

LINHAGENS ENDOGÂMICAS RECOMBINANTES: VARIABILIDADE  
GENÉTICA, AVALIAÇÃO *PER SE*, CAPACIDADE COMBINATÓRIA E  
HETEROSE EM MAMOEIRO

**JULIO CESAR FIORIO VETTORAZZI**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO - UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
FEVEREIRO - 2020

LINHAGENS ENDOGÂMICAS RECOMBINANTES: VARIABILIDADE  
GENÉTICA, AVALIAÇÃO *PER SE*, CAPACIDADE COMBINATÓRIA E  
HETEROSE EM MAMOEIRO

**JULIO CESAR FIORIO VETTORAZZI**

“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 Doutor em Genética e Melhoramento  
de Plantas.”

Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
FEVEREIRO – 2020

### FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

V592

Vettorazzi, Julio Cesar Fiorio.

Linhagens endogâmicas recombinantes : variabilidade genética, avaliação *per se*, capacidade combinatória e heterose em mamoeiro / Julio Cesar Fiorio Vettorazzi. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

90 f. : il.

Bibliografia: 61 - 72.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2020.  
Orientador: Messias Gonzaga Pereira.

1. *Carica papaya* L.. 2. Capacidade específica de combinação. 3. Heterose. 4. Análise multivariada. 5. Índice de seleção. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

LINHAGENS ENDOGÂMICAS RECOMBINANTES:  
VARIABILIDADE GENÉTICA, AVALIAÇÃO *PER SE*, CAPACIDADE  
COMBINATÓRIA E HETEROSE EM MAMOEIRO

**JULIO CESAR FIORIO VETTORAZZI**


“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 Doutor em Genética e Melhoramento  
de Plantas.”

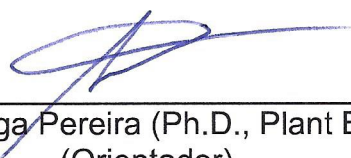
Aprovada em 19 de fevereiro de 2020.

Comissão Examinadora:

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Adésio Ferreira (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)  
UFES/Campus Alegre

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

  
\_\_\_\_\_  
Prof<sup>a</sup>. Helaine Christine Cancela Ramos (D.Sc., Genética e Melhoramento de  
Plantas) - UENF

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

A Deus, por todas as bênçãos concedidas em minha vida.  
Aos meus pais Dejair e Luzia, pela confiança, incentivo e apoio em todos os  
momentos da minha vida e pelo amor que sempre dedicaram a mim.  
Ao meu irmão Alex, por todo apoio incondicional.

DEDICO ESTA CONQUISTA

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, por toda proteção e graças concedidas.

Aos meus pais, Pedro Dejair e Luzia, por todo amor, educação, paciência, dedicação. Obrigado por terem estado sempre ao meu lado durante essa caminhada.

Ao meu irmão Alex e à Larissa, pela amizade e por terem me acompanhado durante toda a minha caminhada acadêmica.

À Mirele Horsth de Paiva Teixeira, pelo apoio incondicional, carinho e companhia ao longo desta trajetória.

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

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, pelo financiamento do projeto, e à FAPERJ pela concessão da bolsa.

Ao professor Messias, pela excelente orientação, pelos ensinamentos e pela paciência durante todo o tempo que permaneci no laboratório como aluno de Iniciação Científica, Mestrado e Doutorado.

Aos meus conselheiros, professor Dr. Alexandre Pio Viana e a professora Dra. Helaine Christine Cancela Ramos, pelas contribuições, sugestões e apoio no desenvolvimento deste trabalho.

Ao Professor Adésio Ferreira por ter aceitado o convite de participação na banca de defesa.

Aos demais professores do curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelo aprendizado, por terem sido fundamentais para minha formação acadêmica.

Ao Ailton Sincora, Ana, Delma e demais funcionários da Caliman, por toda receptividade, cuidado e ajuda durante todo o tempo de desenvolvimento desse trabalho.

Ao Dr. Diego Marmolejo e Dra. Tathianne Pastana pela convivência e por toda ajuda durante o tempo que estiveram no laboratório;

À técnica Marcela, pelo auxílio na execução dos trabalhos, paciência e, acima de tudo, amizade.

Aos amigos Renato, Adriana, Marcela, Fernanda, Pedro, Jocarla, Gabrielle, Isaías, Daniel, Grasiela e Rafaela pela convivência harmoniosa durante o Doutorado.

Ao secretário Daniel, pela amizade, aconselhamentos, por estar sempre disponível em nos ajudar.

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

A todos que me ajudaram direta ou indiretamente.

## SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS .....	viii
LISTA DE FIGURAS .....	x
LISTA DE GRÁFICOS .....	xi
RESUMO .....	xiii
ABSTRACT .....	xv
1. INTRODUÇÃO .....	1
2. OBJETIVO GERAL .....	3
2.1 Objetivos específicos.....	3
3. CAPÍTULOS.....	4
3.1 CAPACIDADE COMBINATÓRIA E HETEROSE DE LINHAGENS RECOMBINANTES EM MAMOEIRO .....	4
3.1.1 INTRODUÇÃO .....	4
3.1.2 REVISÃO DE LITERATURA.....	6
3.1.2.1 Aspectos gerais da cultura .....	6
3.1.2.2 Importância econômica da cultura .....	7
3.1.2.3 Melhoramento genético do mamoeiro no Brasil .....	9
3.1.2.4 Cruzamento biparental e avanço de gerações.....	11
3.1.2.5 Capacidade combinatória e uso de testadores no melhoramento de plantas .....	12
3.1.2.6 Heterose.....	14
3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS.....	15



3.1.3.1	Material genético .....	15
3.1.3.2	Ensaio de avaliação .....	17
3.1.3.3	Características avaliadas no campo .....	17
3.1.3.4	Análise estatística .....	18
3.1.3.4.1	Análise de variância .....	18
3.1.3.4.2	Estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos .....	19
3.1.3.4.3	Capacidade Específica de combinação .....	19
3.1.3.4.4	Heterose .....	20
3.1.4	RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	20
3.1.4.1	Estimativas de parâmetros genéticos .....	20
3.1.4.2	Estimativas de Capacidade Específica de Combinação .....	25
3.1.4.3	Heterose.....	30
3.1.5	CONCLUSÕES .....	37
3.2	DIVERSIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS RECOMBINANTES F <sub>5</sub> USANDO O MÉTODO DE WARD-MLM.....	39
3.2.1	INTRODUÇÃO .....	39
3.2.2	REVISÃO DE LITERATURA.....	40
3.2.2.1	Diversidade Genética .....	40
3.2.2.2	Modelo de Localização Modificado (MLM).....	41
3.2.3	MATERIAL E MÉTODOS.....	43
3.2.3.1	Material Genético e condução do experimento .....	43
3.2.3.2	Características avaliadas no campo .....	44
3.2.3.3	Características avaliadas em laboratório .....	44
3.2.3.4	Análise estatística .....	45
3.2.4	RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	46
3.2.5	CONCLUSÕES .....	50
3.3	SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMOEIRO PARA PRODUTIVIDADE... 51	
3.3.1	INTRODUÇÃO .....	51
3.3.2	REVISÃO DE LITERATURA .....	52
3.3.2.1	Índice de seleção .....	52
3.3.3	MATERIAL E MÉTODOS.....	54
3.3.3.1	Material genético e condução do experimento.....	54
3.3.3.2	Características avaliadas no campo .....	54

3.3.3.3 Índice de seleção .....	55
3.3.4 RESULTADO E DISCUSSÃO.....	56
3.3.5 CONCLUSÃO .....	60
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	61

## LISTA DE TABELAS

### CAPÍTULO 1 - CAPACIDADE COMBINATÓRIA E HETEROSE DE LINHAGENS RECOMBINANTES EM MAMOEIRO

**Tabela 1** - Resumo da análise de variância para oito características morfoagronômicas obtidas pela soma ou média de três épocas de avaliações no mamoeiro. Linhares - Espírito Santo, 2018.....22

**Tabela 2** - Valores Mínimo, Máximo e médias de estimativas de heterose padrão, funcional, varietal 1, 2 e 3 com base nos híbridos 'Calimosa', 'UC10' e 'Tainung-01' e Heterobeltiose para as características número de frutos comerciais (NFC), peso médio de frutos (PMF) e produtividade (PROD).....31

