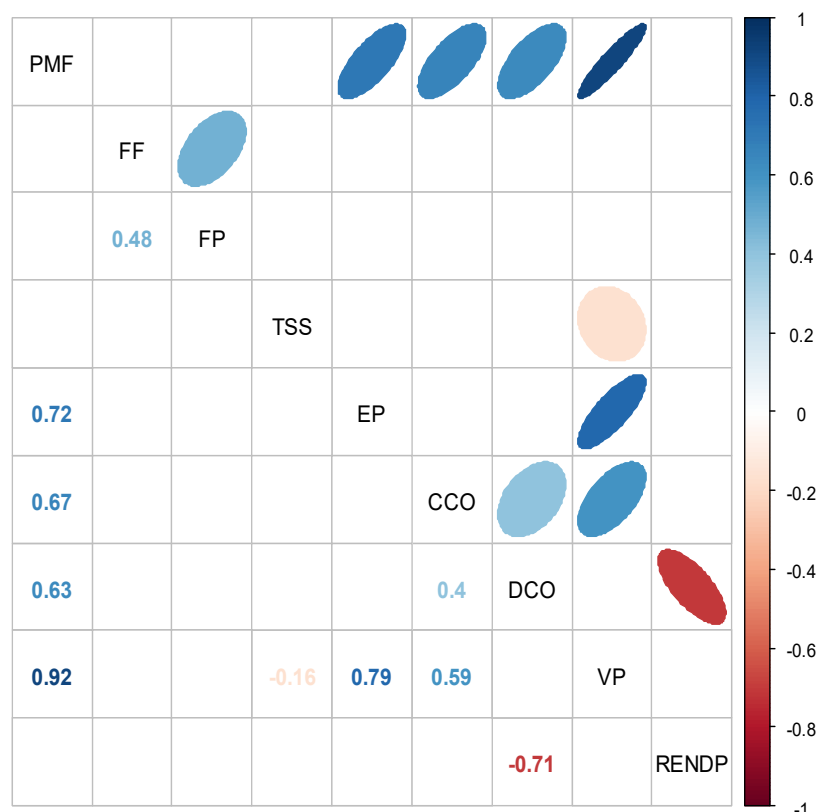


Figura 2. Correlação de Pearson entre nove características morfoagronômicas em mamoeiro. PMF: Peso médio de fruto (g); FF: Firmeza de fruto (N); FP: Firmeza de polpa (N); TSS: Teor de sólidos solúveis (°Brix); EP: Espessura da polpa (cm); CCO: Comprimento da cavidade ovariana (cm); DCO: Diâmetro da cavidade ovariana (cm); VP: Volume da polpa (cm³); e RENDP: Rendimento da polpa (%). Quadros com coeficientes em branco não foram significativos ($P < 0.05$).

A estimativa de correlações entre características relacionadas a qualidade de fruto em mamoeiro é etapa primordial na decisão de critérios a serem utilizados em um programa de melhoramento para seleção de genótipos superiores. Considerando que muitas vezes o processo de seleção é dificultado pela existência de características de baixa herdabilidade ou de difícil mensuração, é importante conhecer como e quanto a variação de uma característica pode refletir nas demais (Cruz et al. 2004).

De modo geral, observa-se que os coeficientes positivos entre a característica PMF e as demais foram de alta magnitude para as linhagens avaliadas. Enquanto os coeficientes positivos de magnitude moderada foram encontrados entre os pares de características (FF e FP), (CCO e DCO) e (CCO e VP). Observa-se também a alta magnitude nos coeficientes negativos de

correlação entre as características RENDP e DCO, enquanto as características TSS e VP exibiram coeficientes de baixa magnitude. Deste modo, as correlações indicam uma tendência de que frutos com os maiores rendimentos de polpa apresentam as menores dimensões para diâmetro de cavidade ovariana, e que frutos menores apresentam os maiores valores quanto ao conteúdo de sólidos solúveis.

Correlações positivas entre peso de fruto, diâmetro da cavidade ovariana e espessura de polpa observados nesta avaliação são corroborados pelos encontrados por Oliveira et al. (2010) ao avaliarem acessos pertencentes ao banco de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura, assim como os apresentados por Reis et al. (2015) ao avaliarem novos genótipos (linhagens e híbridos) para caracterização físico-química de frutos de mamoeiro. Outro trabalho utilizando correlação fenotípica que também corrobora com os encontrados nesta avaliação, em que Souza et al. (2014) verificaram a correlação negativa entre rendimento de polpa e diâmetro de cavidade ovariana.

A estrutura de correlações compartilhada entre as características morfoagronômicas fornece subsídio para a prática da seleção indireta e sustenta a escolha de uma característica em detrimento de outra para alcance de progresso genético em programas de melhoramento (Falconer e Mackay, 1989).

5.2. Diversidade genética

Quanto à análise de componentes principais, foi possível obter três componentes significativos (Tabela 3). Tais componentes são ortogonais e obtidos pela combinação linear das variáveis originais para discriminar e maximizar o entendimento da estrutura de correlação existente entre as características morfoagronômicas avaliadas (Abdi e Willians, 2010; Silva e Sbrissia, 2010). Os três primeiros componentes retidos explicam aproximadamente 77 % da variabilidade do conjunto de linhagens avaliadas. A significância dos componentes foi considerada a partir do critério da raiz latente (Hair Jr et al., 2009). Este critério retém os componentes que apresentam autovalor > 1 . As Cargas fatoriais mostram a correlação entre a variável e o componente, indicando a qualidade da representação, e foram consideradas as mais relevantes quando apresentaram valores acima de 0,55.

Tabela 3. Loadings, autovalor, variância relativa e variância acumulada nos componentes principais de sete características morfoagronômicas em linhagens de mamoeiro. Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

Característica	Componentes				
	1	2	3	4	5
PMF	0.86*	-0.40	-0.12	0.24	0.03
FF	0.45	0.65*	-0.24	0.21	-0.52
FP	0.34	0.72*	-0.25	0.28	0.49
TSS	-0.20	0.07	0.78*	0.59*	-0.04
EP	0.88*	-0.12	0.26	-0.11	0.13
VP	0.93*	-0.29	0.01	0.04	-0.08
RENDP	0.38	0.51	0.52	-0.55*	-0.01
Autovalor	2,88**	1,45**	1,07**	0,84	0,52
Variância Relativa (%)	41,20	20,80	15,40	12,05	7,55
Variância Acumulada (%)	41,20	62,00	77,36	89,41	96,96

*Cargas fatoriais $\geq 0,55$ são significativos ($P < 0,05$); ** Autovalor > 1 são significativos. PMF: peso médio de fruto; FF: firmeza do fruto; FP: firmeza de polpa; TSS: teor de sólidos solúveis; EP: espessura da polpa; VP: volume de polpa; RENDP: rendimento de polpa.

O primeiro componente é a combinação das variáveis que explicam a maior proporção da variação total dos dados. No presente estudo, o primeiro componente explicou 41,20 % da variação total, sendo as características peso médio de fruto, espessura de polpa e volume de polpa as que apresentaram os maiores valores de cargas fatoriais para esse componente. Desse modo, pode-se inferir que as características morfológicas relacionadas ao tamanho do fruto são responsáveis pela maior parte da variação das linhagens. O segundo componente foi representado pelas características firmeza de fruto e firmeza de polpa. A característica teor de sólidos solúveis representou a variabilidade predominante no terceiro e último componente significativo.

Em uma análise de componentes principais, a variação explicada pelos primeiros componentes será maior quanto menos características forem avaliadas ou quando estas características pertencerem a partes específicas da planta (Pereira et al., 1992). De tal modo, pode-se verificar nos resultados de alguns estudos envolvendo análise de componentes principais na cultura do mamoeiro

que, para classificar a variabilidade de genótipos (variedades e materiais exóticos) poucos descritores relacionados a qualidade de frutos explicaram 99,51 % nos três primeiros componentes (Singh et al., 2010). Por outro lado, quando foi utilizado características qualitativas e quantitativas relacionadas a morfologia da planta de mamoeiro (folhas, flores, sementes e frutos) foi observada 67 % da variabilidade nos primeiros três componentes (Oliveira et al., 2012).

A variância do conjunto de linhagens está apresentada em um screeplot contendo os sete componentes principais obtidos (Figura 3). A partir do terceiro componente a variação se tornou mais estável com diminuição da contribuição para o total da variabilidade entre as linhagens. As características representadas nos componentes de maior variância foram as relacionadas ao peso dos frutos, e podem ser usadas como estratégia/critério no melhoramento genético para diferenciação dos genótipos sob análise.

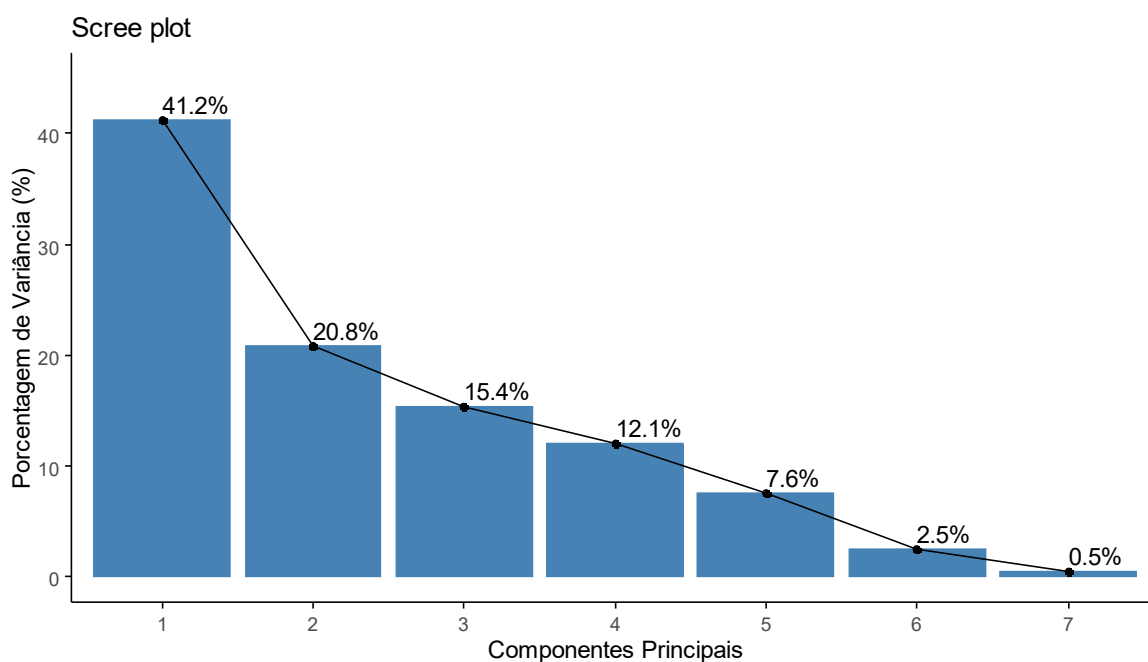


Figura 3. Screeplot da variância representada por componentes principais para as linhagens F₅ de mamoeiro.

Em geral, apenas os dois primeiros componentes são utilizados para visualização da diversidade, quando representam pelo menos 80% do total da variação. Entretanto, em situações particulares em que esse percentual não é

atingido pelos primeiros componentes, a análise é complementada por um gráfico de dispersão para apresentar a variação presente no terceiro ou quarto componente (Barbosa, 2010). Portanto, para observar a variação presente no conjunto de linhagens F₅ de mamoeiro foi construído um gráfico de dispersão de acordo com os três primeiros componentes (Figura 4) que exibe a variabilidade entre linhagens baseada nas características morfoagronômicas avaliadas de acordo com o padrão comercial (Solo, Intermediário e Formosa).

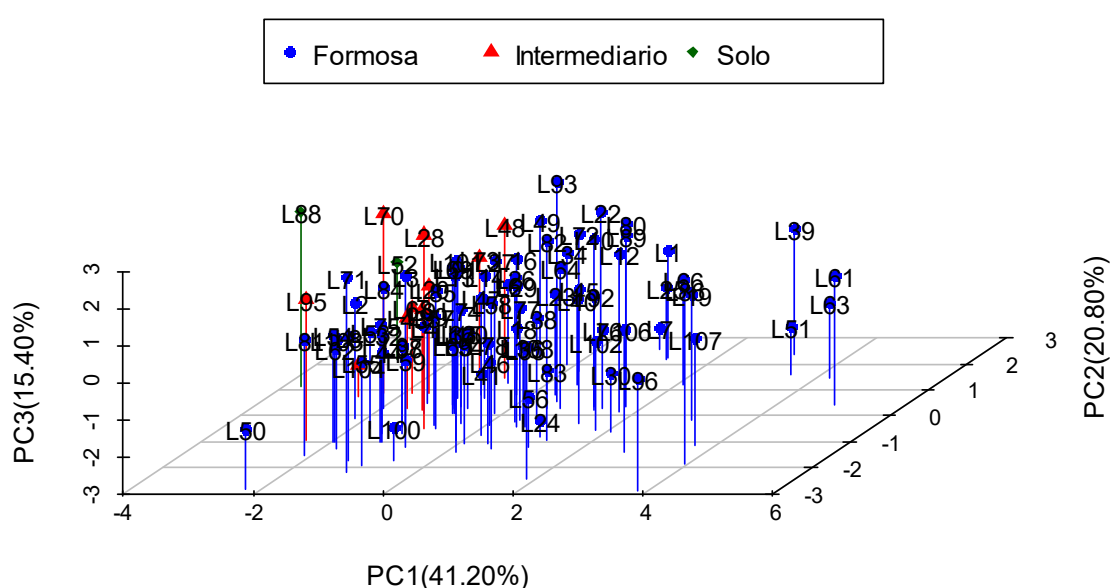


Figura 4. Dispersão das linhagens de mamoeiro classificadas por peso (Solo, Intermediário e Formosa), nos três primeiros componentes principais (77,36 % da variabilidade total) baseada em sete características morfoagronômicas.

A partir da análise de componentes principais, foi possível obter a porcentagem de contribuição das características morfoagronômicas para a variabilidade das linhagens nos três primeiros componentes (Figura 5). Todas as características relacionadas a morfologia do fruto de mamão apresentaram contribuição acima de 15 %. Além disso, as demais características apresentaram mais de 10 % de contribuição na avaliação da variabilidade entre as linhagens F₅ de mamoeiro. Singh et al. (2010) apresentaram as características relacionadas ao tamanho do fruto como as responsáveis pela maior parte da variação para a

classificação de genótipos (variedades e materiais exóticos) de mamoeiro. Zou et al. (2019) verificando a eficiência de seleção recorrente em akebia também apresentaram grande influência para a divergência relacionadas a características morfológicas do fruto. Em estudo de diversidade de genótipos de amoreira Farahani et al. (2019) também encontraram as características de peso de fruto explicando a maior parte da divergência, indicando que estas características de natureza quantitativa apresentam expressiva variabilidade decorrente da alta influência ambiental.