### CAPÍTULO 2 - DIVERSIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS RECOMBINANTES F<sub>5</sub> USANDO O MÉTODO DE WARD-MLM

**Tabela 1** - Médias das variáveis quantitativas para cada um dos três grupos formados pelo método Ward-MLM e as duas variáveis canônicas em mamoeiro.....48

**Tabela 2** - Distância entre os grupos formados pelo procedimento Ward-MLM, proposto por Franco et al. (1998) .....50

### **CAPÍTULO 3 - SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMOEIRO PARA PRODUTIVIDADE**

**Tabela 1** - Estimativas dos ganhos percentuais pelo índice de seleção com base nos critérios de pesos econômicos atribuídos por tentativa e Coeficiente de variação genético para oito características avaliadas em híbridos de mamoeiro.....57

## LISTA DE FIGURAS

### **CAPÍTULO 1 - CAPACIDADE COMBINATÓRIA E HETEROSE DE LINHAGENS RECOMBINANTES EM MAMOEIRO**

**Figura 1** - Fluxograma das etapas de obtenção das linhagens recombinantes e dos novos híbridos a partir de uma população bi parental.....16

### **CAPÍTULO 2 - DIVERSIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS RECOMBINANTES F<sub>5</sub> USANDO O MÉTODO DE WARD-MLM**

**Figura 1.** Gráfico da função logarítmica da probabilidade (Log-likelihood) em relação ao número de grupos formado pela estratégia Ward MLM em genótipos de mamoeiro.....46

**Figura 2.** Gráfico das duas primeiras variáveis canônicas para os três grupos formados pela análise Ward-MLM em mamoeiro.....49

## LISTA DE GRÁFICOS

### CAPÍTULO 1 - CAPACIDADE COMBINATÓRIA E HETEROSE DE LINHAGENS RECOMBINANTES EM MAMOEIRO

**Gráfico 1:** Estimativas de capacidade específica de combinação de oito características avaliadas em 31 combinações híbridas. A) Grupo Intermediário. B) Grupo Formosa. AIPF: Altura de frutos; AP: Altura de planta; DC: Diâmetro do caule; NFC: Número de frutos comerciais; NFD: Número de frutos deformados; NSF: Número de nós sem frutos; PMF: Peso médio de frutos; PROD: Produtividade.....26

**Gráfico 2** - Estimativas de heterose Padrão, funcional, varietal com base nos híbridos comerciais 'Calimosa', 'UC10' e 'Tainung-01' e Heterobeltiose para Número de frutos comerciais para híbridos padrão intermediário e Formosa. HP\_F: Heterose Padrão para Formosa; HP\_I: Heterose Padrão para Intermediário; HF\_F: Heterose Funcional para Formosa; HF\_I: Heterose Funcional para Intermediário; HB\_F: Heterobeltiose para Formosa; HB\_I: Heterobeltiose para Intermediário; HV1\_F: Heterose Varietal com base no híbrido 'Calimosa' para Formosa; HV1\_I: Heterose Varietal com base no híbrido 'Calimosa' para Intermediário; HV2\_F: Heterose Varietal com base no híbrido 'UC10' para Formosa; HV2\_I: Heterose Varietal com base no híbrido 'UC10' para Intermediário; HV3\_F: Heterose Varietal com base no híbrido 'Tainung-01' para Formosa; HV3\_I: Heterose Varietal com base no híbrido 'Tainung-01' para Intermediário.....32

**Gráfico 3** - Estimativas de heterose Padrão, funcional, varietal com base nos híbridos comerciais 'Calimosa', 'UC10' e 'Tainung-01' e Heterobeltiose para Peso Médio de Frutos para híbridos padrão intermediário e Formosa. HP\_F: Heterose Padrão para Formosa; HP\_I: Heterose Padrão para Intermediário; HF\_F: Heterose Funcional para Formosa; HF\_I: Heterose Funcional para Intermediário; HB\_F: Heterobeltiose para Formosa; HB\_I: Heterobeltiose para Intermediário; HV1\_F: Heterose Varietal com base no híbrido 'Calimosa' para Formosa; HV1\_I: Heterose Varietal com base no híbrido 'Calimosa' para Intermediário; HV2\_F: Heterose Varietal com base no híbrido 'UC10' para Formosa; HV2\_I: Heterose Varietal com base no híbrido 'UC10' para Intermediário; HV3\_F: Heterose Varietal com base no híbrido 'Tainung-01' para Formosa; HV3\_I: Heterose Varietal com base no híbrido 'Tainung-01' para Intermediário.....34

**Gráfico 4** - Estimativas de heterose Padrão, funcional, varietal com base nos híbridos comerciais 'Calimosa', 'UC10' e 'Tainung-01' e Heterobeltiose para Produtividade para híbridos padrão intermediário e Formosa. HP\_F: Heterose Padrão para Formosa; HP\_I: Heterose Padrão para Intermediário; HF\_F: Heterose Funcional para Formosa; HF\_I: Heterose Funcional para Intermediário; HB\_F: Heterobeltiose para Formosa; HB\_I: Heterobeltiose para Intermediário; HV1\_F: Heterose Varietal com base no híbrido 'Calimosa' para Formosa; HV1\_I: Heterose Varietal com base no híbrido 'Calimosa' para Intermediário; HV2\_F: Heterose Varietal com base no híbrido 'UC10' para Formosa; HV2\_I: Heterose Varietal com base no híbrido 'UC10' para Intermediário; HV3\_F: Heterose Varietal com base no híbrido 'Tainung-01' para Formosa; HV3\_I: Heterose Varietal com base no híbrido 'Tainung-01' para Intermediário.....36

## RESUMO

VETTORAZZI, Julio Cesar Fiorio, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, fevereiro de 2020. Linhagens endogâmicas recombinantes: variabilidade genética, avaliação *per se*, capacidade combinatória e heterose em mamoeiro. Orientador: Messias Gonzaga Pereira. Professores Conselheiros: Alexandre Pio Viana e Helaine Christine Cancela Ramos

Com a crescente demanda dos mercados interno e externo pela qualidade de frutos de mamão, faz-se necessária a busca por genótipos capazes de incorporar características como alta produtividade e excelente qualidade de frutos. Assim, objetivou-se com o presente trabalho avaliar linhagens endogâmicas recombinantes *per se*, e em capacidade combinatória via Topcross, a partir do cruzamento entre o testador elite SS-72/12 com linhagens recombinantes F<sub>4</sub>. Este estudo resultou em três trabalhos. O primeiro trabalho contempla a avaliação do Topcross, a estimação dos efeitos de capacidade combinatória e os efeitos heteróticos. Para isso, 62 híbridos topcrosses, 97 linhagens F<sub>5</sub> e 10 testemunhas, foram avaliados em delineamento látice 13 x 13, com cinco repetições e duas plantas por parcela. Foram mensuradas as características: altura de planta, altura de inserção do primeiro fruto, diâmetro do caule, número de frutos deformados, número de nós sem frutos, número de frutos comerciais, peso médio de frutos e produtividade. Os resultados obtidos mostraram diferenças significativas para a maioria das características avaliadas, as estimativas de capacidade específica de combinação indicaram que as combinações híbridas formadas pelo cruzamento do testador SS-72/12 com as linhagens: UCLA08-088, UCLA08-101, UCLA08-



071, UCLA08-014, UCLA08-025, UCLA08-028, UCLA08-122, UCLA08-055, UCLA08-026 e UCLA08-092, são combinações promissoras, considerando as múltiplas características. A partir da heterose varietal foi possível selecionar híbridos padrão intermediário e padrão Formosa, superiores aos híbridos comerciais 'Calimosa', 'UC10' e 'Tainung-01', para produtividade. Com relação às estimativas de heterose funcional, a maioria dos híbridos apresentou desempenho superior às linhagens *per se*, sendo recomendada a exploração dos híbridos em ambos os grupos. No segundo trabalho, foi estimada a divergência genética das linhagens F<sub>5</sub>, via metodologia de Ward-MLM, a partir de 16 características morfoagronômicas e de qualidade de frutos. A metodologia de Ward-MLM utilizada foi eficiente na discriminação dos grupos e possibilitou maior eficiência no conhecimento da divergência entre os genótipos, permitindo a formação consistente de três grupos. Os grupos 1 e 2 apresentaram as maiores médias de produtividade, com valores de 33,55 e 39,41 Kg planta<sup>-1</sup>, enquanto o grupo 3 apresentou a menor média, com valor de 22,55 Kg planta<sup>-1</sup>. O terceiro trabalho teve como objetivo prever, via índice de seleção, os ganhos genéticos para características relacionadas à produção de frutos, bem como selecionar híbridos superiores para os grupos Intermediário e Formosa. O índice de seleção foi eficiente em prever ganhos genéticos em produtividade e nas demais características avaliadas, bem como selecionar híbridos padrão Intermediário e padrão Formosa, superiores aos híbridos comerciais 'UC10', "Calimosa" e 'Tainung-01', sendo esses, potenciais opções de híbridos para os produtores no futuro, após avaliações complementares.

**Palavras-chave:** *Carica papaya* L., capacidade específica de combinação, heterose, análise multivariada, índice de seleção.

## ABSTRACT

VETTORAZZI, Julio Cesar Fiorio, D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, February 2020. Recombinant inbred lines: genetic variability, evaluation *per se*, combining ability and heterosis in papaya. Advisor: Prof. Messias Gonzaga Pereira; Committee members: Alexandre Pio Viana and Helaine Christine Cancela Ramos

With the growing demand from the domestic and foreign markets for the quality of papaya fruits, it is necessary to search for genotypes capable of incorporating traits such as high fruit yield and excellent fruit quality. Thus, the present study aimed to evaluate recombinant inbred lines *per se* and in combining ability via Topcross from the cross between the elite tester SS-72/12 with F<sub>4</sub> recombinant lines. This study resulted in three works. The first work includes the Topcross evaluation and the estimation of the combining ability and heterotic effects. For that, 62 topcross hybrids, 97 F<sub>5</sub> lines and 10 controls, were evaluated in a 13 x 13 lattice design with five replicates and two plants per plot. The evaluated traits were: plant height, stem diameter, first-fruit insertion height, number of marketable fruits, number of deformed fruits, number of fruitless nodes, average fruit weight and yield. The obtained results show significant differences for most of the evaluated traits and the estimates of specific combining ability indicate the hybrids formed by crossing the SS-72/12 tester with the following lines: UCLA08-088, UCLA08-101, UCLA08-071, UCLA08-014, UCLA08-025, UCLA08-028, UCLA08-122, UCLA08-055, UCLA08-026 and UCLA08-092 as promising considering the multiple traits. In terms of varietal heterosis it was possible to select hybrids of

intermediate size and Formosa types superior to the commercial hybrids 'Calimosa', 'UC10' and 'Tainung-01' for yield. Regarding the estimates of functional heterosis, most hybrids performed better than the respective *per se* lines, and the exploration of hybrids in both groups was recommended. In the second work, the genetic divergence of the F<sub>5</sub> lines was estimated through Ward-MLM methodology from 16 morphoagronomic and fruit quality traits. The Ward-MLM methodology was efficient in discriminating groups, demonstrating that simultaneous analysis of quantitative data is feasible and can allow greater efficiency in the knowledge of divergence between genotypes and allowed the consistent formation of three groups. Groups 1 and 2 had the highest fruit yield averages, with values of 33.55 and 39.41 kg plant<sup>-1</sup>, while group 3 had the lowest average, reaching only 22.55 kg plant<sup>-1</sup>. The third work aimed to predict by selection index the genetic gains for traits related to fruit yield, as well as to select superior hybrids for the Intermediate and Formosa groups. The selection index was efficient in predicting genetic gains in fruit yield and the other evaluated traits, as well as selecting Intermediate and Formosa hybrids superior to the commercial hybrids 'UC10', 'Calimosa' and 'Tainung-01', these being potential hybrid options for producers in the future after further evaluations.

**Keywords:** *Carica papaya* L., specific combining ability, heterosis, multivariate analysis, selection index.

## 1. INTRODUÇÃO

O mamoeiro é uma das espécies frutíferas de maior importância econômica das regiões tropicais e subtropicais do mundo, sendo amplamente conhecido por seus benefícios nutricionais e medicinais. Devido às condições edafoclimáticas favoráveis ao desenvolvimento da cultura, o Brasil tem se destacado no cenário internacional, sendo um dos países líderes na produção mundial de mamão. Os estados da Bahia e Espírito Santo são, respectivamente, os detentores da maior produção e exportação de mamão (FAOSTAT, 2019).

Apesar da importância desta fruteira para o agronegócio brasileiro, os plantios comerciais são estabelecidos com um número reduzido de cultivares. Isto resulta em restrita variabilidade genética, limita a expansão da cultura para novas áreas e gera vulnerabilidade ao ataque de pragas e doenças. Esta situação pode ser mudada com o desenvolvimento de novas cultivares adaptadas às diferentes regiões produtoras, que sejam mais resistentes a pragas e doenças, apresentem alta produtividade e boa qualidade de frutos, e que atendam as demandas dos mercados interno e externo (Ramos et al., 2014).

Estudos realizados em populações segregantes de mamoeiro permitiram o progresso com a seleção, pois apresentaram grande variabilidade genética em diversas características de importância econômica (Karunakaran et al., 2010; Oliveira et al., 2012; Ramos et al., 2014; Cortes et al., 2018). O desenvolvimento de linhagens a partir de populações segregantes envolve as fases de endogamia, para atingir o nível de homozigose desejado e obter genótipos estáveis, bem

como a fase de seleção, para identificação dos genótipos superiores. No caso de obtenção de híbridos, as linhagens são avaliadas quanto a sua capacidade combinatória (Fehr, 1987).

A capacidade combinatória é a habilidade de uma linhagem em transmitir uma performance desejada para uma progênie híbrida. Por esse método é possível avaliar as linhagens com melhor comportamento médio dentro do conjunto de genitores testados ou com base no desempenho específico em uma combinação híbrida (Cruz et al., 2012). Metodologias como Topcross (Fountain et al., 2019) e Dialelo (Liang et al., 2019), podem ser aplicadas para estudos de capacidade combinatória, a fim de selecionar os genitores mais promissores. Além disso, de posse de genitores e combinações híbridas, é possível realizar estudos relacionados à expressão da heterose, permitindo a exploração do vigor híbrido desses materiais.

Após a avaliação, a identificação dos indivíduos superiores se torna mais promissora e eficaz, principalmente quando realizada com base em várias características de interesse, através do uso de índices de seleção. O índice de seleção no mamoeiro permite associar o peso às médias padronizadas das características de interesse, demonstrando eficiência na seleção de genótipos superiores (Silva et al., 2008; Ramos et al., 2014).

A caracterização dessas populações segregantes também é de grande importância para os programas de melhoramento, pois permite identificar genótipos divergentes com alelos favoráveis a determinadas características, maximizando o vigor híbrido. A análise multivariada é uma abordagem utilizada para estimar a variabilidade genética, padrões de variação e suas relações genéticas entre indivíduos da população (Malik et al., 2014).

Dentre os métodos multivariados, o procedimento Ward - Modified Location Model (MLM), proposto por Franco et al. (1998), consiste em uma excelente estratégia para a quantificação da variabilidade, utilizando as variáveis quantitativas e qualitativas simultaneamente. Nascimento et al. (2019) avaliando progênies F<sub>2</sub> de mamoeiro, observaram alta precisão no agrupamento das progênies, de acordo com os autores, as características que mais contribuíram para a divergência genética foram: comprimento do fruto, comprimento do pecíolo, altura de inserção do primeiro fruto e peso médio de frutos.

## 2. OBJETIVO GERAL

Avaliar híbridos Topcrosses obtidos a partir do cruzamento entre o testador elite SS-72/12 com linhagens recombinantes  $F_4$ , desenvolvidas a partir do cruzamento entre os genitores UC-Sekati x UC-JS12.

### 2.1 Objetivos específicos

- Estimar os parâmetros genéticos e os efeitos de capacidade específica de combinação de novas combinações híbridas, oriundas de Topcross entre linhagens recombinantes  $F_4$  com testador SS-72/12;
- Identificar linhagens com elevado valor genético para produção de híbridos e identificar linhagens superiores *per se* para possível recomendação varietal.
- Avaliar o efeito heterótico das combinações híbridas envolvendo o genitor SS-72/12 e as linhagens superiores de mamoeiro, e indicar híbridos superiores aos híbridos comerciais;
- Estimar a diversidade genética entre às linhagens recombinantes  $F_5$  e seus genitores;
- Predizer ganhos genéticos e identificar híbridos superiores de mamoeiro via índice de seleção.