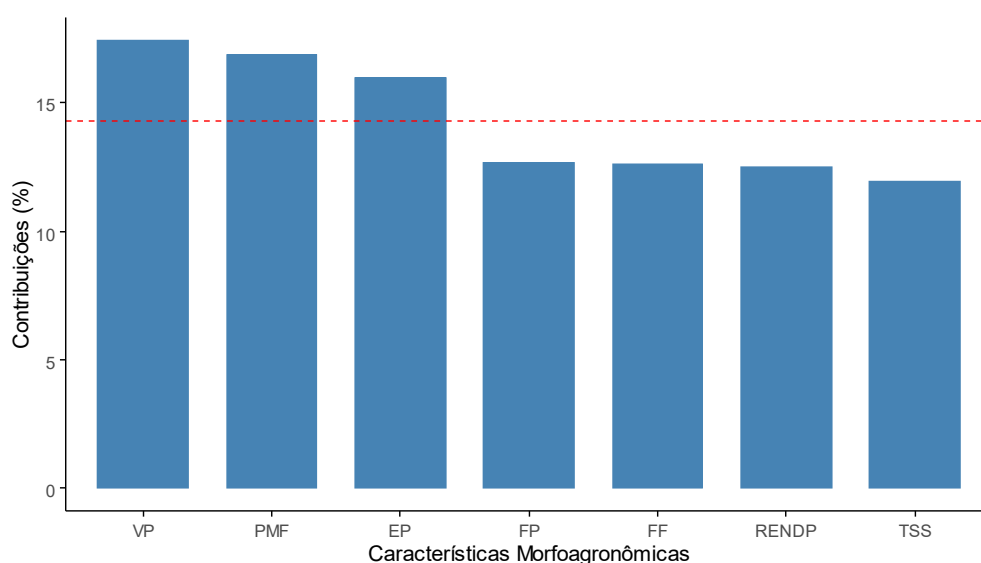


Figura 5. Contribuições (%) para variabilidade das linhagens F_5 de características morfoagronômicas em três componentes principais.

A contribuição das vinte linhagens para variabilidade na análise de componentes principais é apresentada na figura 6. As vinte linhagens que mais contribuíram, de acordo com a suas pontuações nos componentes principais são exibidas na tabela 4. As linhagens 50 e 51 destacaram-se por suas pontuações nos componentes 1, 2 e 3 simultaneamente, enquanto as linhagens 39 e 96 se destacaram nos componentes 1 e 2 ao mesmo tempo. Já as linhagens 24 e 70 apresentaram boas pontuações ao mesmo tempo para os componentes 1 e 3; as linhagens 48 e 100 se destacaram nos componentes 2 e 3 conjuntamente. As linhagens que se destacaram em apenas 1 componente foram as linhagens 61 e 107. É interessante salientar que para obtenção de linhagens superiores além da

verificação da variabilidade disponível, é necessário que estas linhagens possuam características de interesse para os programas de melhoramento genético de mamoeiro, e que apresentem características favoráveis que possibilitem ganhos genéticos com a seleção.

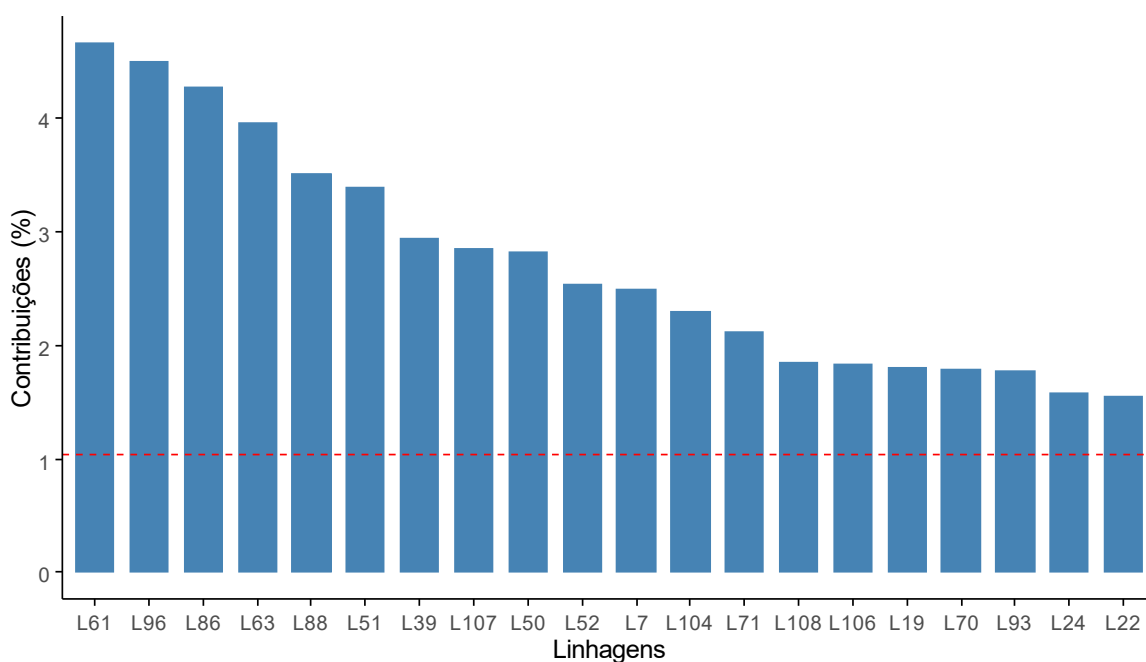


Figura 6. Contribuição (%) de top 20 linhagens de mamoeiro para variabilidade baseada em três componentes principais.

A análise de componentes principais tem sido útil como ferramenta facilitadora com intuito de discriminar genótipos para distintos estudos na análise de muitas variáveis para estimação da diversidade em um conjunto de genótipos, como pode ser evidenciado nas investigações para identificação de fontes de resistência e quantificação de metabólitos secundários em resposta a antracnose em pimentas (Baba et al., 2019), para a discriminação geográfica de genótipos de uvaia (Sganzerla et al., 2019), para a caracterização de populações naturais de mangabeiras (Pinheiro et al., 2018), como também para a análise da eficiência de seleção recorrente em populações de akebia (Zou et al., 2019). E no desenvolvimento de cultivar elite classificando a variabilidade de características morfoagronômicas (Singh et al., 2010).

Tabela 4. Scores das linhagens F₅ de mamoeiro em três componentes principais. Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

Componente	Linhagens													
	L1	L10	L100	L101	L102	L103	L104	L106	L107	L108	L12	L13	L14	L15
1	1.24	1.25	-0.6	0.18	1.81	-1.77	-2.62	2.75	3.7	1.87	1.75	-0.88	-0.61	-0.81
2	2.24	0.35	-1.74	-1.41	-0.55	-1.26	0.74	-1.4	-1.13	-2.42	0.17	0.29	0.65	0.34
3	-0.11	1.54	-2.08	2.18	-0.59	-0.05	-2.16	0.31	-0.08	0.57	1.27	0.61	0.35	-0.99
	L16	L17	L18	L19	L2	L20	L22	L23	L24	L25	L26	L27	L28	L29
1	-0.59	-0.79	0.54	3.05	-2.15	-1.62	-0.11	0.39	1.12	1.28	0.37	-0.13	-0.87	-0.23
2	1.39	0.12	-0.45	-0.15	-0.13	0.9	2.79	0.78	-0.82	2.15	-0.22	0.08	-0.49	0.8
3	0.26	-0.89	-0.28	0.37	0.17	-0.14	0.56	-0.26	-2.52	-1.03	0.89	1.15	2.22	-0.05
	L3	L30	L32	L33	L34	L35	L36	L37	L38	L39	L4	L40	L41	L43
1	-1.12	2.09	-1.2	-0.1	-0.12	0.65	0.54	-1.27	0.7	3.12	-1.2	0.48	0.14	-1.62
2	-0.58	-0.64	-1.02	-0.93	1.95	-0.44	-0.3	-0.41	-0.24	2.35	0.07	1.2	-0.73	0.31
3	1.21	-1.4	-0.08	-0.12	0.06	-0.84	-0.91	-0.79	-0.17	0.44	-0.61	-0.67	-1.31	-0.56
	L44	L45	L46	L47	L48	L49	L50	L51	L52	L53	L54	L55	L56	L57
1	-1.41	1.39	0.08	-0.77	-0.8	-0.71	-2.24	3.52	-2.89	-1.7	-1.95	-0.97	1.15	-0.79
2	-0.69	-0.28	-0.38	0.79	1.47	2.22	-2.81	1.6	2.18	-0.48	-1.02	-1.92	-1.19	-0.37
3	-0.75	0.6	-1.25	-0.37	1.1	0.75	-1.38	-1.69	-0.38	-0.39	-0.09	-0.2	-1.63	-0.03
	L58	L59	L6	L60	L61	L62	L63	L64	L65	L66	L68	L69	L7	L70
1	0.63	-0.72	-0.64	-0.65	4.9	-1.93	4.21	0.75	-0.78	2.13	-1.87	-0.99	0.95	-2.29
2	-1.27	-1.22	1.26	0.27	0.44	-1.04	1.47	0.31	0.09	1.19	0.89	0.43	2.54	0.84
3	0.95	-0.61	-0.34	-0.94	0.5	-0.46	-0.98	0.78	-1.14	-0.11	-0.71	0.71	-2.4	1.86
	L71	L72	L73	L74	L75	L76	L77	L78	L8	L80	L81	L82	L83	L84
1	-1.05	0.17	-1.35	-0.44	-1.24	1.4	0.43	0.49	-1.31	1.13	-2.11	0.55	1.3	-1.97
2	-2.19	1.73	1.74	-0.27	-1.01	0.31	-0.2	-1.11	-1.71	1.36	-1.5	0.3	-0.98	0.3
3	2.29	0.72	0.05	0.08	0.17	-0.86	0.06	-0.27	0.34	1.24	0.13	1.55	-1.06	0.27
	L85	L86	L88	L89	L9	L91	L92	L93	L94	L95	L96	L98	L99	
1	-0.69	3.99	-3.77	1.72	-1.35	-1.06	1.33	0.55	0.1	-2.42	3.89	-1.08	-1.41	
2	-0.5	-1.87	1.15	0.37	0.25	0.71	0.19	0.57	-1.06	-0.95	-2.91	-0.7	0.49	
3	0.73	1.75	1.7	1.63	-0.31	0.54	0.12	2.95	-0.33	0.8	0.07	-0.64	-0.58	

Com a finalidade de separar as linhagens em grupos de crescente dissimilaridade foi utilizada uma análise de agrupamento. O dendrograma obtido permitiu a distinção das linhagens em 14 grupos, segundo o método de Mojena (Figura 7). Do total de grupos formados, oito foram representados por apenas um genótipo (I, II, III, IV, V, VI, VIII e XIII), sendo estas as linhagens mais divergentes entre as 97 analisadas. Os grupos X e XIV apresentaram duas linhagens; o grupo IX compreendeu três linhagens; o grupo VII compreendeu quatro linhagens; o grupo XI compreendeu cinco linhagens e o grupo XII apresentou setenta e três linhagens.

As linhagens com frutos de peso médio seguindo padrão comercial Solo foram alocados no grupo XI, enquanto as linhagens com frutos com peso médio intermediário foram alocadas nos grupos II, IX, XI, e XII. As linhagens com frutos de peso médio seguindo o padrão Formosa foram alocadas em todos os grupos, com exceção do grupo II. Vale destacar que o grupo XI reuniu linhagens com frutos de peso Solo, Intermediário e Formosa, sendo que as características espessura de polpa e diâmetro da cavidade ovariana foram homogêneas entre as linhagens.

Os grupos I, II, V, VII, XIII e XIV apresentam valores médios para firmeza de fruto acima da média geral (126,55 N) para a característica. Já para a característica firmeza de polpa os grupos IV, V, VI, VII, VIII, XI, XII, XIII e XIV apresentaram valores médios acima da média geral (87,09 N). Para teor de sólidos solúveis, os grupos II, V, VI, VII, IX, XI e XII apresentaram valores médios acima da média geral (9,70 °Brix) para esta característica. Estes resultados demonstram que as linhagens F₅ apresentam um conjunto diversificado com elevado potencial para combinações das características relacionadas a qualidade de fruto em mamoeiro.

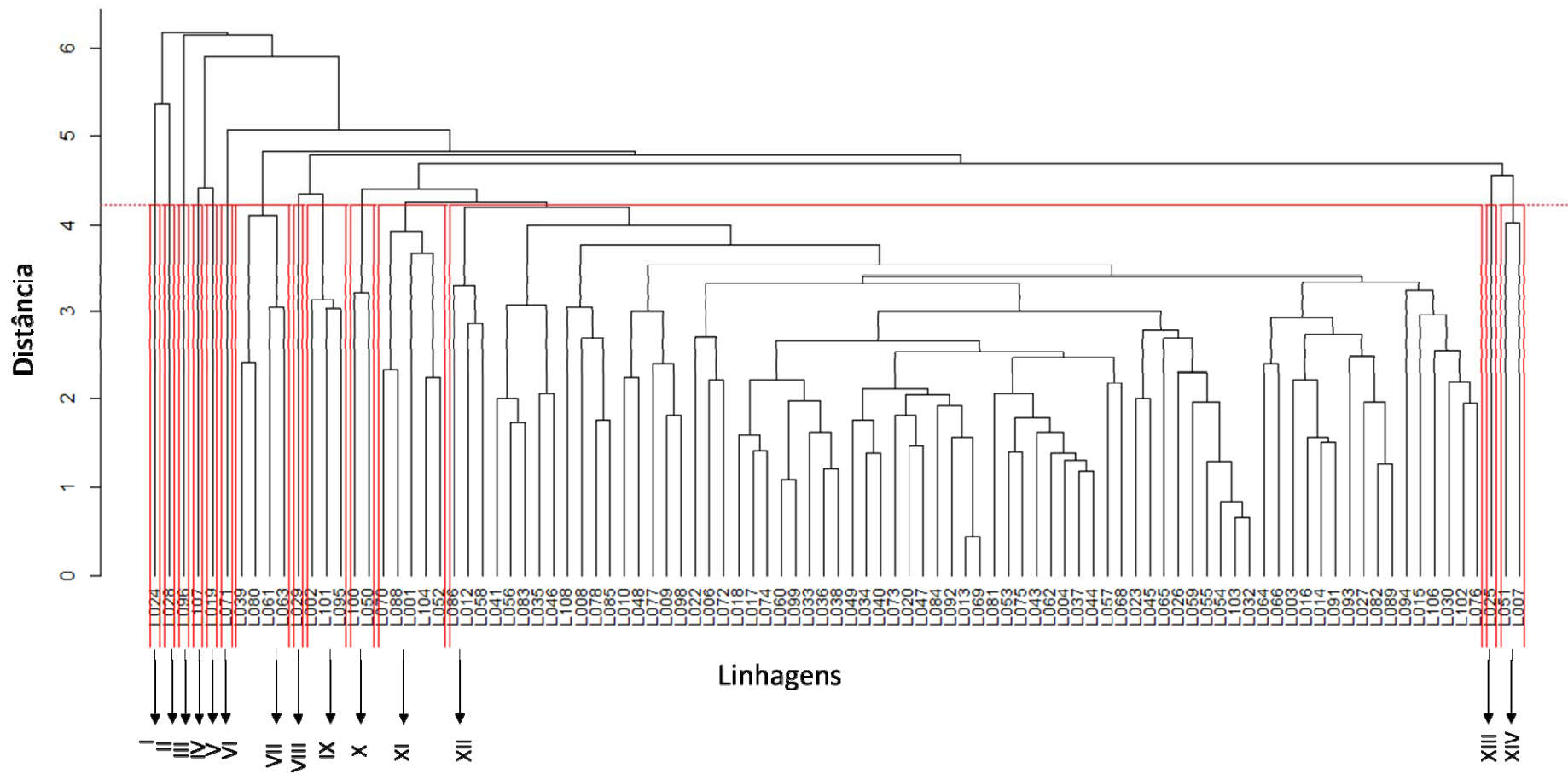


Figura 7. Dendrograma de dissimilaridade genética obtido pelo método UPGMA utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, (CCC=0,80).