### **3. CAPÍTULOS**

#### **3.1 CAPACIDADE COMBINATÓRIA E HETEROSE DE LINHAGENS RECOMBINANTES EM MAMOEIRO**

##### **3.1.1 INTRODUÇÃO**

O mamoeiro é uma das fruteiras mais cultivadas e consumidas nas regiões tropicais e subtropicais do mundo. A produção nacional de mamão em 2017 foi de 1,52 milhões de toneladas, correspondendo a 11,7% da produção mundial (FAOSTAT, 2019). Essa produção está diretamente relacionada com o uso de cultivares produtivas e adaptadas às diferentes regiões produtoras. Tais cultivares são obtidas em programas de melhoramento desenvolvidos em instituições públicas e privadas como UENF/CALIMAN, INCAPER e EMBRAPA.

Dentre os programas de melhoramento nacionais, um dos principais é o desenvolvido pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, em parceria com a Empresa Caliman Agrícola S.A. (UENF/CALIMAN). Este programa iniciou-se em 1996, e registrou 21 híbridos no Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento - MAPA. Um dos principais híbridos, e o primeiro nacional, é o “Calimosa” (UENF/CALIMAN – 01), que vem sendo cultivado nas diferentes regiões produtoras de mamão do Brasil, e suas sementes

já são exportadas para diferentes países (Pereira et al., 2020). Entretanto, com a crescente demanda dos mercados interno e externo na busca por genótipos superiores, torna-se necessário o contínuo trabalho para o desenvolvimento de novas cultivares capazes de incorporar características como alta produtividade, qualidade de frutos e resistência a doenças.

As novas cultivares geralmente são obtidas a partir de populações segregantes, por meio dos programas melhoramento. Nessas populações, o melhorista gera grandes quantidades de linhagens e/ou combinações híbridas (Paterniani et al., 2010). Para a avaliação dessas linhagens e/ou combinações híbridas, metodologias como Topcross (Fountain et al., 2019) e Dialelo (Liang et al., 2019) são utilizadas para estudos de capacidades geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, a fim de selecionar os genitores mais promissores. Além disso, de posse de genitores e combinações híbridas, é possível realizar estudos relacionados à expressão da heterose, permitindo a exploração do vigor híbrido desses materiais.

Durante o progresso do programa de melhoramento do mamoeiro na UENF, foram desenvolvidos trabalhos com estudos de CGC e CEC, para a seleção de novos híbridos. Dentre estes, destacam-se os trabalhos que buscam avaliar características relacionadas à produtividade e qualidade de frutos (Ide et al., 2009, Cardoso et al., 2014; 2015, Barros et al., 2017, Santa-Catarina et al., 2019), deformidades de frutos em mamoeiro (Cardoso et al., 2017), e resistência às doenças (Vivas et al., 2014).

Diante do exposto, o presente trabalho teve como objetivos: a) estimar os parâmetros genéticos; b) estimar os efeitos de capacidade combinatória de novas combinações híbridas; c) identificar as linhagens com elevado valor genético; d) avaliar o efeito heterótico e identificar híbridos, que possam ser utilizados como novas opções em termos de tamanho e rendimento de frutos para o mercado produtor e consumidor; e) identificar linhagens superiores *per se* para recomendação varietal.



### 3.1.2 REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1.2.1 Aspectos gerais da cultura

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) pertence à família Caricaceae, que está distribuída em seis gêneros: *Vasconcellea*, *Jacaratia*, *Jarilla*, *Cylicomorpha*, *Horovitzia* e *Carica*. Esses seis gêneros possuem 35 espécies (Gschwend et al., 2013). O gênero *Carica* contém uma espécie, *Carica papaya* L., sendo este o gênero de maior relevância econômica. O maior gênero é o *Vasconcellea*, com 21 espécies. As espécies desse gênero são cultivadas principalmente em elevadas altitudes da América do Sul (Scheldeman et al., 2011). O gênero *Jacaratia* inclui sete espécies que são nativas do México e América do Sul; o *Horovitzia* possui uma espécie; o *Jarilla* tem três espécies; e o *Cylicomorpha* tem duas espécies (Carvalho e Renner, 2012).

De acordo com Badillo (1993), o mamoeiro é originário do Sul do México e Norte da América Central, onde se encontra na forma dioica. Possui crescimento vegetativo, cuja faixa de adaptação pode ser compreendida entre as latitudes 32° Norte e Sul. Portanto, trata-se de um fruto tipicamente tropical, tendo sua distribuição por toda a América tropical, com temperatura ótima de 25 °C, variando entre 21 °C e 33 °C, e regime pluviométrico de 1.500 a 1.800 mm (Oliveira et al., 2011).

A planta pode atingir alturas entre 3 e 8 m. O caule se apresenta com diâmetro entre 10 e 30 cm, herbáceo e ereto, que termina em um conjunto de folhas na região apical, dispostas de forma espiralada com grandes limbos foliares de 7 a 11 nervuras. Possui pecíolos fistulosos, cilíndricos que variam de 50 a 70 cm, podendo atingir 100 cm. O sistema radicular é pivotante, com raiz principal bastante desenvolvida (Dantas e Neto, 2000).

Em relação ao tipo floral, podem ser observadas três variações: flores femininas, masculinas e hermafroditas. Das 35 espécies, 32 são dioicas, possuindo indivíduos separados com flores masculinas ou femininas. A *Carica papaya* L. e a *Vasconcellea cundinamarcensis* são trioicas, ou seja, podem possuir flores masculinas, femininas ou hermafroditas. Já a *Vasconcellea monoica* possui flores masculinas e femininas separadas no mesmo indivíduo e, portanto, são monoicas (Gschwend et al., 2013).

As flores femininas são caracterizadas por apresentarem pedúnculo curto, localizadas bem junto à axila das folhas, as pétalas são totalmente livres até a parte inferior da corola e apresentam um grande ovário arredondado cujo ápice é afunilado; as flores masculinas têm pedúnculo comprido, localizadas longe da axila das folhas, o tubo da corola é estreito e longo, apresentando no seu final pétalas livres, tem órgão masculino e feminino, porém este último geralmente é atrofiado; as flores hermafroditas apresentam flores com pedúnculo curto, as pétalas se encontram soldadas da base até quase a metade do seu comprimento e têm tanto órgão feminino, como masculino funcionais (Oliveira et al., 1995). As flores hermafroditas se destacam como o tipo floral mais frágil à reversão, principalmente em épocas mais quentes do ano, as quais podem apresentar apenas o androceu (Damasceno Junior et al., 2008).

O mamoeiro é uma espécie diploide com  $2n=2x=18$  cromossomos (Damasceno Junior et al., 2009a, 2010). De acordo com Ming et al. (2007), a herança do sexo no mamoeiro é controlada por um par de cromossomos sexuais evoluídos, havendo dois cromossomos Y na espécie. Existem pelo menos dois genes que diferenciam esses dois cromossomos, nas plantas masculinas o cromossomo Y e nas hermafroditas o cromossomo  $Y^h$ . Um gene controla o pedúnculo longo, o outro gene masculinizante controla o aborto do carpelo nas flores masculinas. Assim, plantas portadoras dos genótipos XX, XY e  $XY^h$  são femininas, masculinas e hermafroditas. Já os genótipos YY,  $YY^h$  e  $Y^hY^h$  são letais.

O mamoeiro é identificado como uma espécie autógama facultativa com cleistogamia (Damasceno Junior et al., 2009b). Assim, tanto o híbrido quanto a linhagem podem ser obtidas, exploradas e cultivadas, o que confere uma grande vantagem à cultura. Segundo Dantas e Lima (2001), a obtenção de linhagens e híbridos é possível porque o mamoeiro pode ser autopolinizado sem expressiva perda de vigor, ou seja, não sofre depressão por endogamia.

### **3.1.2.2 Importância econômica da cultura**

O mamoeiro é uma planta tropical, herbácea, de alta produtividade e qualidade dos frutos, e ainda se destaca na família *Caricaceae* pela sua grande importância econômica e social. A cultura está difundida pelas regiões tropicais e subtropicais, onde as condições edafoclimáticas como clima quente, pluviosidade

elevada, solos férteis e bem drenados, são favoráveis ao seu desenvolvimento (Carvalho et al., 2015).