Os desvios das médias por grupo para as principais características relacionadas a qualidade de fruto são apresentados na figura 8. Observou-se que houve destaque de PMF nos grupos I, III, IV, V, VII e XIV. Já para FF, os grupos que se destacaram foram I, II, V, VII, XIII e XIV, enquanto FP apresentaram destaque nos grupos IV, V, VII, VIII, XI, XII, XIII e XIV. Para TSS, os grupos de destaque foram II, V, VII, IX, XI e XII. Os genótipos dos respectivos grupos em destaque podem ser indicados para compor novas populações, pois possuem fontes de alelos favoráveis para as principais características relacionadas a qualidade de fruto. Apenas os grupos V e VII trouxeram desvios médios favoráveis para as principais características de interesse conjuntamente, indicando que as linhagens pertencentes a estes grupos são possíveis candidatas a seleção de acordo com seu desempenho para as principais características de qualidade.

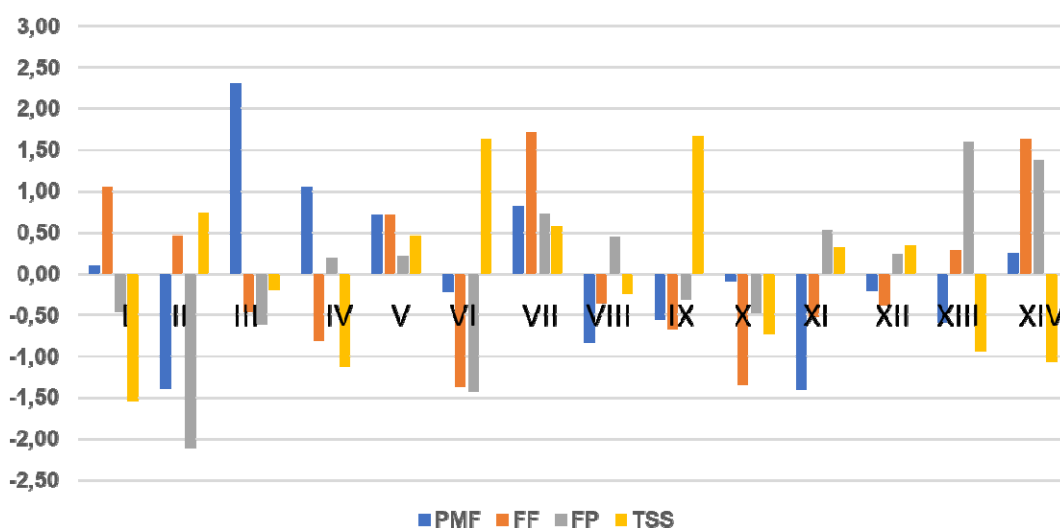


Figura 8. Divergência entre 14 grupos em termos de desvios da média de quatro principais características para qualidade de fruto.

A escolha adequada de genótipos de um germoplasma, baseado na distância genética, tem sido uma ferramenta no melhoramento de plantas, pois possibilita a recomendação de cruzamento entre genitores mais divergentes possíveis, a fim de ampliar a base genética e consequentemente, o aumento da variabilidade. Além disso, deve-se considerar o comportamento *per se* de cada

genótipo para as características agronômicas de interesse. Assim, a avaliação do panorama da diversidade das principais características envolvidas na qualidade do fruto em mamoeiro possibilita a identificação de quais grupos fornecem linhagens que podem produzir maior efeito heterótico em cruzamentos dirigidos.

5.3. GT biplot

A análise dos genótipos por características (GT biplot) baseada no método descrito originalmente por Yan and Rajcan (2002) representou 61,73 % da variação total dos dados nos dois primeiros componentes principais. De acordo com Yang et al. (2009), os dois primeiros CPs na análise GT biplot devem explicar mais de 60 % da variação dos dados. Nessa situação, tem-se que a variação total de 61,73 % reflete a variabilidade na relação entre as características dada nos CPs. Esta abordagem pela análise biplot tem sido realizada para examinar as relações de múltiplas características, bem como para selecionar genótipos de acordo com as variáveis correlacionadas em diversas culturas, como trigo (Dehghani et al., 2012), coco (Odewale et al., 2014), milho-pipoca (Santos et al., 2017), dendê (Bueraheng et al., 2017), aveia (Yan e Frégeau-Reid, 2018), e feijão (Oliveira et al., 2018c).

No gráfico biplot “which-won-where/what” (Figura 9), de acordo com Yan et al. (2001) um mapa de linhas perpendiculares é desenhado a partir da origem do biplot, tais linhas têm como função a caracterização dos genótipos, dividindo-os em vários setores, facilitando a visualização das relações existentes entre e dentro das características avaliadas, assim como os genótipos. O polígono gerado indicou a formação de cinco setores que distinguiu as linhagens por nove características correlacionadas.

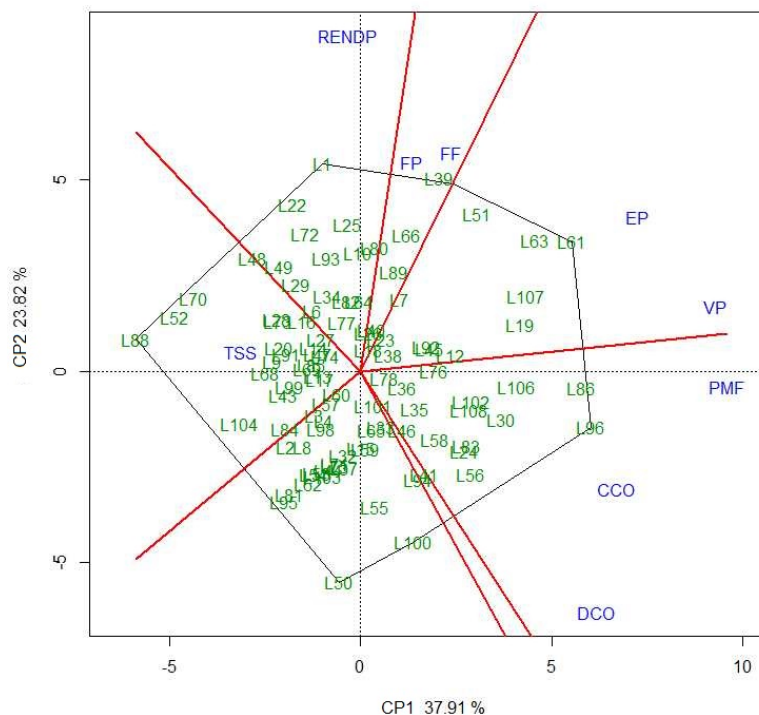


Figura 9. Biplot “which-won-where/what” apresenta um polígono indicando em seus vértices as linhagens de maior desempenho. Vértices do polígono = genótipos de vértice; PMF: peso médio de fruto (g); FF: firmeza de fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); EP: espessura da polpa (cm); CCO: comprimento da cavidade ovariana (cm); DCO: diâmetro da cavidade ovariana (cm); VP: volume da polpa (cm³) e RENDF: rendimento da polpa (%). CP 1= componente principal 1. CP 2= componente principal 2.

O polígono formado no biplot aponta em seus vértices quais os genótipos apresentaram melhor ou pior performance para uma ou mais características. Estes genótipos são chamados “genótipos de vértice”, e são conectados por meio de linhas retas, de modo que todos os genótipos que apresentam contribuição para a característica também estejam inseridos dentro do polígono. Os “genótipos de vértice” neste estudo foram: a linhagem 96 para PMF, CCO e DCO, a linhagem 61 para EP e VP, a linhagem 39 para FF e FP, a linhagem 1 para RENDF e a linhagem 88 para TSS, classificadas como as mais responsivas. Por conseguinte, as linhagens localizadas no interior do polígono são menos responsivas que as localizadas nos vértices (Oliveira et al., 2018b).

O setor 1 compreendeu as características peso médio de fruto (PMF), comprimento da cavidade ovariana (CCO), diâmetro da cavidade ovariana (DCO). Desse modo, a linhagem 96 é considerada vértice do polígono no setor em que as características estão contidas e, portanto, as mais responsivas para o setor 1.

Além disso, pode-se inferir que linhagens pertencentes a este setor podem ser selecionadas visando a obtenção de frutos com maior peso. O setor 2 incluiu as características volume da polpa (VP) e espessura da polpa (EP), e apresentou a linhagem 61 como a mais responsiva, sendo que as linhagens deste setor fornecem frutos com a maior espessura de polpa, conseqüentemente com mais volume de polpa de frutos de mamoeiro. Para o setor 3, que contém as características firmeza de fruto (FF) e firmeza de polpa (FP), a linhagem mais responsiva foi a 39. Para o setor 4, que inclui a característica (RENDP), a linhagem 1 apresentou-se como a mais responsiva, sendo este setor aquele que possibilita a seleção de linhagens com maior rendimento de polpa. Finalmente para o setor 5, que inclui teor de sólidos solúveis (TSS), o melhor desempenho foi apresentado pela linhagem 88, e as linhagens deste setor podem ser selecionadas para melhoria deste atributo, contudo este setor fornece linhagens de frutos de menor peso e volume de polpa.

Tem-se, portanto, que as linhagens (genótipos de vértice) contidas nos setores correspondentes às características são prováveis fontes de alelos favoráveis para atributos de interesse e podem ser consideradas potenciais para serem utilizadas em programas de melhoramento, quando o objetivo é o aumento da frequência alélica para tais características em novas populações de mamoeiro.

As linhagens localizadas nos setores sem características também são consideradas inadequadas à recomendação como fontes de alelos para as características mensuradas (Sabaghnia e Janmohammadi, 2016; Santos et al., 2017). Outrossim, todas as linhagens (genótipos de vértice), como também as que estão incluídas nos seus respectivos setores distribuídas no biplot são excelentes candidatas para a análise de heterose na produção de híbridos, por meio da comparação do desempenho dos híbridos em relação as linhagens (parentais) que os originaram (Yan et al., 2007; Dehghani et al., 2008; Sabaghnia and Janmohammadi, 2016).

O gráfico biplot “means x stabilities” (Figura 10) apresenta o desempenho médio e a estabilidade das linhagens que foram avaliadas a partir da coordenação característica média (CCM). Neste método, um “genótipo ideal” é definido a partir da média das pontuações dos componentes principais 1 e 2 (CP1 e CP2) de todas as características, representado no gráfico por um pequeno círculo. As

linhagens são classificadas ao longo do eixo que atravessa a origem do biplot chamado ATC, e a pequena seta aponta para o maior valor genotípico.

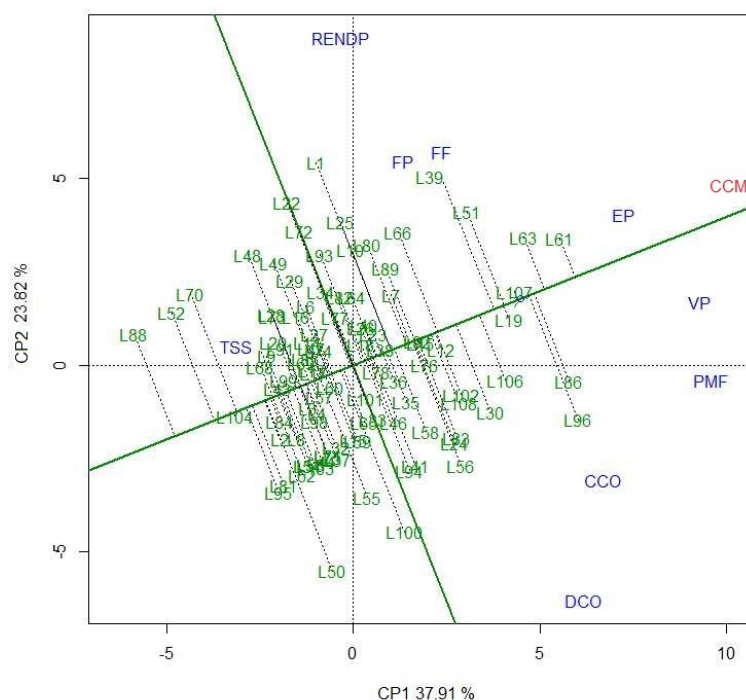


Figura 10. Biplot “means x stabilities” apresentando o desempenho médio dos genótipos ao longo do eixo CCM, indicado pela seta e a estabilidade dos genótipos de acordo com o comprimento do vetor que parte do genótipo ao eixo CCM. Menor vetor = maior estabilidade; CCM (Coordenação Característica Média); PMF: peso médio de fruto (g); FF: firmeza de fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); EP: espessura da polpa (cm); CCO: comprimento da cavidade ovariana (cm); DCO: diâmetro da cavidade ovariana (cm); VP: volume da polpa (cm³) e RENDP: rendimento da polpa (%). CP 1= componente principal 1. CP 2= componente principal 2.

As linhagens com melhor desempenho que apresentaram médias aproximadas ou superiores à média geral para as características avaliadas foram: 1, 7, 10, 12, 18, 19, 22, 23, 24, 25, 26, 30, 33, 34, 35, 36, 38, 39, 40, 45, 51, 56, 58, 61, 63, 64, 66, 72, 76, 77, 78, 80, 82, 83, 86, 89, 92, 93, 94, 96, 101, 102, 106, 107 e 108. As demais linhagens que se posicionaram abaixo do eixo perpendicular a CCM apresentaram valores abaixo da média, em contrapartida essas linhagens foram as que apresentaram as melhores médias para o atributo TSS.

A estabilidade das linhagens é outra informação bastante importante a ser analisada, e está relacionada a variabilidade do desempenho de cada genótipo. Os vetores que partem da CCM até os genótipos indicam a estabilidade, sendo assim quanto menor a projeção do vetor da linhagem no eixo perpendicular a CCM, maior é a sua estabilidade (Santos et al., 2017). Dessa maneira, pode-se observar que as linhagens com valores próximos a média e mais estáveis foram: 7, 12, 18, 19, 23, 26, 33, 35, 36, 38, 40, 45, 46, 58, 61, 63, 64, 76, 77, 78, 82, 86, 89, 92, 101, 102, 106, 107 e 108. As linhagens 107, 19, 61 e 63 apresentaram maior desempenho e maior estabilidade, sendo consideradas como os ideótipos nesta avaliação, pois de acordo com Yan and Holland (2010) as linhagens ideais devem estar localizadas o mais próximo possível da seta no centro do círculo concêntrico.

No gráfico biplot “discrimination and representing” (Figura 11), verificou-se o potencial discriminante e a representatividade, em que vetores das características mais longos significam maior discriminação entre os genótipos, e vetores das características que formaram os menores ângulos com CCM são mais representativos em relação aos demais linhagens (Hongyu et al., 2015a, b; Kaplan et al., 2017; Oliveira et al., 2019).

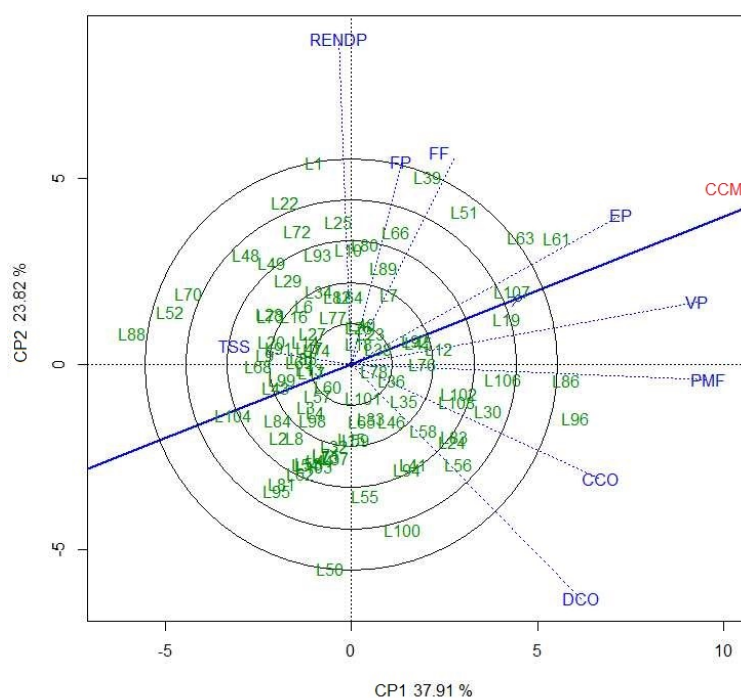


Figura 11. Biplot “discrimination and representing” apresentando a visualização vetorial das características. Maior vetor característica = maior discriminação; Menor ângulo entre vetor característica e CCM = maior representatividade; Ângulos entre vetores ($> 90^\circ$) = correlação positiva, ângulos entre vetores ($< 90^\circ$) = correlação negativa, ângulos entre vetores ($= 90^\circ$) = correlação linear nula; CCM (Coordenação Característica Média); PMF: peso médio de fruto (g); FF: firmeza de fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis ($^\circ$ Brix); EP: espessura da polpa (cm); CCO: comprimento da cavidade ovariana (cm); DCO: diâmetro da cavidade ovariana (cm); VP: volume da polpa (cm^3) e RENDP: rendimento da polpa (%), CP 1= componente principal 1. CP 2= componente principal 2.

Características com vetores longos apresentam diferenças significativas para a separação dos genótipos, sendo as características RENDP, PMF, EP e CCO aquelas com vetores mais longos e maior grau de variação entre as linhagens avaliadas, e conseqüentemente consideradas muito importantes e determinantes na discriminação das linhagens melhoradas de mamoeiro. Desse modo, observa-se que todas as características possuíram poder discriminante, com exceção de TSS, em que a variação do vetor TSS foi mínima, implicando menor variabilidade e baixo poder discriminante. Em relação a representatividade, quanto menor o ângulo formado pelo vetor característica e o eixo CCM maior é a sua representatividade. Sendo assim, observa-se que as características EP, VP, PMF foram mais representativas que CCO, DCO, FF, FP, RENDP e TSS.

Outra utilidade em relação ao biplot “discrimination and representing” é a observação das associações entre as características que são uma aproximação dos coeficientes de correlação de Pearson e podem ser verificadas na Figura 1. Cada vetor característica conectado apresenta um grau de associação de acordo com o ângulo formado entre eles. Yan e Frégeau-Reid (2018) inferiram que um ângulo agudo ($< 90^\circ$), obtuso ($> 90^\circ$) e reto ($= 90^\circ$) entre os vetores características indicam a existência de correlação positiva, negativa e nula, respectivamente. Além disso, um vetor curto implica que a característica em questão apresenta associações fracas com outras características (Yan, 2014). Destaca-se a importância de estudos que apresentem informações quanto as correlações entre as características, pois permitem avaliar a relevância da utilização de uma característica em detrimento de outra no processo de seleção de genótipos superiores.

Portanto, temos que as características PMF, EP, CCO, DCO, VP estão positivamente correlacionadas. Observa-se também alta magnitude entre PMF, CCO, EP e VP, enquanto uma correlação negativa foi observada entre RENDP e DCO, TSS e PMF. Alguns trabalhos, utilizando correlação simples apoiam os dados encontrados neste estudo, Souza et al. (2014) verificaram a correlação negativa entre RENDP e DCO, TSS e PMF. Reis et al. (2015) também encontraram a correlação negativa entre TSS e PMF. No entanto, a seleção de linhagens melhoradas de maior peso implicaria em perdas quanto ao desempenho de teor de sólidos solúveis, porém essa situação não é correspondida, pois não houve diferença significativa entre as linhagens de mamoeiro avaliadas para TSS.

A Figura 12 indica a posição do “genótipo ideal”, onde a sua projeção na CCM no eixo horizontal é igual ao maior vetor em todos os genótipos. Chama-se “genótipo ideal” um genótipo predito com base em uma performance relativa dos genótipos considerada ideal para um genótipo hipotético, o qual possui alto desempenho e boa estabilidade para as diferentes características (Sousa et al., 2018). Embora o “genótipo ideal” seja apenas representativo, ele é usado como referência para avaliar os demais. Dessa forma, os genótipos 107, 19, 61, 63, 39, 51, 96 e 86 foram considerados os mais próximos do “genótipo ideal” quanto ao desempenho. Porém, apenas as linhagens 19, 107, 61 e 63 apresentaram maior

estabilidade, considerando o centro do círculo concêntrico no qual é apontado o “genótipo ideal”.

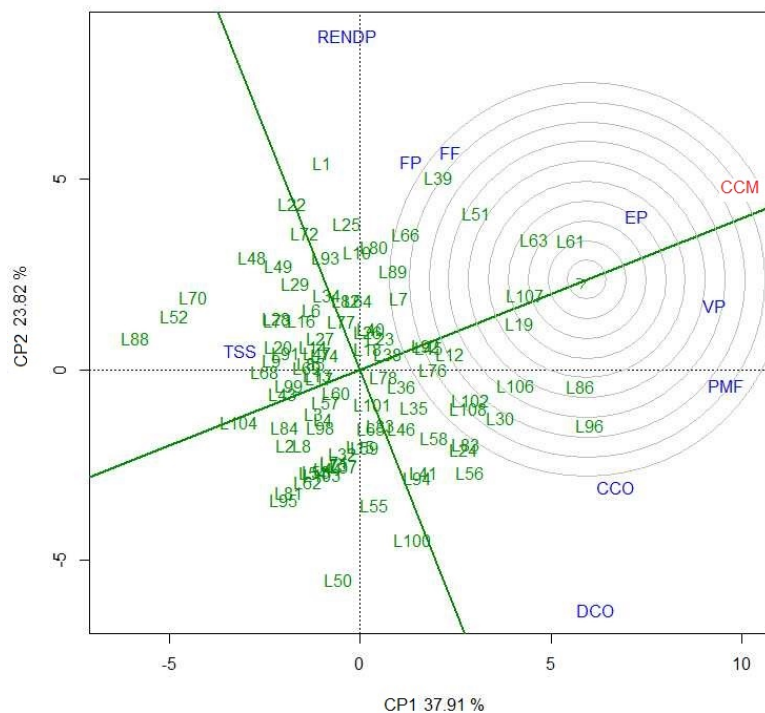


Figura 12. Biplot “rank genotypes” comparando os genótipos de mamoeiro avaliados com a estimativa de um “genótipo ideal” indicado no centro do círculo concêntrico. CCM (Coordenação Característica Média); PMF: peso médio de fruto (g); FF: firmeza de fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); EP: espessura da polpa (cm); CCO: comprimento da cavidade ovariana (cm); DCO: diâmetro da cavidade ovariana (cm); VP: volume da polpa (cm³) e RENDP: rendimento da polpa (%). CP1= componente principal 1. CP2= componente principal 2.

Deve-se ressaltar que nesta análise foram obtidos frutos com peso médio acima de 1276 g, assim, adequados ao padrão comercial Formosa (PMF > 1000 g). Considerando a existência de frutos padrão comercial Solo (PMF < 700 g) e intermediário (700 g < PMF < 1000 g), indica-se que preliminarmente seja efetuada a separação dos genótipos a serem avaliados dentro de cada padrão comercial. Além disso, observa-se que as linhagens 107, 19, 61 e 63 selecionadas como ideótipos apresentaram em média mais de 84 % de rendimento de polpa (Figura 13), representando um fator de grande interesse tanto para o consumo *in natura* como para a indústria de alimentos.

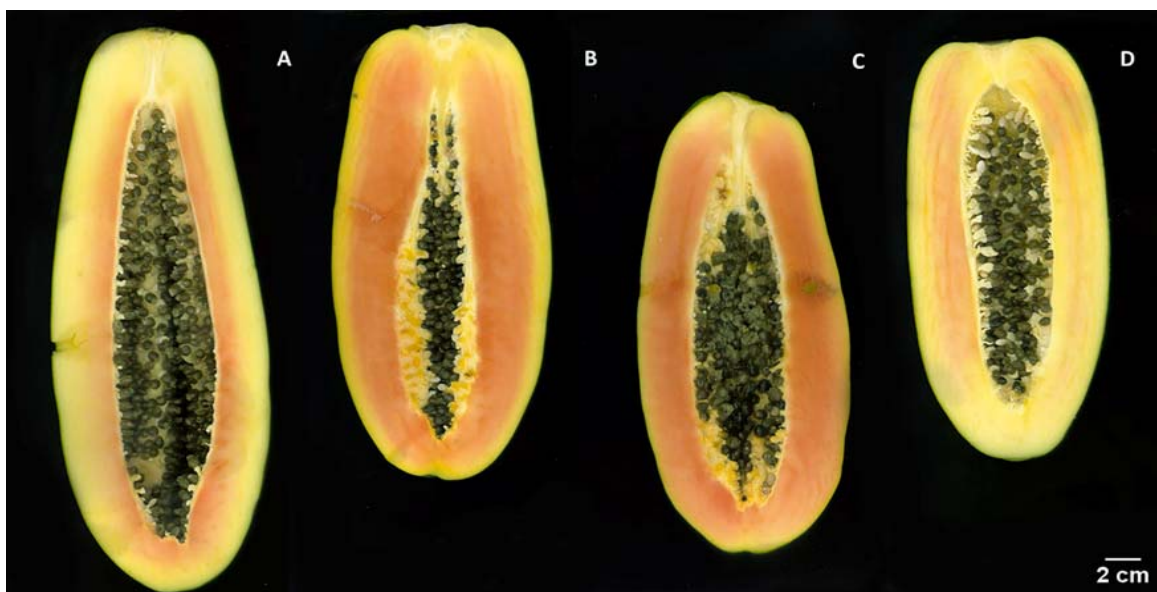


Figura 13. Perfil fenotípico das linhagens F5 selecionadas como ideótipos via GT biplot. A) Linhagem 19; B) Linhagem 61; C) Linhagem 63 e D) Linhagem 107.

Entre os principais indicadores de qualidade, a firmeza é essencial para os programas de melhoramento, pois confere maior resistência ao transporte e conseqüentemente maior qualidade durante o processo de comercialização de frutos. Além da firmeza, teor de sólidos solúveis é importante para o consumo da fruta *in natura* e para a indústria, considerado de alta importância no mercado nacional e internacional, pois proporciona melhor sabor na fabricação de produtos (Ramos et al., 2010). A firmeza externa do fruto está relacionada à capacidade de armazenamento e transporte do mesmo, sendo que a diminuição da firmeza ocorre com o aumento do grau de amadurecimento pelo incremento da taxa de respiração e produção de etileno (Ahmad et al., 2013; Trevisan et al., 2013; Odewale et al., 2014; Bhosale e Sundaram, 2015). Com a diminuição da firmeza do fruto, o teor de sólidos solúveis aumenta durante os estádios de maturação (Ovando-Martinez et al., 2018), demonstrando que as firmezas de fruto e polpa são inversamente proporcionais ao teor de sólidos solúveis. Desta forma, a seleção de plantas com base nestes atributos torna-se um desafio ainda maior aos melhoristas, devendo-se utilizar métodos de seleção capazes de otimizar o aproveitamento de todas as características envolvidas na qualidade de frutos de mamoeiro.

O melhoramento genético do mamoeiro, o qual visa a obtenção de frutos com maior qualidade torna-se uma atividade complexa devido a correlação

negativa existente entre os principais atributos indicadores de qualidade, devendo-se utilizar diferentes abordagens para o alcance de maior sucesso na seleção de genótipos superiores. Uma das principais vantagens verificadas pela aplicação da análise gráfica GT Biplot está relacionada a facilidade de observação das correlações entre as características, e a discriminação dos genótipos em setores de acordo com as características correlacionadas entre si, que fornecem subsídios para programas de melhoramento de mamoeiro identificando de maneira prática, rápida e eficiente quais linhagens podem ser utilizadas como fontes alélicas na constituição de novas populações e para uso *per se*.

5.4. Índice de Seleção

5.4.1. Seleção Combinada

O índice IVGP foi utilizado para selecionar as melhores linhagens considerando todas as características avaliadas. A seleção foi realizada com a intensidade de seleção de 30 %. O ranqueamento, as médias preditas e ganhos genéticos obtidos com a seleção das linhagens indicadas pelo índice IVGP encontram-se na tabela 5, com destaque para quatro características de qualidade de fruto. Foram selecionadas 29 linhagens, com base no índice de seleção que utilizou pesos agronômicos e valores genotípicos padronizados. As linhagens indicadas para seleção apresentaram ganhos genéticos variando de -22,82 a 59,30 % para peso médio de fruto, de -2,85 a 12,09 % para firmeza de fruto, de -3,60 a 7,91 % para firmeza de polpa, de -11,79 a 10,75 % para teor de sólidos solúveis. Os maiores ganhos médios foram de 12,62 %, 3,18 %, 1,75 % e 1,45 % para as características peso médio de frutos, firmeza de fruto, teor de sólidos solúveis e firmeza de polpa, respectivamente.

Tabela 5. Média predita (MP), ganho de seleção (GS) e ganho de seleção em porcentagem GS(%) das linhagens selecionadas para principais características relacionadas a qualidade de frutos de mamoeiro, ranqueadas pelo índice IVGP. Campos dos Goytacazes, 2020.

Ranking	Genótipo	PMF (g)			FF (N)			FP (N)			TSS (°Brix)		
		M P	GS	GS(%)	M P	GS	GS(%)	M P	GS	GS(%)	M P	GS	GS(%)
1	L30	1731,20	329,49	25,70	129,47	0,28	0,22	91,09	2,28	2,62	10,20	-0,45	-4,64
2	L61	1993,92	642,71	50,12	134,36	5,67	4,47	91,78	3,48	3,98	10,59	0,25	2,57
3	L39	1571,56	151,13	11,79	136,83	15,35	12,09	88,87	1,20	1,37	10,64	0,43	4,42
4	L19	1698,41	318,80	24,86	131,82	5,72	4,51	88,23	-0,19	-0,21	10,60	0,34	3,53
5	L106	1893,03	458,99	35,80	130,06	1,59	1,25	88,09	0,82	0,93	10,69	0,10	1,02
6	L34	1349,24	-110,52	-8,62	135,28	6,46	5,09	91,35	2,15	2,46	10,68	0,35	3,59
7	L89	1621,38	149,04	11,62	128,10	-0,87	-0,69	89,61	1,48	1,69	10,85	0,49	4,99
8	L63	1666,55	455,04	35,49	133,77	14,13	11,13	88,45	2,92	3,34	10,46	-0,28	-2,92
9	L86	1935,99	662,40	51,66	126,84	-3,62	-2,85	88,02	1,14	1,30	10,79	0,82	8,41
10	L51	1630,86	275,22	21,46	133,39	10,74	8,46	89,95	2,70	3,10	10,27	-1,15	-11,79
11	L12	1708,06	288,18	22,47	129,39	0,75	0,59	90,31	2,86	3,28	10,67	0,94	9,64
12	L25	1381,15	-68,22	-5,32	131,48	3,58	2,82	90,04	2,24	2,56	10,63	-0,23	-2,38
13	L49	1280,82	-201,87	-15,74	131,57	5,83	4,59	90,91	3,92	4,49	10,81	0,58	5,95
14	L66	1512,32	51,84	4,04	130,90	3,68	2,90	89,73	2,33	2,67	10,31	-0,14	-1,47
15	L92	1676,09	225,90	17,62	129,56	0,94	0,74	89,80	1,30	1,48	10,44	0,09	0,96
16	L102	1779,94	297,70	23,22	129,74	1,81	1,43	88,54	0,50	0,57	10,50	0,11	1,11
17	L10	1556,93	53,68	4,19	130,23	3,12	2,46	87,39	-0,61	-0,70	10,68	0,27	2,75
18	L23	1523,82	49,60	3,87	132,54	4,55	3,59	88,91	0,74	0,84	10,51	-0,05	-0,50
19	L93	1399,40	-80,37	-6,27	127,50	-1,75	-1,38	86,89	-0,18	-0,21	11,37	1,05	10,75
20	L76	1579,02	82,92	6,47	130,69	2,84	2,23	90,12	1,94	2,22	10,47	0,24	2,45
21	L22	1276,74	-200,71	-15,65	132,08	7,63	6,01	88,83	2,86	3,28	10,91	0,40	4,08
22	L45	1612,45	131,44	10,25	131,13	2,58	2,04	87,79	-1,22	-1,40	10,56	0,28	2,87

Tabela 5. Cont.