A produção mundial de mamão está centrada principalmente em cinco países que se alternam nas primeiras posições, são eles: Índia, Brasil, México, República Dominicana e Indonésia. Segundo as estimativas da FAOSTAT, em 2018, a produção mundial de mamão foi de 13,29 milhões de toneladas. O Brasil é o segundo maior produtor da fruta, com produção média de 1,06 milhão de toneladas de mamão, o que representou 7,98% da produção mundial, estando abaixo somente da Índia que participou com 45,06% da produção mundial dessa fruta (FAOSTAT, 2019).

O mamoeiro alcançou grande expressão econômica, alimentar e social. No Brasil ele é cultivado em praticamente todos os estados, com destaque para Bahia, Espírito Santo, Ceará e Rio Grande do Norte. Em 2017, a produção foi de: 354.405 toneladas no Espírito Santo, 337.151 toneladas na Bahia, 100.033 toneladas no Ceará e 81.258 toneladas no Rio Grande do Norte (FAOSTAT, 2019).

Dessa expressiva produção brasileira, em 2017, aproximadamente 40.000 toneladas de mamão fresco foram exportadas, sendo o mercado europeu o maior importador. Esse mercado é representado principalmente pelos Países Baixos como Portugal, Espanha, Reino Unido e Alemanha, seguido dos Estados Unidos, país com o qual o Brasil firmou um acordo para facilitar as exportações (Carvalho et al., 2017).

As variedades de mamoeiro são divididas em dois grandes grupos: Solo e Formosa. Os mamões pertencentes ao grupo Solo, conhecidos comercialmente como Papaya ou Havaí, englobam as variedades mais plantadas no Brasil, 'Golden', 'Golden THB', Aliança e Sunrise Solo. Este grupo apresenta os frutos pesando de 350 a 600 gramas, com grande aceitação no mercado, tanto interno como externo. O segundo tipo mais cultivado, inclui os híbridos do grupo Formosa, 'Tainung-01' 'Calimosa' e 'UC10'. Os híbridos do tipo Formosa apresentam grande aceitação no mercado brasileiro e apresentam maiores rendimentos, quando comparados às variedades do grupo Solo, com peso médio dos frutos variando entre 1000 a 1500 g (Serrano e Cattaneo, 2010; Costa et al., 2013; Luz et al., 2015, Pereira et al., 2019a; 2019b).

Além do aspecto alimentar, comumente conhecido pela apreciação dos frutos frescos, são extraídos dos mamões produtos para um amplo uso em diversas áreas de interesse medicinal e das indústrias alimentícia, têxtil e cosmética. Além disso, o mamão é uma importante fonte de carotenoides ( $\beta$ -caroteno, licopeno e  $\beta$ -criptoxantina) e compostos fenólicos, (miricetina, fisetina, morina, quercetina, kaempferol e isorametina), que atuam como antioxidantes e contribuem para as características sensoriais do fruto, como cor, sabor e textura (Zielinski et al., 2014).

### **3.1.2.3 Melhoramento genético do mamoeiro no Brasil**

O mamoeiro é uma espécie introduzida no Brasil. Aqui ele encontrou condições edafoclimáticas favoráveis ao seu desenvolvimento, se tornando uma das principais fruteiras do país. Apesar da importância econômica da cultura, seja em termos mundiais ou de Brasil, poucos são os programas de melhoramento voltados ao desenvolvimento de cultivares. Por esta razão, até pouco tempo atrás, 100% das áreas no Brasil eram cultivadas com híbridos, oriundos da importação de sementes (Pereira et al., 2020).

No Brasil, três instituições são responsáveis pela maioria das pesquisas desenvolvidas no melhoramento genético do mamoeiro. A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, o Instituto Capixaba de pesquisa e Extensão Rural e a Empresa Brasileira de pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Mandioca e Fruticultura). A partir de 1996 a UENF estabeleceu um programa de melhoramento genético do mamoeiro, em parceria com a empresa Caliman Agrícola S.A., tendo como principal objetivo o desenvolvimento de genótipos superiores, capazes de contribuir substancialmente com o agronegócio do mamão no Brasil. Dessa parceria, resultou o registro de 21 híbridos de mamão que se encontram à disposição dos produtores, como novas opções de híbridos de mamoeiro (Pereira et al., 2020).

Esse programa é sustentado por uma equipe multidisciplinar que atua nas áreas de melhoramento clássico, citogenética, genética molecular, fisiologia de pós-colheita, fitopatologia e bioinformática. O programa também contribui na formação de profissionais (Agrônomos, Biólogos, Mestres e Doutores), na geração e divulgação de conhecimento científico na forma de artigos (Pereira et al., 2020). Entre os trabalhos desenvolvidos pelo grupo de pesquisa, destacam-se

aqueles que buscam conhecer as taxas de polinização cruzada, considerando os dois grupos de germoplasma, grupo Solo e grupo Formosa, bem como os grupos associados à gametogênese e ao cariograma da espécie (Damasceno Junior et al., 2009a; 2010).

Outro ponto chave é o conhecimento da herança das características, sendo este um componente importante para definir o tipo de cultivar a ser desenvolvido por um programa de melhoramento. Com o objetivo de obter essas informações, Cattaneo (2001) realizou um estudo de análise de médias e variâncias em diferentes gerações. Verificou-se que os efeitos aditivos apresentaram magnitudes maiores do que os desvios de dominância para número e peso de frutos. Por outro lado, os desvios de dominância apresentaram magnitude maior para a produtividade de frutos por planta. Desta forma, o estudo revelou que no mamoeiro existe a viabilidade de desenvolver tanto cultivares tipo linha pura quanto híbridos.

De posse de informações relacionadas à viabilidade de exploração da heterose em mamoeiro, e considerando a existência de dois grupos heteróticos, foram realizados estudos via dialelo parcial aproveitando a distância genética (Marin et al., 2006a; 2006b), bem como o uso de testadores (Ide et al., 2009), visando identificar combinações híbridas promissoras.

A partir dos resultados obtidos das combinações híbridas em dialelo parcial, foram registrados nove híbridos de mamoeiro, sendo um deles, o primeiro híbrido de mamão brasileiro recomendado aos produtores, denominado de 'UENF/CALIMAN – 01', popularmente conhecido como 'Calimosa'. Este híbrido tem mostrado superioridade em relação ao híbrido 'Tainung-01' do grupo Formosa, sendo uma alternativa para o cultivo do mamoeiro no país. Este híbrido passou a ser cultivado pelos agricultores de diferentes regiões do país e por agricultores de outros países, através da exportação de suas sementes (Pereira et al., 2020).

Em uma segunda fase, considerando a existência da variabilidade intragrupo, procurou-se explorar a heterose intragrupo, utilizando o dialelo completo (Vivas et al., 2011; Cardoso et al., 2014). Verificou-se variabilidade genética entre os genitores e a viabilidade para desenvolvimento de híbridos superiores. Além disso, o estudo revelou a possibilidade de gerar híbridos

produtivos e de boa qualidade, com diferentes tamanhos de frutos, dependendo das combinações intragrupo ou intergrupo (Pereira et al., 2020).

A partir dos resultados do dialelo completo e do uso de testadores, foi realizado um ensaio de Valor de Cultivo e Uso – VCU, com vista ao lançamento de novos híbridos com adaptação para as regiões Sudeste e Nordeste, principais regiões produtoras de mamão no Brasil. Com base nesse ensaio, foi possível o registro e recomendação, junto ao Registro Nacional de Cultivares do MAPA, de quatro novos híbridos de mamão, sendo denominados de ‘UC10’, ‘UC12’, ‘UC14’ e ‘UC16’. Os dois primeiros, ‘UC10’ e ‘UC12’ se enquadram tipicamente no padrão Formosa. Os dois últimos, ‘UC14’ e ‘UC16’, apresentam formato de fruto semelhante ao padrão Solo, porém, com tamanho de frutos intermediários. Estes híbridos são bastante produtivos e apresentam boa qualidade, superando o híbrido ‘Tainung-01’ em várias características (Luz et al., 2015; Pereira et al., 2019a; 2019b).