Ranking	Genótipo			FF (N)			FP (N)			TSS (°Brix)			
	Genótipo	M P	GS	GS(%)	M P	GS	GS(%)	M P	GS	GS(%)	M P	GS	GS(%)
23	L7	1446,74	-1,48	-0,12	132,94	10,38	8,18	91,69	6,90	7,91	10,19	-0,60	-6,12
24	L83	1761,53	341,15	26,61	131,74	4,08	3,21	87,82	-2,06	-2,36	10,35	-0,25	-2,61
25	L101	1603,53	74,80	5,83	127,08	-2,88	-2,27	86,43	-2,07	-2,37	11,30	0,93	9,50
26	L80	1455,45	23,85	1,86	131,39	8,24	6,49	87,00	-0,88	-1,01	10,67	0,47	4,80
27	L48	1211,22	-292,67	-22,82	132,28	5,40	4,26	88,34	0,44	0,50	10,52	0,16	1,60
28	L96	2020,85	760,41	59,30	128,44	-1,28	-1,01	86,36	-3,14	-3,60	10,27	-0,49	-5,08
29	L16	1295,08	-174,83	-13,63	130,12	2,06	1,62	90,58	2,75	3,16	10,84	0,31	3,14
	Média	1592,18	161,85	12,62	131,06	4,03	3,18	89,07	1,26	1,45	10,61	0,17	1,75

PMF: peso médio de fruto (g); FF: firmeza de fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix).

Genótipos que expressam simultaneamente ganhos genéticos de alta magnitude para as características de firmeza e teor de sólidos solúveis são difíceis de encontrar e exigem maiores esforços por parte dos melhoristas na geração de populações segregantes (Ide et al., 2009). Estes autores, explanaram que esta dificuldade ocorre devido a presença de uma estrutura de correlação negativa presente entre as características consideradas na seleção. Como pode ser observado entre as cinco primeiras linhagens selecionadas, a linhagem 30 apresentou ganho genético positivo para firmeza em detrimento a teor de sólidos solúveis, enquanto a linhagem 19 ocorreu exatamente o inverso com ganho positivo. Para seleção combinada em progênies de mamoeiro, Cortes et al. (2019) relataram que para as características relacionadas com produção e qualidade de frutos, os ganhos não foram expressivos, mesmo tendo altas estimativas de herdabilidade.

O procedimento genético-estatístico de modelos mistos via REML/BLUP tem sido uma estratégia adotada para ordenar genótipos considerando toda a variabilidade existente para cada característica isoladamente (Resende, 2007). Resultados eficientes têm sido obtidos com essa técnica para seleção de genótipos superiores de capim-elefante (Silva et al., 2020), café (Mantovani e Fazuoli, 2019), eucaliptos (Henriques et al., 2018) e feijão (Sousa et al., 2017). Porém, para a seleção de genótipos superiores em programas de melhoramento de mamoeiro, o mais indicado é a utilização de índices de seleção, pois esta estratégia consegue com eficiência obter genótipos com respostas favoráveis para número máximo de características numa seleção combinada (Ramos et al., 2014; Cortes et al., 2019).

5.4.2. Seleção Direta

Além da seleção combinada utilizando o IVGP, foi realizada a seleção direta para as principais características relacionadas a qualidade de fruto, a fim de destacar quais linhagens apresentam fontes de alelos favoráveis a serem mantidas em populações de melhoramento. Na tabela 6, são apresentados os valores genotípicos e os ganhos genéticos das linhagens considerando uma intensidade de 30 % na seleção. Observa-se ganhos genéticos na seleção direta que variaram de 5,83 a 59,30 % para peso médio de fruto, de 1,25 a 12,09 % para firmeza de fruto, de 1,37 a 7,91 % para firmeza de polpa e de 2,77 a 10,75 % para

teor de sólidos solúveis. Em média, os maiores ganhos genéticos em resposta a seleção direta foram para peso médio de fruto (21,81 %), teor de sólidos solúveis (5,45 %), firmeza de fruto (4,21 %) e firmeza de polpa (2,74 %).

Observa-se que houve aumento em média no ganho de seleção quando é aplicada a seleção direta, principalmente para as características de peso médio de fruto e teor de sólidos solúveis destacam-se valores significativamente maiores que os encontrados na seleção combinada. Embora os ganhos genéticos com a seleção direta sejam maiores, a seleção combinada gera maior expectativa de sucesso a longo prazo (Ramos et al., 2014; Santa Catarina et al., 2020). Portanto, comparando as estratégias de seleção combinada e direta, a decisão sobre qual utilizar dependerá em suma do objetivo do melhorista, distinguindo os genótipos que podem ser usados como fonte de alelos favoráveis para a geração de populações segregantes, ou para o desenvolvimento de linhagens *per se*.

Com base no índice genético padronizado, 29 linhagens foram selecionadas como superiores para qualidade de fruto. Destacando-se que em programas de melhoramento genético, tanto os parâmetros genéticos quanto a eficiência da seleção são inerentes à população envolvida e às condições experimentais estabelecidas para aquele determinado estudo. Dessa forma, conclui-se que a proporção da variabilidade que é herdável, a qual chama-se de herdabilidade, e a variação genética entre as linhagens F₅ foram os principais fatores que permitiram os ganhos genéticos obtidos com essa estratégia de seleção.

Tabela 6 - Seleção direta de linhagens F₅ de mamoeiro para as principais características relacionadas a qualidade de fruto. Campos dos Goytacazes, 2020.

Ranking	PMF			FF			FP			TSS		
	Genótipo	u + g	GS(%)	Genótipo	u + g	GS(%)	Genótipo	u + g	GS(%)	Genótipo	u + g	GS(%)
1	L96	1958,97	59,30	L39	136,84	12,09	L7	91,53	7,91	L93	11,28	10,75
2	L86	1762,23	51,66	L63	132,01	11,13	L49	90,01	4,49	L12	10,28	9,64
3	L61	1940,06	50,12	L51	131,90	8,46	L61	91,78	3,98	L101	11,12	9,50
4	L106	1721,16	35,80	L7	131,74	8,18	L40	88,97	3,90	L95	10,95	8,93
5	L63	1504,28	35,49	L80	129,70	6,49	L52	89,95	3,89	L88	11,20	8,58
6	L41	1648,73	28,68	L22	130,91	6,01	L63	86,58	3,34	L86	10,41	8,41
7	L107	1621,51	27,45	L24	131,88	5,64	L12	89,15	3,28	L3	10,82	7,02
8	L83	1595,77	26,61	L34	133,72	5,09	L22	87,29	3,28	L71	10,58	6,34
9	L108	1503,61	26,56	L49	130,04	4,59	L16	89,88	3,16	L49	10,45	5,95
10	L56	1675,05	26,41	L19	128,85	4,51	L51	88,61	3,10	L2	10,64	5,75
11	L30	1577,78	25,70	L61	132,52	4,47	L15	88,31	2,96	L84	10,40	5,70
12	L19	1563,38	24,86	L48	131,12	4,26	L72	88,60	2,94	L58	10,35	5,64
13	L102	1609,09	23,22	L40	128,42	3,78	L66	88,55	2,67	L82	10,45	5,14
14	L12	1567,18	22,47	L23	131,15	3,59	L30	90,06	2,62	L89	10,48	4,99
15	L51	1434,49	21,46	L73	130,82	3,34	L25	88,88	2,56	L80	10,28	4,80
16	L92	1505,15	17,62	L83	130,52	3,21	L64	89,58	2,56	L13	10,34	4,68
17	L46	1512,27	16,23	L28	125,34	3,00	L34	90,30	2,46	L39	10,17	4,42
18	L35	1484,20	15,21	L66	128,95	2,90	L41	86,60	2,45	L70	10,24	4,35
19	L94	1386,89	12,30	L25	129,80	2,82	L76	88,91	2,22	L91	10,39	4,17
20	L39	1362,42	11,79	L10	128,00	2,46	L104	88,03	2,13	L22	10,58	4,08
21	L89	1412,76	11,62	L76	128,81	2,23	L14	89,94	1,83	L34	10,29	3,59

Tabela 6. Cont.

Ranking	PMF			FF			FP			TSS		
	Genótipo	u + g	GS(%)	Genótipo	u + g	GS(%)	Genótipo	u + g	GS(%)	Genótipo	u + g	GS(%)
22	L58	1314,44	11,10	L68	129,13	2,19	L89	88,39	1,69	L19	10,11	3,53
23	L45	1407,15	10,25	L45	129,20	2,04	L46	88,47	1,57	L27	9,80	3,48
24	L100	1372,97	8,32	L41	126,75	1,98	L47	88,24	1,49	L73	10,31	3,46
25	L26	1345,34	7,40	L16	127,96	1,62	L92	88,59	1,48	L69	10,09	3,24
26	L33	1312,04	6,50	L56	128,85	1,60	L91	87,58	1,46	L14	10,33	3,14
27	L76	1364,67	6,47	L1	127,63	1,60	L60	88,15	1,44	L16	10,48	3,14
28	L36	1319,93	5,92	L102	127,53	1,43	L69	89,80	1,37	L45	10,00	2,87
29	L101	1389,29	5,83	L106	127,83	1,25	L39	87,44	1,37	L75	10,22	2,77
	Média	1523,20	21,81		129,93	4,21		88,90	2,74		10,45	5,45

Linhagens destacadas em negrito também foram selecionadas pela seleção combinada.

6. CONCLUSÃO

Considerando as diferentes avaliações de características morfoagronômicas, as linhagens endogâmicas F₅ dispõem de variabilidade para as principais características relacionadas a qualidade de frutos em mamoeiro.

Destaca-se a existência de importantes coeficientes de correlação positiva e negativa significativos entre as características, que podem auxiliar a seleção direta de uma característica em detrimento de outra no processo de avaliação de linhagens dentro do programa de melhoramento genético de mamoeiro.

As características de maior e menor contribuição para a variabilidade são peso médio de fruto e teor de sólidos solúveis, respectivamente. As linhagens 96, 86, 61, 63, 52, 70, 51, 107, 39, 7, 1, 50, 19, 106, 104, 100, 22, 30 e 71 foram as mais divergentes. Sendo as linhagens 96, 61, 39, 1 e 88 indicadas como fontes de alelos favoráveis para as características peso médio de frutos, volume de polpa, firmeza de fruto, rendimento de polpa e teor de sólidos solúveis, respectivamente. Enquanto as linhagens 107, 19, 61 e 63 são indicadas para uso *per se*.

Indica-se a seleção de 29 linhagens F₅ de mamoeiro (30, 61, 39, 19, 106, 34, 89, 63, 86, 51, 12, 25, 49, 66, 92, 102, 10, 23, 93, 76, 22, 45, 7, 83, 101, 80, 48, 96, 16) que apresentam potencial médio satisfatório de ganho genético para qualidade de fruto de mamoeiro.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abdi, H., Willians, L.J. (2010) Principal components analysis. *WIREs Comput Stat* 2: 433–459.
- Ahmad, A., Ali, Z.M., Zainal, Z. (2013) Delayed softening of papaya (*Carica papaya* L. cv. Sekaki) fruit by 1-methylcyclopropene (1-MCP) during ripening at ambient and low temperature storage conditions. *Aust J Crop Sci* 7: 750–757.
- Alves, R.S., Teodoro, P.E., de Azevedo Peixoto, L., do Amaral Santos de Carvalho Rocha, J.R., Silva, L.A., Galveas Laviola, B., de Resende, M.D.V., Lopes Bhering, L. (2019) Multiple-trait BLUP in longitudinal data analysis on *Jatropha curcas* breeding for bioenergy. *Ind Crops Prod* 130: 558–561.
- Arango, L., Carlos, R., Carmen, S., Almansa, E., Bernal, J., Guillermo, L., Rey, V., Ariza, M., Gómez, P. (2000) El cultivo de la papaya en los llanos orientales de Colombia. *Man Asist Técnica* 84–90.
- Azevedo, A.O.N. (2019) Avaliação de linhagens recombinadas de mamoeiro via fenotipagem digital e identificação de QTL para as principais características agrônômicas. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF 104p.

- Baba, V.Y., Constantino, L.V., Ivamoto, S.T., Moreira, A.F.P., Madeira, T.B., Nixdorf, S.L., Rodrigues, R., Gonçalves, L.S.A. (2019) Capsicum-Colletotrichum interaction: Identification of resistance sources and quantification of secondary metabolites in unripe and ripe fruits in response to anthracnose infection. *Sci Hortic (Amsterdam)* 246: 469–477.
- Badillo, V.M. (2000) *Carica L.* vs. *Vasconcella St. Hil.* (Caricaceae): con la rehabilitación de este último. *Ernstia* 10: 74–79.
- Barbieri, R.L., Leite, D.L., Choer, E., Sinigaglia, C. (2005) Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. *Ciência Rural*, 35(2): 303-308.
- Barbosa, C.D. (2010) Bioinformática e técnicas multivariadas na análise da divergência genética em *Carica papaya L.* Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF
- Barbosa, C.D., Viana, A.P., Quintal, S.S.R., Pereira, M.G. (2011) Artificial neural network analysis of genetic diversity in *Carica papaya L.* *Crop Breed Appl Biotechnol* 11: 224–231.
- 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. *Sci Hortic (Amsterdam)* 236: 272–278.
- Barros, F.L. de S., Kuhlcamp, K.T., Arantes, S.D., Moreira, S.O. (2017a) Productivity and quality of Formosa and Solo papaya over two harvest seasons. *Pesqui Agropecu Bras* 52: 599–606.
- Barros, G.B. de A., Aredes, F.A.S., Ramos, H.C.C., Catarina, R.S., Pereira, M.G. (2017b) Capacidade combinatória de linhagens recombinadas de mamoeiro oriundas de retrocruzamento para conversão sexual. *Rev Ciência Agronômica* 48: 166–174.
- Bespalhok, J.C., Guerra, E.P., Oliveira, R.A. (1999) Melhoramento de plantas autógamas por seleção. In: *Melhoramento genético de plantas*. Londrina: UEL, p. 818 818

- Bhosale, A.A., Sundaram, K.K. (2015) Nondestructive Method for Ripening Prediction of Papaya. *Procedia Technol* 19: 623–630.
- Bohry, D. (2018) Desenvolvimento de um atlas de marcadores snaps associados a qtls visando a seleção assistida por marcadores em *Carica papaya* L. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF
- Borém, A., Miranda, G. V., Fritsche-Neto, R. (2017) *Melhoramento de Plantas - 7ª Edição*. Editora UFV, 543p.
- Borges, V., Ferreira, P.V., Soares, L., Santos, G.M., Santos, A.M.M. (2010) Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. *Acta Sci - Agron* 32: 643–649.
- Bueraheng, N., Promma, S., Eksomtramage, T. (2017) Biplot analysis of agronomic and yield trait relations in Tenera oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq .). *J Sci Technol* 39: 709–714.
- 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. *Rev Bras Frutic* 36: 610–619.
- Cardoso, D.L., Vivas, M., Amaral Junior, A.T., Pereira, M.G. (2015) Hayman's diallel analysis of traits related to the production and quality of papaya fruit. *Bragantia* 74: 394–399.
- Cardoso, D.L., Vivas, M., Pinto, F.O., Viana, A.P., Amaral Júnior, A.T. do., Pereira, M.G. (2017) Diallel mixed-model analysis of papaya fruit deformities. *Ciência Rural* 47: 1–4.
- Carr, M.K. V. (2014) The water relations and irrigation requirements of papaya (*Carica papaya* L.): a review. *Exp Agric* 50: 270–283.
- Carvalho, F.A., Renner, S.S. (2012) A dated phylogeny of the papaya family (Caricaceae) reveals the crop's closest relatives and the family's biogeographic history. *Mol Phylogenet Evol* 65: 46–53.