Destaca-se ainda o desenvolvimento de populações segregantes como estratégia para o melhoramento do mamoeiro. Inicialmente, o programa de melhoramento UENF/Caliman utilizou o retrocruzamento para conversão sexual do genótipo Cariflora, do estado dioico para o ginodioico (Silva et al., 2007a). Com base neste estudo, foram selecionadas linhagens superiores oriundas da conversão sexual. Tais linhagens foram avaliadas quanto à capacidade combinatória (Santa-Catarina, 2016; Barros et al., 2017; Santa-Catarina et al., 2019), permitindo a identificação e seleção de combinações híbridas superiores. Essas combinações, permitiram o registro de mais oito híbridos padrão Solo junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Esses híbridos agregarão ao mercado produtor e consumidor, novas opções em termos de tamanho, qualidade e rendimento de frutos (Pereira et al., 2020).

#### **3.1.2.4 Cruzamento biparental e avanço de gerações**

Considerando os resultados gerados relativos à capacidade combinatória, observou-se a viabilidade de se cruzar genitores Solo e Formosa, tanto inter quanto intragrupo. Assim, visando o desenvolvimento de linhagens e híbridos de frutos grandes, o Programa da UENF/CALIMAN gerou uma população segregante

oriunda do cruzamento entre os genitores UC-Sekati e UC-JS12, ambos pertencentes ao grupo Formosa (Pereira et al., 2020).

A indicação deste cruzamento, além das características individuais *per se*, foi também proveniente de avaliações de cruzamentos em dialelo parcial, as quais indicaram destacada capacidade de combinação, tanto em relação às características morfo-agronômicas (Cardoso et al., 2017), quanto em relação à resistência a doenças (Vivas et al., 2012a; 2012b; 2013).

Ambos os genitores são linhagens endogâmicas pertencentes ao mesmo grupo heterótico, o grupo Formosa. No entanto, são contrastantes para características agronômicas e sensoriais. O genitor UC-Sekati apresenta boa firmeza, baixo teor de sólidos solúveis e frutos com maior diâmetro em relação ao genitor UC-JS12 (Cortes et al., 2019). Já o genitor UC-JS12 apresenta frutos mais compridos, firmeza moderada e alto teor de sólidos solúveis (Cardoso et al., 2015).

O cruzamento gerou os indivíduos  $F_1$ , que por sua vez, foram autofecundados, gerando 200 indivíduos  $F_2$ , os quais foram fenotipados e genotipados. Nessa geração  $F_2$ , duas estratégias de melhoramento foram realizadas. Na primeira, os indivíduos  $F_2$  foram autofecundados, sendo conduzidos via método SSD (*Single Seed Descent*) até a geração  $F_4$ . A partir dessa geração, as linhagens  $F_4$  foram autofecundadas para obtenção das linhagens  $F_5$ . Nessa mesma geração ( $F_4$ ), as mesmas linhagens foram cruzadas com o genitor SS-72/12 (testador do grupo Solo), obtendo os híbridos Topcrosses. Na segunda estratégia, na geração  $F_2$  foi realizada uma seleção, onde os indivíduos foram autofecundados, gerando 30 famílias  $F_{2:3}$ . Dessa seleção, seis progênies superiores foram escolhidas, por apresentarem características como produção, frutos comerciais e espessura da polpa superiores, quando comparadas ao híbrido 'Tainung-01' (Cortes et al., 2019).

#### **3.1.2.5 Capacidade combinatória e uso de testadores no melhoramento de plantas**

Para que a variabilidade genética disponível na cultura do mamoeiro possa ser utilizada de forma eficiente, é necessário conhecer as relações genéticas entre os genótipos utilizados nos cruzamentos. A partir desse conhecimento é possível tomar as decisões pelas melhores combinações que

resultarão em maior sucesso, ou seja, na obtenção de híbridos que apresentem características desejáveis e que sejam superiores às cultivares disponíveis atualmente (Barros et al., 2017).

A habilidade de uma linhagem em transmitir uma performance desejada para uma progênie híbrida é chamada de capacidade de combinação. Segundo Cruz e Regazzi (2004), os estudos de capacidade combinatória possibilitam tanto a identificação de genitores para hibridação e de híbridos com qualidades superiores, quanto auxilia na identificação do método de seleção mais apropriado, por permitir que parâmetros genéticos sejam conhecidos *a priori*.

A capacidade combinatória pode ser de dois tipos: capacidade geral de combinação (CGC); e capacidade específica de combinação (CEC). As estimativas da CGC fornecem informação a respeito da concentração de genes com capacidade de proporcionar efeitos aditivos sobre a característica de interesse, tendo sido muito utilizado como indicativo em programas de melhoramento intrapopulacional. A CGC indica os melhores genitores em um programa de melhoramento que visa o desenvolvimento de novas variedades. A combinação híbrida mais favorável é aquela que apresenta maior estimativa de CEC, e que seja resultante de um cruzamento em que pelo menos um dos parentais apresente elevada CGC, conforme a característica de interesse em estudo (Cruz et al., 2012).

Ide et al. (2009) avaliaram vinte híbridos de mamoeiro oriundos do cruzamento entre treze linhagens Solo, cruzados com testador Formosa (JS-12), e sete linhagens Formosa, cruzados com testador Solo (SS-72/12). Esse trabalho teve por objetivo selecionar híbridos superiores para produção e qualidade de frutos, onde, dos vinte híbridos avaliados, três deles foram selecionados por apresentarem melhor comportamento entre seus valores de Capacidade Específica de Combinação.

Estudando a capacidade combinatória entre genótipos de mamoeiro, Marin (2001) observou que o genótipo dioico Cariflora apresentava excelente capacidade combinatória para várias características agrônômicas. Porém, era um genótipo dioico, o que o impossibilitava a realização da produção de novas linhagens e híbridos. Buscando resolver esse problema, o grupo de melhoramento da UENF iniciou um programa de retrocruzamento, com o objetivo de promover a conversão sexual do genótipo dioico Cariflora para ginoico-



andromonoico, ou seja, incorporação da região responsável pelo hermafroditismo (Silva et al., 2007). Os autores obtiveram três gerações de retrocruzamento, ao longo das quais foram selecionados genótipos agronomicamente superiores, com diferentes proporções genômicas do genitor recorrente. Tais genótipos foram submetidos a várias gerações de seleção e autofecundação e deram origem a novas linhagens superiores, com diferentes níveis de endogamia (Ramos et al., 2014).

Barros et al. (2017), avaliando 22 linhagens de mamoeiro derivadas do cariflora, cruzadas com os testadores JS-12 e SS-72/12, identificaram combinações híbridas para produção e qualidade de frutos. Desse trabalho, dois híbridos foram registrados junto ao MAPA em 2018, sendo eles: UC27 e UC28. Já os híbridos UC20, UC21, UC22, UC23, UC24 e UC25 são resultados de um Topcross desenvolvido por Santa-Catarina et al. (2019), utilizando linhagens de mamoeiro derivadas do Cariflora, cruzadas com o testador SS-72/12.

Além de trabalhos com capacidade combinatória relacionados à conversão sexual, foram realizadas pesquisas a fim de avaliar o uso de testadores na estimação da capacidade combinatória e na seleção de híbridos com resistência à pinta-preta, mancha-de-phoma e mancha-chocolate (Vivas et al., 2011).

### **3.1.2.6 Heterose**

O mamoeiro é uma das culturas tropicais de maior relevância para o mercado nacional e internacional na produção de frutas (Vivas et al., 2018). É cultivado em vários estados brasileiros, em especial na Bahia e Espírito Santo (Luz et al., 2018).

Os programas de melhoramento visam o desenvolvimento de linhagens de mamoeiro com o intuito de utilizá-las em programas de hibridação, focados no vigor ou na heterose de híbridos (Vivas et al., 2018). Heterose ou vigor híbrido, é o fenômeno genético que proporciona aumento na taxa de crescimento, biomassa total, resistência ao estresse e produtividade aos híbridos, sendo observado a partir da avaliação de genótipos obtidos através do cruzamento de genitores altamente divergentes (Mohayjeji et al., 2014). Para que haja heterose, é necessária a existência de genes com grau parcial a completo de dominância

controlando o caráter, além da diversidade genética entre as linhagens (Hallauer e Miranda, 1995; Falconer e Makay, 1996).

A heterose em mamoeiro foi primeiramente observada por Lassoudière (1968), em um híbrido derivado de um cruzamento entre os genótipos Philippine x Solo, cujo fruto apresentou aumento de vigor e florescimento precoce. Dentro do programa de melhoramento do mamoeiro da UENF/Caliman, várias pesquisas foram desenvolvidas com o intuito de verificar a viabilidade de se explorar a heterose em mamoeiro (Pereira et al., 2020).

Cardoso et al. (2014) com o objetivo de avaliar a ocorrência e viabilidade de explorar a heterose em híbridos heteróticos intra-grupo, avaliaram um dialelo completo (8 x 8), obtido a partir de quatro genitores do grupo Formosa e quatro do grupo Solo. O perfil de heterose dos híbridos testados permitiu a identificação de híbridos promissores dentro dos grupos heteróticos Formosa e Solo. Vivas et al. (2018) correlacionando a divergência genética com a heterose dos híbridos para características relacionadas à produção, qualidade de frutos e resistência a doenças, verificaram que não é possível fazer inferências sobre o comportamento dos híbridos a partir da divergência genética entre os genitores. Poltronieri et al. (2019), buscaram identificar genótipos com maior resistência à Mancha de Phoma. A análise dos efeitos da heterose evidenciou a possibilidade de alcançar altos ganhos genéticos. Os resultados obtidos na heterose e produção de mamão permitiram identificar cultivares promissoras.

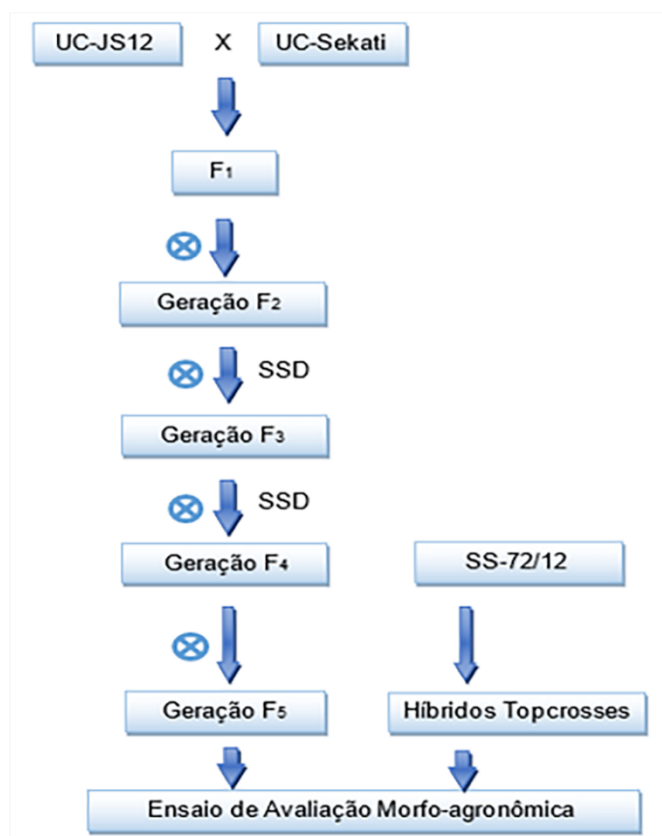
### **3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1.3.1 Material genético**

O material genético foi composto de 97 linhagens F<sub>5</sub>, 62 híbridos Topcrosses e 10 testemunhas (UC-Sekati, UC-JS12, SS-72/12, Maradol, Waimanalo, 'UENF/CALIMAN 01', 'Tainung-01', 'Golden', 'Aliança' e 'UC10'), totalizando 169 genótipos de mamoeiro.

As linhagens F<sub>5</sub> foram obtidas a partir de uma população segregante oriunda do cruzamento entre os genitores UC-Sekati e UC-JS12, provenientes do

Banco de Germoplasma do programa de melhoramento genético UENF/CALIMAN. Estes genitores pertencem ao mesmo grupo heterótico (Grupo Formosa), porém, são contrastantes para características agronômicas e sensoriais. O genitor UC-Sekati possui frutos grandes, ótima firmeza de polpa e teor de sólidos solúveis mediano. Por sua vez, o genitor UC-JS12 diverge do UC-Sekati em relação às duas últimas características, apresentando moderada firmeza de polpa e elevado teor de sólidos solúveis (Cortes et al., 2019). Assim, o genitor UC-Sekati foi utilizado como fonte de firmeza de polpa, enquanto UC-JS12 como fonte de sabor. Após os cruzamentos, as plantas F<sub>1</sub> foram autofecundadas originando a população segregante F<sub>2</sub>, a qual foi conduzida até a geração F<sub>4</sub>, via método SSD (*Single Seed Descent*). A partir dessa geração, as linhagens F<sub>4</sub> foram autofecundadas para obtenção das linhagens F<sub>5</sub>, que foram utilizadas no estudo. Nessa mesma geração (F<sub>4</sub>), as mesmas linhagens foram cruzadas com o genitor SS-72/12 (testador do grupo Solo) para a obtenção dos 62 híbridos topcrosses. O fluxograma com todas as etapas de obtenção das linhagens recombinantes e as combinações híbridas, é demonstrado na Figura 1.



**Figura 1** - Fluxograma das etapas de obtenção das linhagens recombinantes e dos novos híbridos a partir de uma população bi parental.

### 3.1.3.2 Ensaio de avaliação

O experimento foi instalado no município de Linhares, estado do Espírito Santo, Brasil, na área comercial da empresa Caliman Agrícola S/A, localizada na latitude 19° 23' 28" S, longitude 40° 04' 20" W, a uma altitude de 33 metros, com temperatura média anual de 23,4 °C. Os genótipos foram avaliados em ensaio de competição, utilizando delineamento experimental em látice quadrado 13 x 13, com cinco repetições, com duas plantas por parcela, em um espaçamento de 3,6 m entre fileiras, e de 1,5 m entre plantas na fileira.

As mudas foram produzidas em bandejas plásticas contendo 96 tubetes, utilizando substrato comercial. Após a germinação e aclimatação (30 dias), as mudas foram transplantadas para a unidade experimental na área comercial da empresa. Foram plantadas quatro mudas por cova e, após três meses, foi realizada a sexagem das plantas mantendo apenas uma planta hermafrodita por cova. As adubações, o manejo, o controle de pragas e doenças, e os tratamentos culturais utilizados, foram os mesmos adotados nos plantios comerciais da empresa Caliman Agrícola S/A. Foram realizadas três avaliações, aos 210 (outubro de 2017), 300 (janeiro de 2018) e 390 (maio de 2018) dias, após o plantio.

### 3.1.3.3 Características avaliadas no campo

As características avaliadas nos ensaios de campo foram: altura da planta – AP, expressa em cm, mensurada da base do solo até a inserção do último par de folhas; altura de inserção do primeiro fruto – AIPF, expressa em cm, mensurada da base do solo até a inserção do primeiro fruto no caule na planta; diâmetro do caule – DC, expresso em cm, mensurado a 20 cm da base do solo.

Para mensuração dessas características, foi utilizada a ferramenta *straight* do software ImageJ. Também foram mensuradas as características: número de frutos deformados – NFD, obtido pela contagem do número de frutos com deformações; número de nós sem frutos – NSF, obtido pela contagem dos nós sem frutos, oriundos de esterilidade; número de frutos comerciais – NFC, obtido pela contagem de frutos com características comerciais. A mensuração dessas características foi realizada de forma semiautomática utilizando o plugin *cell counter* do software imageJ. O peso médio dos frutos – PMF, foi obtido

através da mensuração da massa dos frutos em balança analítica, e a produtividade - PROD, expressa em kg planta<sup>-1</sup>, foi obtida pela multiplicação do NFC e o PMF.

Para as características NFC, NFD, NSF foi realizado o somatório das três avaliações. Para as características AP e DC foi realizada a média entre as três avaliações. Já para a obtenção do PMF foi realizada a média do PMF ponderada pelo NFC de cada época de avaliação. A obtenção da PROD foi realizada através da multiplicação entre o PMF ponderado e o NFC. Os dados referentes às características NFD e NSF foram normalizados utilizando uma transformação do tipo  $\sqrt{x+0,5}$ .

### 3.1.3.4 Análise estatística

#### 3.1.3.4.1 Análise de variância

Os dados agronômicos obtidos foram analisados utilizando-se o módulo "PROC GLM", no software SAS Studio. Foi realizada a análise de variância, conforme o modelo:

$$Y = \mu + R_{(j)} + B/R_{(k)(j)} + G_{(i)} + e_{(ijk)}$$

Onde:

$\mu$  = Constante geral;

$R(j)$  = efeito da  $j$ -ésima repetição  $\sim$ NID (0,  $\sigma^2_r$ );

$B/R(k)(j)$  = efeito do  $k$ -ésimo bloco dentro da  $j$ -ésima repetição  $\sim$ NID (0,  $\sigma^2_b$ );

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

$e_{ijk}$  = 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	$\sigma^2$	-
Total	(gr)-1	-	-	-

k = número de blocos; r = número de repetições; g = número de genótipos; FV = fonte de variação; EC = entre categorias.