- Chávez-Pesqueira, M., Núñez-Farfán, J. (2017) Domestication and genetics of papaya: A review. *Front Ecol Evol* 5: 1–9.
- Coimbra, J.L.M., Carvalho, F.I.F., Oliveira, A.C., Guidolin, A.F. (2004) Criação de variabilidade genética no caráter estatura de planta em aveia: hibridação artificial x mutação induzida. *Rev Bras Agrociência* 10: 273–280.
- Cortes, D. F. M., Catarina, R. S., Barros, G.B. de A., Aredes, F.A.S., Silveira, S. F. D., Ferregueti, G.A., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2017) Model-assisted phenotyping by digital images in papaya breeding program. *Sci Agric v* 74: 294–302.
- 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., Pio, A., Viana, Pereira, M.G. (2018) Papaya recombinant inbred lines selection by image-based phenotyping. *Sci Agric* 75: 208–215.
- Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C.R., 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: 350–360.
- Cruz, C.D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Sci* 35: 271–276.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2006) *Modelos Bimétricos aplicados ao melhoramento genético*. 2 ed. Viçosa: UFV.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3 ed. Viçosa: UFV, 480pp.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 4 ed. Viçosa: UFV, 514p.
- Damasceno Junior, P.C., da Costa, F.R., Pereira, T.N.S., Neto, M.F., Pereira, M.G. (2009) Karyotype determination in three caricaceae species emphasizing the cultivated form (*C. papaya* L.). *Caryologia* 62: 10–15.
- Damasceno Junior, P.C., Pereira, T.N.S., Neto, M.F., Pereira, M.G. (2010) Meiotic

- behavior of *Carica papaya* and *Vasconcellea monoica*. *Caryologia* 63: 229–236.
- Damasceno Junior, P.C., Pereira, T.N.S., Silva, F.F. da., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2008) Comportamento floral de híbridos de mamoeiro (*Carica papaya* L.) avaliados no verão e na primavera. *Rev Ceres* 55: 310–316.
- Dantas, J.L.L., Dantas, A.C.V.L., Lima, J.. (2002) Mamoeiro. In: Bruckner, C.H., Santos, C.E.M. dos. (ed) *Melhoramento de fruteiras tropicais*, 1 ed. Viçosa: UFV, p. 309–349 309–349
- Dantas, J.L.L., Lima, J.F. de. (2001) Seleção e recomendação de variedades de mamoeiro - Avaliação de linhagens e híbridos. *Rev Bras Frutic Jaboticabal* 23: 617–621.
- Dehghani, H., Dvorak, J., Sabaghnia, N. (2012) Biplot Analysis of Salinity Related Traits in Beard Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Ann Biol Res* 3: 3723–3731.
- Dehghani, H., Omid, H., Sabaghnia, N. (2008) Graphic analysis of trait relations of rapeseed using the biplot method. *Agron J* 100: 1443–1449.
- 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: 1–14.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1989) *Introduction to Quantitative Genetics*. Third. New York: Longman Scientific & Technical, 433p.
- Farahani, M., Salehi-Arjmand, H., Khadivi, A., Akramian, M. (2019) Phenotypic diversity among *Morus alba* var. *nigra* genotypes as revealed by multivariate analysis. *Sci Hort (Amsterdam)* 248: 41–49.
- Ferreira, J.P., Schmildt, E.R., Schmildt, O., Cattaneo, L.F., Alexandre, R.S., Cruz, C.D. (2016) Comparison of methods for classification of the coefficient of variation in papaya. *Rev Ceres* 63: 138–144.
- Fisher, R.A. (1936) The use of multiple measurements in taxonomic problems. 179–188.

- Freitas, L.L., Neto, M.F., Pereira, T.N.S., Pereira, M.G. (2013) Meiotic behavior of male and hermaphrodite genotypes of papaya (*Carica papaya* L.). *Cytologia (Tokyo)* 78: 163–171.
- Hair Jr, J.F., Black, W.C., Babin, B.J., Anderson, R.E., Tatham, R.L. (2009) *Análise multivariada de dados*. 6 ed. Porto Alegre: Bookman,
- Hanif, A., Ahmad, S., Jaskani, M.J., Ahmad, R. (2020) Papaya treatment with putrescine maintained the overall quality and promoted the antioxidative enzyme activities of the stored fruit. *Sci Hort (Amsterdam)* 268: 109367.
- Hazel, L.N. (1943) The Genetic Basis for Constructing Selection Indexes. *Genetics* 28: 476–90.
- Hazel, L.N., Lush, J.L. (1942) The efficiency of three methods of selection. *J Hered* 33: 393–399.
- Henderson, C.R. (1975) Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a Selection Model. *Biometrics* 31: 423–447.
- Henriques, E.P., Nunes, A.C.P., Moraes, M.L.T. de., Resende, M.D.V. de., Sebbenn, A.M., Moraes, M.A. de. (2018) Seleção genética em teste de progênies de irmãos completos de *Eucalyptus* para a produção de carvão vegetal. *Sci For* 46: 405–413.
- Hongyu, K., Sandanielo, V.L.M., Oliveira Junior, G.J. de. (2015a) Análise de Componentes Principais: resumo teórico, aplicação e interpretação. *EE&S - Eng Sci* 1: 83–90.
- Hongyu, K., Silva, F. de L., Oliveira, A.C.S. de., Sarti, D.A., Araújo, L.B. de., Dias, C.T. dos S. (2015b) Comparação entre os modelos Ammi e GGe biplot para os dados de ensaios multi-ambientais. *Rev Bras Biom* 33: 139–155.
- Ide, C.D., Pereira, M.G., Viana, A.P., Pereira, T.N.S. (2009) Use of testers for combining ability and selection of papaya hybrids. *Crop Breed Appl Biotechnol* 9: 60–66.
- Johnson, R. a., Wichern, D.W. (2014) *Applied Multivariate Statistical Analysis*. 1–773p.

- Kaplan, M., Arslan, M., Kale, H., Kokten, K. (2017) GT Biplot Analysis for Silage Potential, Nutritive Value, Gas and Methane Production of Stay-Green Grain Sorghum Shoots. *Cienc e Investig Agrar* 44: 230–238.
- Liao, Z., Yu, Q., Ming, R. (2017) Development of male-specific markers and identification of sex reversal mutants in papaya. *Euphytica*. doi: 10.1007/s10681-016-1806-z
- 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. *427*: 348–352.
- Luz, L.N. da., Pereira, M.G., Ribeiro Barros, F., De Brito Barros, G., Ferregueti, G.A. (2015) Novos híbridos de mamoeiro avaliados nas condições de cultivo tradicional e no semiárido brasileiro. *Rev Bras Frutic* 37: 159–171.
- Ma, H., Moore, P.H., Liu, Z., Kim, M.S., Yu, Q., Fitch, M.M.M., Sekioka, T., Paterson, A.H., Ming, R. (2004) High-density linkage mapping revealed suppression of recombination at the sex determination locus in papaya. *Genetics* 166: 419–436.
- Mantovani, E.S., Fazuoli, L.C. (2019) Seleção de linhagens de café bourbon visando o desenvolvimento de novas cultivares. X Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil.
- Martins, D. dos S., Costa, A. de F.S. da. (2003) *A cultura do mamoeiro Tecnologias de produção*. Vitória, ES: Incaper, 497p.
- Milligan, G.W., Cooper, M.C. (1985) An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. *Psychometrika* 50: 159–179.
- Ming, R., Hou, S., Feng, Y., Yu, Q., Dionne-Laporte, A., Saw, J.H., Alam, M., et al. (2008) The draft genome of the transgenic tropical fruit tree papaya (*Carica papaya* Linnaeus). *Nature* 452: 991–996.
- Odehale, J.O., Collins, A., Ataga, C.D., Okolo, E.C., Ikuenobe, C.E., Odiowaya, G., Ahanon, M.J. (2014) Genotype by trait relations between yield and some

- morphological traits of coconut (*Cocos nucifera* L .) Hybrid Varieties Based on GT Biplot. *Int J Plant Soil Sci* 3: 270–280.
- Oliveira, C.R.R. de., Vivas, M., Silveira, S.F. da., Gonçalves, V.M.L., Dhaer, R.F., Gravina, G. do A., Pereira, M.G. (2018a) Potencial de progênies dioicas de mamoeiro para resistência à oídio. *Summa Phytopathol* 44: 350–354.
- Oliveira, E.J. de., Lima, D.S. de., Lucena, R.S., Motta, T.B.N., Dantas, J.L.L. (2010) Correlações genéticas e análise de trilha para número de frutos comerciais por planta em mamoeiro. *Pesqui Agropecu Bras* 45: 855–862.
- Oliveira, T.R.A. de., Gravina, G. de A., Oliveira, G.H.F. de., Araújo, K.C., Araújo, L.C. de., Daher, R.F., Vivas, M., Gravina, L.M., Cruz, D.P. da. (2018b) The GT biplot analysis of green bean traits. *Ciência Rural* 48: e20170757.
- Oliveira, T.R.A. de., Gravina, G. de A., Oliveira, G.H.F., Araujo, L.C., Araújo, K.C., Cruz, D.P., Amaral Junior, A.T., Vivas, M., Daher, R.F. (2018c) Multivariate analysis used as a tool to select snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. *Aust J Crop Sci* 12: 67–73.
- Oliveira, T.R.A. de., Gravina, G.A., da Cruz, D.P., Silva, N.D., de Oliveira, G.H.F., de Sant’Anna, C.Q.S.S., Magalhães, M.M., Berbert-Molina, M.A., Alcantara Neto, F. (2019) The performance of bean pod lineage inoculated with *Gluconacetobacter diazotrophicus* PAL5. *Sci Hortic (Amsterdam)* 249: 65–70.
- Oliveira, E.J., Dias, N.L.P., Dantas, J.L.L. (2012) Selection of morpho-agronomic descriptors for characterization of papaya cultivars. *Euphytica* 185: 253–265.
- Oliveira, J.A.A., Bruckner, C.H., Silva, D.F.P. da., Santos, C.E.M. dos., Penso, G.A., Aquino, C.F. (2018d) Estimation of genetic parameters and selection for rooting capacity in peach. *Crop Breed Appl Biotechnol* 18: 320–324.
- Olkin, I., Sampson, A.R. (2001) Multivariate Analysis: Overview. In: *International Encyclopedia of the Social & Behavioral Sciences*. p. 10240–10247 10240–10247
- Ovando-Martinez, M., López-Teros V., M., Tortoledo-Ortiz, O., Astiazarán-García, H., Ayala-Zavala, J.F., Villegas-Ochoa, M.A., González-Aguilar, G.A. (2018)

- Effect of ripening on physico-chemical properties and bioactive compounds in papaya pulp, skin and seeds. *Indian J Nat Prod Resour* 9: 47–59.
- Paiva, C.L., Viana, A.P., Santos, E.A., Freitas, J.C.O., do Amaral Junior, A.T. (2016) Genetic gain estimated by different selection criteria in guava progenies. *Bragantia* 75: 418–427.
- Pereira, A.V., Vencovsky, R., Cruz, C.D. (1992) Selection of botanical and agronomical descriptors for the characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm. *Rev Bras Genética* 15: 115–124.
- Pereira, M.G., Poltronieri, T.P.D.S., Pereira, T.N.S., Ramos, H.C.C., Catarina, R.S., 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., Felipe, S., Vivas, M., Ferregueti, G.A. (2019) Twenty-two-year papaya breeding program: from breeding strategy establishment to cultivar development. *Funct plant Breed J* 1: 9–27.
- Pinheiro, E.A., Coimbra, R.R., Silva, K.L.F., Ferreira, W.D.M. (2018) Characterization and phenotypic variability in natural populations of Mangabeira in the state of Tocantins, Brazil. *Rev Caatinga* 31: 560–571.
- Pinto, F. de O., Ramos, H.C.C., Cardoso, D.L., Luz, L.N. da., Pereira, M.G. (2013a) Desenvolvimento de genótipos de mamoeiro tolerantes à mancha fisiológica 1. *Rev Bras Frutic* 35: 1101–1115.
- Pinto, F.O., Da Luz, L.N., Pereira, M.G., Cardoso, D.L., Ramos, H.C.C. (2013b) Metodologia dos modelos mistos para seleção combinada em progênies segregantes de mamoeiro. *Rev Bras Ciências Agrar* 8: 211–217.
- Pirovani, A.A.V., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Diego Fernando Marmolejo, C., Boechat, M.S.B., Bohry, D., Pereira, M.G. (2018) A hermaphrodite genotype in dioecious papaya progeny: sex reversal or contamination?. *Euphytica*. doi: 10.1007/s10681-018-2304-2
- Poltronieri, T.P. de S., da Silveira, S.F., Vivas, M., Santa-Catarina, R., Azevedo, A.O.N., Cortes, D.F.M., Pereira, M.G. (2019) Identification of papaya hybrids resistant to *Stagonosporopsis caricae* by heterosis: a possible reality?.

Euphytica. doi: 10.1007/s10681-019-2348-y

- 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. *Genet Mol Res* 16: 1–11.
- Ramos, D.P., Silva, A.C. da., Leonel, S., Costa, S.M., Erval Rafael Damato Júnior. (2010) Produção e qualidade de frutos da goiabeira ‘Paluma’, submetida à diferentes épocas de poda em clima subtropical. *Rev Ceres* 57: 659–664.
- Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Gonçalves, L.S.A., Berilli, A.P.C.G., Pinto, F.O., Ribeiro, E.H. (2012) Multivariate analysis to determine the genetic distance among backcross papaya (*Carica papaya*) progenies. *Genet Mol Res* 11: 1280–1295.
- Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Gonçalves, L.S.A., Amaral Júnior, A.T. do., Scapim, C.A. (2011) Comparison of multiallelic distances for the quantification of genetic diversity in the papaya. *Acta Sci Agron* 33: 59–66.
- Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Viana, A.P., Luz, L.N. da., Cardoso, D.L., Ferregueti, G.A. (2014) Combined Selection in Backcross Population of Papaya (*Carica papaya* L.) by the Mixed Model Methodology. *Am J Plant Sci* 5: 2973–2983.
- Raposo, F.V., Ramalho, M.A.P., Abreu, A.D.F.B. (2000) Comparação de métodos de condução de populações segregantes do feijoeiro. *Pesqui Agropecu Bras* 35: 1991–1997.
- 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. *Pesqui Agropecu Bras* 50: 210–217.
- Rencher, A.C. (2005) *A Review Of “Methods of Multivariate Analysis, Second Edition.”* 1083–1085p.
- Resende, M.D.V. de. (2000) Análise estatística de modelos mistos via Reml/Blup na experimentação melhoramento de plantas perenes. Colombo 101pp.
- Resende, M.D.V. (2004) Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos

- de campo. Colombo, PR 57pp.
- Resende, M.D.V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: A useful tool for plant breeding. *Crop Breed Appl Biotechnol* 16: 330–339.
- Resende, M.D. V. (2007) *SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos*. Embrapa Florestas, 360p.
- Ribeiro, R.M., Martins Gomes, V., Pio Viana, A., Moreira Souza, R., Santos, P.R. dos. (2019) Selection of interspecific *Psidium* spp. hybrids resistant to *Meloidogyne enterolobii*. *Acta Sci Agron* 41: e42702.
- Rodrigues, E. V., Daher, R.F., Dos Santos, A., Vivas, M., Machado, J.C., Gravina, G.A., De Souza, Y.P., Vidal, A.K., dos Rocha, A.S., Freitas, R.S. (2017) Selecting elephant grass families and progenies to produce bioenergy through mixed models (REML/BLUP). *Genet Mol Res*. doi: 10.4238/gmr16029301
- Ruggiero, C., Lúcio, S., Marin, D., Durigan, J.F. (2011) Mamão, uma história de sucesso. *Rev Bras Frutic* 76–82.
- Sabaghnia, N., Janmohammadi, M. (2016) Biplot analysis of silicon dioxide on early growth of sunflower. *Plant Breed Seed Sci* 73: 87–98.
- Santa-Catarina, R., Fernando, D., Cortes, M., Cesar, J., Vettorazzi, F., Ramos, C.C., Ferregueti, G.A., Pereira, M.G. (2018) Image-based phenotyping of morpho-agronomic traits in papaya fruits (*Carica papaya* L . THB var .). *Aust J Crop Sci* 12: 1750–1756.
- Santa-catarina, R., Fiorio Vettorazzi, J.C., Diego Fernando Marmolejo, C., Santana, J.G.S., Poltronieri, T.P. de S., Miranda, D.P., Pirovani, A.A.V., Moreira, N.F., Vivas, M., Gonzaga Pereira, M. (2020) Phenotypic characterization of recurrent selection S₁ Papaya (*Carica papaya* L .) families by multivariate approach. *Euphytica* 216: 117.
- 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. de., Pirovani, A.A.V., Ramos, H.C.C., Vivas, M., Viana, A.P. (2020) Papaya

- (*Carica papaya* L.) S₁ family recurrent selection: Opportunities and selection alternatives from the base population. *Sci Hortic (Amsterdam)* 260: 108848.
- Santos, A. dos., Amaral Júnior, A.T. do., Kurosawa, R. do N.F., Gerhardt, I.F.S., Neto, R.F. (2017) GGE biplot projection in discriminating the efficiency of popcorn lines to use nitrogen. *Ciência e Agrotecnologia* 41: 22–31.
- Santos, S.A. dos., Silva, R.F. da., Pereira, M.G., Alves, E., Machado, J. da C., Borém, F.M., Guimarães, R.M., Marques, E.R. (2009) Estudos morfo-anatômicos de sementes de dois genótipos de mamão (*Carica papaya* L.). *Rev Bras Sementes* 31: 116–122.
- Serrano, L.A.L., Cattaneo, L.F. (2010) O cultivo do mamoeiro no Brasil. *Rev Bras Frutic* 32: 657–959.
- Sganzerla, W.G., Beling, P.C., Ferreira, A.L.A., Azevedo, M.S., Ferrareze, J.P., Komatsu, R.A., Nunes, M.R., Lima Veeck, A.P. (2019) Geographical discrimination of uvaia (*Eugenia pyriformis* Cambess) by principal component analysis. *J Sci Food Agric*. doi: 10.1002/jsfa.9961
- Shiga, T.M., Fabi, J.P., Nascimento, J.R.O. Do., De Petkowicz, C.L.O., Vriesmann, L.C., Lajolo, F.M., Cordenunsi, B.R. (2009) Changes in cell wall composition associated to the softening of ripening Papaya: Evidence of extensive solubilization of large molecular mass galactouronides. *J Agric Food Chem* 57: 7064–7071.
- Siddiqui, M.W. (2018) *Preharvest Modulation of Postharvest Fruit and Vegetable Quality*. Londres: Academic Press, 498p.
- Silva, F.F. da., Pereira, M.G., Campos, W.F., Damasceno, P.C., Pereira, T.N.S., De Souza Filho, G.A., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Ferregueti, G.A. (2007) DNA marker-assisted sex conversion in elite papaya genotype (*Carica papaya* L.). *Crop Breed Appl Biotechnol*. doi: 10.12702/1984-7033.v07n01a08
- Silva, L.R.A. da., Silva, G.M.C., Silva, W.B., Souza, C.L.M. de., Oliveira, J.G. de. (2015a) Atividade respiratória em mitocôndrias isoladas da polpa do mamão UENF / Caliman 01 e Tainung 01 na conservação do fruto em pós-colheita 1. *Rev Bras Frutic* 37: 296–307.

- Silva, S.C. da., Sbrissia, A.F. (2010) Análise de componentes principais entre características morfogênicas e estruturais em capim-marandu sob lotação contínua. 690–693.
- Silva, T.P. da., Neto, F. das C.V., DoVale, J.C. (2017) Prediction of genetic gains with selection between and within S_2 progenies of papaya using the REML/Blup analysis. *Pesqui Agropecu Bras* 52: 1167–1177.
- Silva, V.B. da., Daher, R.F., Souza, Y.P. de., Menezes, B.R.D.S., Azevedo Santos, E., Souza Freitas, R., Oliveira, E. da S., Francesconi Stida, W., Cassaro, S. (2020) Assessment of energy production in full-sibling families of elephant grass by mixed models. *Renew Energy* 146: 744–749.
- Silva, F.F., Pereira, M.G., Ramos, H.C.C., Damasceno, P.C., Pereira, T.N.S., Gabriel, A.P.C., Viana, A.P., Ferregueti, G.A. (2008) Selection and estimation of the genetic gain in segregating generations of papaya (*Carica papaya* L.). *Crop Breed Appl Biotechnol* 8: 1–8.
- Silva, W.B., Silva, G.M.C., Silva, L.R. da., Waldman, W.R., Oliveira, J.G. de. (2015b) Tratamento com cloreto de cálcio na pós-colheita retarda o desverdecimento e a perda de firmeza do mamão uenf / caliman01. *Rev Bras Frutic* 37: 588–599.
- Singh, A.K., Bajpai, A., Singh, A. (2010) Classification of morpho-agronomic variability in papaya for developing elite cultivar. *Acta Hortic* 851: 137–144.
- Smith, F.H. (1936) Smith_1936_A discriminant function for plant selection. *Ann Eugen* 7: 240–250.
- Sousa, C.M.B., Gravina, G.A., Viana, A.P., Daher, R.F., Souza, C.L. (2017) Selection of snap bean F_2 progenies for production using the REML/BLUP methodology. *Hortic Bras* 35: 33–40.
- Sousa, M.B. e., Damasceno-Silva, K.J., Rocha, M. de M., Júnior, J.Â.N. de M., Lima, L.R.L. (2018) Genotype by Environment Intraction in Cowpea Lines using GGE biplot Method. *Rev Caatinga* 31: 64–71.
- 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. (1969) *Outlines of Perennial Crop Breeding in the Tropics*. p. 308
308
- Tobar-Tosse, D.E., Castoldi, R., Candido, W. dos S., Ferraudo, A.S., Charlo, H.C. de O., Braz, L.T. (2015) Caracterização de genótipos de soja-hortaliça por análise de componentes principais. *Cienc Rural* 45: 1214–1219.
- Trevisan, M.J., Jacomino, A.P., Cunha Junior, L.C., Alves, R.F. (2013) Aplicação de 1-metilciclopropeno associado ao etileno para minimizar seus efeitos na inibição do amadurecimento do mamão “golden.” *Rev Bras Frutic* 35: 384–390.
- Vale, E.D.M., Heringer, A.S., Barroso, T., Teixeira, A., Nunes, M., Enrique, J., Perales, A., Santa-catarina, C., Silveira, V. (2014) Comparative proteomic analysis of somatic embryo maturation in *Carica papaya* L . Comparative proteomic analysis of somatic embryo maturation in *Carica papaya* L .
- Vale, E.M., Reis, R.S., Santa-Catarina, R., Pereira, M.G., Santa-Catarina, C., Silveira, V. (2016) Comparative proteomic analysis of the heterosis phenomenon in papaya roots. *Sci Hortic (Amsterdam)* 209: 178–186.
- VanBuren, R., Zeng, F., Chen, C., Zhang, J., Wai, C.M., Han, J., Aryal, R., Gschwend, A.R., Wang, J., Na, J.-K., Huang, L., Zhang, L., Miao, W., Gou, J., Arro, J., Guyot, R., Moore, R.C., Wang, M.-L., Zee, F., Charlesworth, D., Moore, P.H., Yu, Q., Ming, R. (2015) Origin and domestication of papaya Yh chromosome. *Genome Res* 25: 524–533.
- Vencovsky, R. (1987) Herança Quantitativa. *In: Paterniani, E., Viegas, G. (ed) Melhoramento e Produção do Milho*. p. 135–214 135–214
- Vettorazzi, J.C.F., Santa-catarina, R., Pastana, T., Poltronieri, D.S., Marmolejo, D.F., Santana, J.G.S. (2021) Combining ability of recombined F₄ papaya lines: a strategy to select hybrid combination.
- Vidal, N.M., Grazziotin, A.L., Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Venancio, T.M. (2014)

- Development of a gene-centered ssr atlas as a resource for papaya (*Carica papaya*) marker-assisted selection and population genetic studies. PLoS One. doi: 10.1371/journal.pone.0112654
- Vivas, M., da Silveira, S.F., da Silva Terra, C.E.P., Pereira, M.G. (2010) Reação de germoplasma e híbridos de mamoeiro à mancha-de-phoma (*Phoma caricae-papayae*) em condições de campo. *Trop Plant Pathol* 35: 323–328.
- Vivas, M., Da Silveira, S.F., Vivas, J.M.S., Viana, A.P., Do Amaral junior, A.T., Pereira, M.G. (2014a) Seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma via modelos mistos. *Bragantia* 73: 446–450.
- Vivas, M., Felipe, S., Maganha, J., Vivas, S., Viana, A.P., Teixeira, A., Pereira, M.G. (2014b) Seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma via modelos mistos. *Bragantia* 73: 446–450.
- Vivas, M., Silveira, S.F. da., Terra, C.E.P. da S., Pereira, M.G. (2011) Testers for combining ability and selection of papaya hybrids resistant to fungal diseases. *Crop Breed Appl Biotechnol* 11: 36–42.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Pio-Viana, A., Amaral-Júnior, A.T., Ferregueti, G.A., Pereira, M.G. (2015) Resistance to multiple foliar diseases in papaya genotypes in Brazil. *Crop Prot* 71: 138–143.
- Wang, B., Xie, X., Liu, S., Wang, X., Pang, H., Liu, Y. (2017) Development and characterization of novel microsatellite markers for the Common Pheasant (*Phasianus colchicus*) using RAD-seq. *Avian Res* 8: 1–7.
- Wang, J., Na, J.-K., Yu, Q., Gschwend, A.R., Han, J., Zeng, F., Aryal, R., VanBuren, R., Murray, J.E., Zhang, W., Navajas-Perez, R., Feltus, F.A., Lemke, C., Tong, E.J., Chen, C., Man Wai, C., Singh, R., Wang, M.-L., Min, X.J., Alam, M., Charlesworth, D., Moore, P.H., Jiang, J., Paterson, A.H., Ming, R. (2012) Sequencing papaya X and Yh chromosomes reveals molecular basis of incipient sex chromosome evolution. *Proc Natl Acad Sci* 109: 13710–13715.
- Wickham, H. (2016) *ggplot2: elegant graphics for data analysis*.

- Wijaya, C.H., Feng, C. (2013) Flavour Of Papaya (*Carica papaya* L.) Fruit. *Biotropia (Bogor)* 20: 50–71.
- Yan, W. (2014) Crop Variety Trials: Data Management and Analysis. p. 1–30 1–30
- Yan, W., Cornelius, P.L., Crossa, J., Hunt, L.A. (2001) Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data. *Crop Sci* 41: 656–663.
- Yan, W., Frégeau-Reid, J. (2018) Genotype by Yield*Trait (GYT) biplot: a novel approach for genotype selection based on multiple traits. *Sci Rep* 8: 1–10.
- Yan, W., Holland, J.B. (2010) A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation. *Euphytica* 171: 355–369.
- Yan, W., Kang, M.S., Ma, B., Woods, S., Cornelius, P.L. (2007) GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Sci* 47: 641–653.
- Yan, W., Rajcan, I. (2002) Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Sci* 42: 11–20.
- Yang, R.C., Crossa, J., Cornelius, P.L., Burgueño, J. (2009) Biplot analysis of genotype × environment interaction: Proceed with caution. *Crop Sci* 49: 1564–1576.
- Zerpa-Catanho, D., Wai, J., Wang, M.L., Yu, L., Nguyen, J., Ming, R. (2019) Differential gene expression among three sex types reveals a MALE STERILITY 1 (CpMS1) for sex differentiation in papaya. *BMC Plant Biol* 19: 1–22.
- Zhang, L., Huang, C., Zhao, H. (2019) Application of pullulan and chitosan multilayer coatings in fresh papayas. *Coatings*. doi: 10.3390/coatings9110745
- Zou, S., Yao, X., Zhong, C., Zhao, T., Huang, H. (2019) Effectiveness of recurrent selection in *Akebia trifoliata* (*Lardizabalaceae*) breeding. *Sci Hortic (Amsterdam)* 246: 79–85.

APÊNDICE

Apêndice A. Agrupamento das linhagens para nove características morfoagronômicas relacionadas a qualidade de fruto⁽¹⁾. Campos dos Goytacazes, 2020.

Linhagens	Características Morfoagronômicas																	
	PMF		FF		FP		TSS		EP		CCO		DCO		VP		RENDP	
L1	1152.5	d	131.7	b	93.2	a	8.4	b	2.9	a	16.3	c	3.6	a	1035.1	c	89.2	a
L10	1322.0	d	128.3	c	84.9	b	10.1	a	3.1	a	16.5	c	4.2	a	1050.1	c	86.3	a
L100	1412.9	c	120.6	d	86.6	b	8.4	b	2.7	a	21.4	a	5.8	a	988.5	c	70.8	b
L101	1391.6	d	121.2	d	81.7	b	11.8	a	3.0	a	17.7	b	5.1	a	1101.1	b	79.2	b
L102	1688.7	c	128.3	c	90.4	a	9.6	b	3.1	a	19.7	a	5.8	a	1156.3	b	76.5	b
L103	1185.6	d	121.5	d	80.0	b	9.7	b	2.5	a	21.5	a	4.6	a	823.7	d	76.9	b
L104	836.3	e	124.6	c	90.3	a	8.1	b	2.4	a	16.3	c	4.7	a	588.8	d	75.3	b
L106	1827.9	b	126.5	c	85.6	b	9.7	b	3.2	a	21.5	a	5.5	a	1383.3	a	79.8	b
L107	1770.3	c	122.2	d	86.9	a	7.8	b	3.2	a	22.6	a	4.6	a	1649.1	a	86.7	a
L108	1680.3	c	114.4	d	82.8	b	8.9	b	3.2	a	20.6	a	5.2	a	1334.3	b	81.5	a
L12	1715.5	c	127.5	c	93.7	a	11.9	a	3.0	a	19.8	a	5.5	a	1168.5	b	78.9	b
L13	1149.6	d	125.3	c	87.3	a	10.6	a	2.7	a	18.7	b	4.7	a	846.4	d	79.7	b
L14	1090.7	d	124.3	c	90.9	a	10.2	a	2.9	a	17.4	b	4.7	a	797.4	d	79.4	b
L15	1222.3	d	128.7	c	92.0	a	10.2	a	2.6	a	19.4	a	5.6	a	885.1	c	73.1	b
L16	1053.7	e	129.3	c	92.7	a	10.6	a	2.8	a	16.6	c	4.7	a	792.3	d	79.2	b
L17	1149.6	d	124.3	c	87.3	a	8.5	b	2.7	a	18.3	b	4.6	a	823.4	d	79.8	b
L18	1294.3	d	123.2	c	84.9	b	8.3	b	3.0	a	17.6	b	4.8	a	1013.8	c	82.6	a

Apêndice A Cont.

Linhagens	Características Morfoagronômicas																	
	PMF		FF		FP		TSS		EP		CCO		DCO		VP		RENDP	
L19	1636.6	c	134.4	b	87.1	a	9.9	a	3.0	a	23.6	a	5.1	a	1590.3	a	82.4	a
L2	1027.5	e	125.8	c	85.0	b	10.9	a	2.5	a	19.4	a	4.7	a	728.8	d	75.0	b
L20	950.9	e	127.9	c	87.7	a	9.8	a	2.6	a	17.3	b	4.4	a	696.3	d	79.3	b
L22	1021.7	e	135.7	b	93.4	a	10.3	a	2.7	a	19.8	a	3.4	a	816.8	d	85.9	a
L23	1339.1	d	133.7	b	88.1	a	9.7	b	2.8	a	21.3	a	4.6	a	959.5	c	80.5	a
L24	1392.3	d	137.1	b	82.1	b	7.3	b	2.9	a	21.0	a	5.9	a	1153.6	b	74.5	b
L25	1124.5	d	130.9	b	97.4	a	8.1	b	3.1	a	14.2	c	4.8	a	921.3	c	83.7	a
L26	1355.8	d	122.6	d	86.0	b	9.9	a	2.9	a	21.2	a	4.1	a	1031.5	c	83.5	a
L27	1190.5	d	122.1	d	87.7	a	10.5	a	3.0	a	15.1	c	5.0	a	889.8	c	81.7	a
L28	804.0	e	132.3	b	69.7	b	10.3	a	2.9	a	16.9	c	4.0	a	949.3	c	86.1	a
L29	1028.5	e	125.8	c	88.8	a	9.0	b	2.9	a	16.5	c	3.9	a	882.1	c	82.8	a
L3	1154.4	d	117.1	d	87.5	a	11.1	a	2.8	a	17.4	b	5.0	a	836.4	d	78.1	b
L30	1687.3	c	127.8	c	92.1	a	8.8	b	3.1	a	21.1	a	5.9	a	1253.1	b	75.3	b
L32	1243.1	d	122.9	d	82.0	b	9.7	b	2.6	a	21.3	a	4.7	a	867.5	c	77.2	b
L33	1380.3	d	122.6	d	85.0	b	9.5	b	2.8	a	20.2	a	5.0	a	982.5	c	78.0	b
L34	1169.4	d	137.0	b	91.8	a	10.6	a	2.7	a	18.5	b	4.5	a	839.5	d	80.6	a
L35	1523.0	c	126.6	c	88.7	a	9.3	b	2.7	a	20.0	a	5.2	a	1142.4	b	77.7	b

Apêndice A Cont.

Linhagens	Características Morfoagronômicas																	
	PMF		FF		FP		TSS		EP		CCO		DCO		VP		RENDP	
L36	1389.9	d	125.3	c	88.2	a	8.6	b	2.9	a	20.8	a	4.9	a	1015.0	c	79.0	b
L37	1201.0	d	125.2	c	87.0	a	9.8	a	2.6	a	19.9	a	5.3	a	873.2	c	74.3	b
L38	1333.2	d	123.3	c	88.3	a	9.0	b	3.0	a	19.3	a	4.8	a	1029.8	c	80.8	a
L39	1504.0	c	149.2	a	90.5	a	10.3	a	3.1	a	20.1	a	4.4	a	1299.9	b	85.7	a
L4	1154.5	d	126.5	c	87.1	a	9.6	b	2.6	a	19.3	a	4.9	a	822.1	d	76.9	b
L40	1321.2	d	133.9	b	91.9	a	9.6	b	2.8	a	18.7	b	4.9	a	923.6	c	79.3	b
L41	1514.8	c	128.5	c	87.2	a	9.3	b	2.6	a	20.6	a	5.8	a	1075.3	b	74.3	b
L43	949.4	e	127.3	c	85.0	b	9.2	b	2.6	a	17.8	b	4.6	a	768.3	d	78.4	b
L44	1157.9	d	122.1	d	86.3	b	9.5	b	2.6	a	18.3	b	5.3	a	818.3	d	74.6	b
L45	1470.8	c	130.2	b	84.8	b	10.0	a	3.0	a	20.7	a	4.9	a	1150.9	b	81.4	a
L46	1473.0	c	124.6	c	89.7	a	8.9	b	2.6	a	21.4	a	5.1	a	1043.9	c	77.1	b
L47	1161.1	d	127.2	c	89.9	a	9.6	b	2.6	a	19.4	a	4.4	a	826.1	d	79.9	b
L48	874.6	e	131.5	b	86.0	b	10.3	a	2.9	a	15.0	c	3.9	a	732.7	d	84.1	a
L49	1009.4	e	132.8	b	92.3	a	10.8	a	2.7	a	17.4	b	4.1	a	761.6	d	83.1	a
L50	1225.8	d	115.2	d	77.2	b	8.3	b	2.6	a	21.6	a	5.2	a	782.8	d	71.9	b
L51	1622.0	c	142.1	a	92.7	a	7.4	b	3.2	a	19.1	a	4.7	a	1208.0	b	84.3	a
L52	637.5	e	127.1	c	92.6	a	9.9	a	2.3	a	14.7	c	4.0	a	508.1	d	80.2	b

Apêndice A Cont.

Linhagens	Características Morfoagronômicas																	
	PMF		FF		FP		TSS		EP		CCO		DCO		VP		RENDP	
L53	1128.3	d	126.3	c	84.5	b	10.2	a	2.6	a	18.3	b	5.3	a	783.5	d	74.1	b
L54	1156.9	d	120.8	d	82.2	b	9.9	a	2.5	a	21.7	a	4.6	a	781.9	d	76.4	b
L55	1371.3	d	120.9	d	80.1	b	9.7	b	2.7	a	21.4	a	5.2	a	939.6	c	75.0	b
L56	1694.4	c	130.6	b	85.1	b	8.7	b	2.8	a	20.0	a	6.2	a	1224.8	b	75.0	b
L57	1254.4	d	124.7	c	84.7	b	9.7	b	2.7	a	17.8	b	4.9	a	849.5	d	78.8	b
L58	1588.2	c	120.4	d	86.8	a	11.0	a	2.9	a	22.2	a	5.3	a	1171.6	b	77.9	b
L59	1297.3	d	120.3	d	82.8	b	8.7	b	2.6	a	21.7	a	4.8	a	965.3	c	78.6	b
L6	1104.0	d	125.0	c	92.4	a	9.3	b	2.6	a	20.7	a	3.9	a	859.0	c	82.7	a
L60	1213.3	d	123.5	c	91.3	a	9.1	b	2.7	a	18.5	b	4.9	a	820.0	d	77.6	b
L61	2047.9	a	134.9	b	94.6	a	10.1	a	3.3	a	22.0	a	5.0	a	1652.9	a	84.4	a
L62	1101.3	d	121.9	d	82.2	b	9.6	b	2.5	a	19.1	a	5.0	a	798.6	d	75.2	b
L63	1844.0	b	146.8	a	93.1	a	9.2	b	3.1	a	20.9	a	5.1	a	1497.6	a	82.4	a
L64	1240.4	d	120.5	d	91.4	a	9.7	b	3.1	a	17.4	b	4.6	a	975.3	c	83.1	a
L65	1282.4	d	128.2	c	87.9	a	9.2	b	2.5	a	23.9	a	4.6	a	921.4	c	77.0	b
L66	1355.5	d	131.2	b	92.0	a	8.7	b	3.1	a	17.9	b	4.5	a	1150.2	b	85.4	a
L68	960.5	e	129.6	b	86.1	b	9.3	b	2.4	a	18.4	b	4.3	a	716.6	d	79.6	b
L69	1126.5	d	124.7	c	88.2	a	10.7	a	2.7	a	18.5	b	4.6	a	831.3	d	79.9	b

Apêndice A Cont.

Linhagens	Características Morfoagronômicas																	
	PMF		FF		FP		TSS		EP		CCO		DCO		VP		RENDP	
L7	1287.0	d	141.3	a	98.9	a	8.5	b	2.8	a	20.6	a	4.8	a	919.1	c	77.6	b
L70	791.4	e	118.8	d	85.8	b	10.8	a	2.6	a	15.8	c	3.5	a	620.9	d	85.4	a
L71	1268.8	d	117.8	d	74.8	b	11.4	a	2.8	a	18.0	b	5.2	a	1028.7	c	80.3	b
L72	1088.4	d	127.3	c	92.1	a	9.7	b	2.8	a	17.6	b	3.9	a	905.7	c	86.5	a
L73	964.2	e	132.8	b	89.9	a	10.4	a	2.5	a	19.2	a	4.1	a	733.5	d	80.5	a
L74	1172.4	d	122.5	d	83.8	b	8.9	b	2.8	a	18.5	b	4.4	a	892.5	c	82.7	a
L75	1247.9	d	124.1	c	82.1	b	10.3	a	2.6	a	18.6	b	5.3	a	876.5	c	76.2	b
L76	1508.3	c	130.1	b	93.0	a	9.4	b	3.0	a	18.1	b	5.7	a	1107.5	b	77.2	b
L77	1149.5	d	124.9	c	83.7	b	8.4	b	3.1	a	16.0	c	4.7	a	919.3	c	83.2	a
L78	1317.5	d	117.4	d	84.8	b	8.2	b	2.9	a	19.3	a	4.7	a	1131.5	b	82.5	a
L8	1105.9	d	112.8	d	81.0	b	9.0	b	2.8	a	15.5	c	5.2	a	842.4	d	79.5	b
L80	1311.7	d	138.6	b	85.5	b	10.7	a	2.8	a	20.3	a	4.1	a	1110.8	b	85.9	a
L81	1038.9	e	119.0	d	79.9	b	9.9	a	2.6	a	16.6	c	5.3	a	779.4	d	75.4	b
L82	1281.4	d	125.3	c	87.3	a	10.7	a	3.1	a	16.7	c	4.6	a	953.2	c	83.5	a
L83	1685.4	c	133.0	b	84.2	b	9.2	b	2.8	a	20.2	a	5.9	a	1211.8	b	75.9	b
L84	1082.2	d	125.3	c	88.3	a	11.1	a	2.5	a	18.5	b	4.9	a	708.4	d	75.8	b
L85	1085.5	d	119.6	d	83.2	b	9.5	b	2.8	a	17.8	b	4.5	a	939.5	c	82.9	a

Apêndice A Cont.

Linhagens	Características Morfoagronômicas																	
	PMF		FF		FP		TSS		EP		CCO		DCO		VP		RENDP	
L86	2100.0	a	121.9	d	89.6	a	11.5	a	3.5	a	21.9	a	6.0	a	1550.4	a	79.0	b
L88	585.4	e	120.5	d	85.0	b	11.4	a	2.3	a	15.2	c	3.6	a	506.3	d	83.1	a
L89	1466.2	c	125.7	c	90.3	a	10.8	a	3.3	a	16.5	c	4.8	a	1064.3	b	84.0	a
L9	985.4	e	126.2	c	84.0	b	9.0	b	2.7	a	16.0	c	4.5	a	707.2	d	80.4	a
L91	1026.0	e	126.5	c	88.9	a	10.6	a	2.8	a	15.9	c	4.8	a	707.5	d	78.7	b
L92	1536.2	c	128.7	c	90.4	a	10.0	a	3.0	a	20.2	a	5.1	a	1114.8	b	80.2	b
L93	1183.0	d	124.5	c	86.9	a	11.9	a	3.2	a	16.5	c	4.2	a	959.8	c	85.8	a
L94	1471.2	c	127.9	c	85.7	b	10.4	a	3.0	a	19.9	a	5.9	a	942.7	c	72.5	b
L95	984.9	e	122.9	d	82.9	b	11.8	a	2.6	a	17.1	b	5.4	a	781.5	d	72.1	b
L96	2267.3	a	125.0	c	80.9	b	9.1	b	3.4	a	22.9	a	5.7	a	1522.1	a	79.3	b
L98	1097.3	d	125.1	c	82.1	b	8.8	b	2.8	a	17.5	b	5.0	a	785.8	d	77.2	b
L99	1025.4	e	123.1	d	90.0	a	9.3	b	2.6	a	17.5	b	4.7	a	742.9	d	78.3	b
JS12	1143.9		131.0		96.8		10.3		2.5		19.8		4.6		792.2		77.7	
Sekati	1200.4		120.4		87.2		9.2		2.6		18.9		5.6		838.9		71.9	
SS 7212	401.7		116.9		81.4		10.8		2.0		9.7		4.4		272.7		72.8	
Maradol	2231.8		123.9		86.1		9.4		3.2		21.7		6.9		1534.2		73.8	

Apêndice A Cont.

Linhagens	Características Morfoagronômicas								
	PMF	FF	FP	TSS	EP	CCO	DCO	VP	RENDP
Waimanalo	1752.8	123.4	75.8	8.5	2.9	20.2	6.4	1038.9	67.9
Calimosa	1177.1	120.2	90.5	9.7	2.6	16.2	6.3	628.0	64.1
Tainung	1750.7	132.9	89.5	8.4	2.9	22.2	6.1	1426.9	76.2
Golden	371.3	123.7	78.5	10.4	1.9	11.5	3.8	268.4	75.9
Aliança	547.9	129.6	78.7	10.2	2.2	10.4	4.7	376.6	75.1
UC10	1663.9	128.4	88.1	9.9	3.0	21.2	5.6	1085.9	75.6

(1) Médias seguidas de letras iguais, nas colunas, constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo algoritmo de Scott Knott ($P < 0,05$). PMF: peso médio de fruto (g); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis ($^{\circ}$ Brix); EP: espessura da polpa (cm); VP: volume de polpa (cm³), RENDP (%).