### 3.1.3.4.2 Estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos

a) Herdabilidade:

$$h_{xf}^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2}$$

b) Coeficiente de variação experimental:

$$CV_e = \frac{\sqrt{QME}}{\bar{X}}$$

c) Coeficiente de variação genético:

$$CV_{g(\%)} = \frac{100 \sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{X}}$$

d) Índice de variação:

$$Iv_{(\%)} = 100 \frac{CV_g}{CV_e}$$

### 3.1.3.4.3 Capacidade Específica de combinação

A estimativa da capacidade específica de combinação (CEC) foi obtida através das diferenças entre a média de cada um dos híbridos adquiridos de um testador, e a média geral dos cruzamentos com aquele testador, de acordo com a expressão descrita por Hallauer et al. (2010):

$$CEC_{gTi} = \bar{X}_{eTi} - \bar{X}_{gTi}$$

Onde:  $X_e$  é a média do híbrido com o testador  $i$ ;  $X_g$  é a média geral dos cruzamentos com o testador  $i$ .

#### 3.1.3.4.4 Heterose

As heteroses padrão, funcional, varietal e Heterobeltiose foram obtidas para as características NFC, PMF e PROD. A heterose padrão para cada característica avaliada foi obtida pela expressão apresentada por Falconer (1987).

$$H_{(\%)} = \frac{(F_1 - MP)}{MP} * 100$$

Onde,  $H$  é a heterose padrão;  $F_1$  é a média do híbrido e  $MP$  é a média dos pais.

Além da heterose padrão, foi estimada para cada característica a heterose funcional, com base na linhagem *per se*, e a heterose varietal com base na variedade padrão.

$$H_{ij(\%)} = \frac{(X_{ij} - X_i)}{X_i} * 100$$

Onde,  $X_{ij}$  é a média do top cross da linhagem  $i$  com o testador  $j$  e  $X_i$  é a média da linhagem *per se* ou da variedade padrão.

Para estimar a heterose varietal, foram utilizados os híbridos 'Calimosa', 'UC10' e 'Tainung-01'.

A heterobeltiose para cada característica avaliada, foi obtida pela expressão apresentada:

$$HB_{(\%)} = \frac{(F_1 - PS)}{PS} * 100$$

Onde:

$F_1$  é a média do híbrido e  $PS$  é a média do genitor superior.

### 3.1.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1.4.1 Estimativas de parâmetros genéticos

Houve diferença significativa entre todos os genótipos avaliados. Para uma melhor descrição dos genótipos, esses foram desdobrados em categorias,

sendo linhagens, híbridos e testemunhas. Considerando as categorias, houve diferença significativa a  $p < 0,01$  de probabilidade pelo teste F, para todas as características em todas as categorias, exceto para as características NFD e NSF, relacionadas às testemunhas que não apresentaram diferença significativa. A presença de diferença significativa evidencia que existe variação genética entre e dentro de categorias, tornando possível a seleção de híbridos e/ou linhagens (Tabela 1).

O coeficiente de variação experimental (CVe) é um parâmetro que permite ao melhorista verificar a precisão experimental. Neste estudo, o CVe variou de 9,98% (AP) a 36,64% (PROD). As características AIPF, AP, DC, NSF e PMF apresentaram valores de CVe abaixo de 20%, indicando boa precisão experimental. Já as características NFC (32,67%), NFD (28,50%) e PROD (36,64%), apresentaram valores elevados.

De acordo com trabalho desenvolvido por Ferreira et al. (2016), onde compararam diferentes classificações de coeficientes de variação, para a cultura do mamão a classificação mais indicada é a descrita por Costa et al. (2002). Segundo essa classificação, os valores encontrados para as características AIPF (15,09%), AP (9,98%), DC (11,465%) e PMF (11,42%) são considerados medianos, indicando boa precisão experimental. Ramos et al. (2014) e Cortes et al. (2018) também encontraram valores abaixo de 20% para AP, AIPF e DC, corroborando os dados observado neste estudo.



**Tabela 1** - Resumo da análise de variância para oito características morfoagronômicas obtidas pela soma ou média de três épocas de avaliações no mamoeiro. Linhares - Espírito Santo, 2018.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio							
		AIPF	AP	DC	NFC	NFD	NSF	PMF	PROD
Repetição	4	132,73	9559,6	13,33	3390,06	3,46	7,65	71719,98	4542,42
Bloco (Repetição)	60	448,67	1261,44	4,22	412,57	0,27	1,47	33,92	753,75
Genótipo (Ajustado)	168	928,25**	2314,92**	4,08**	768,09**	0,71**	1,48**	352411,59**	627,81**
Linhagens	96	991,47**	1991,26**	3,25**	352,34**	0,83**	1,58**	387090,15**	494,55**
Híbridos	61	452,21**	778,05**	2,35**	218,89**	0,39**	1,08**	66360,41**	337,19**
Testemunhas	9	529,84**	958,87**	3,20**	829,03**	0,27 <sup>ns</sup>	0,87 <sup>ns</sup>	516176,36**	966,26**
E.C.	2	10304,37**	54516,51**	55,46**	35793,48**	2,57**	8,27**	3679573,20**	14334,93**
Resíduo	612	188,99	321,79	1,29	122,85	0,24	0,59	17120,47	208,48
Média Geral		91,09	179,71	9,94	33,93	1,75	4,97	1145,33	39,40
Média Linhagens		87,00	169,92	9,64	25,98	1,62	5,06	1238,19	33,51
Média Híbridos		95,75	192,84	10,41	45,17	1,93	4,79	1023,50	46,84
Média testemunhas		101,83	193,25	9,80	41,13	1,83	5,19	1134,98	42,48
CVe%		15,09	9,98	11,46	32,67	28,50	15,50	11,42	36,64
h <sup>2</sup>		0,80	0,86	0,68	0,84	0,66	0,60	0,95	0,67
CVg		13,35	11,11	7,52	33,48	17,52	8,49	22,61	23,24
Iv		0,88	1,11	0,66	1,02	0,61	0,55	1,98	0,63
Eficiência do látice (%)		113	126	120	121	100	114	111	129

AIPF: Altura de frutos; AP: Altura de planta; DC: Diâmetro do caule; NFC: Número de frutos comerciais; NFD: Número de frutos deformados; NSF: Número de nós sem frutos; PMF: Peso médio de frutos; PROD: Produtividade. E.C. Entre Categorias. \*, \*\* e <sup>ns</sup> - Significativo a 0,01 e 0,05 de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F. CVe: Coeficiente de variação experimental; CVg: coeficiente de variação genético; h<sup>2</sup>: herdabilidade; Iv: Índice de variação.

Os valores de CVe para as características NFC, NFD e PROD observados no presente estudo, foram considerados elevados, corroborando os valores encontrados por Ramos et al. (2014), Luz et al. (2015) e Barros et al. (2017), para essas mesmas características. Valores elevados de CVe indicam uma menor precisão experimental. Essa baixa precisão experimental para as características NFC, NFD e PROD, podem estar associadas à esterilidade de verão, uma vez que a esterilidade (NSF) aumenta nos meses mais quentes do ano, enquanto as taxas de carpeloidia e a pentandria (NFD), aumentam nos meses mais frios do ano (Damasceno Junior et. al. 2008). Essa inversão entre esterilidade e pentandria e/ou carpeloidia nessas épocas, ocasiona uma oscilação nos dados referentes ao número de frutos, resultando numa alta dispersão dos dados e elevado erro experimental.

Em relação a herdabilidade ( $h^2$ ), para características AIPF, AP, NFC e PMF foram observados valores superiores a 80%, indicando uma grande chance de ganhos genéticos nos procedimentos simples de seleção. Já as características DC, NFD, NSF e PROD apresentaram valores que variaram entre 60 e 68%. Como esses valores estão acima de 50%, podem ser considerados altos, ou seja, embora essas características tenham evidenciado maior influência ambiental, os valores de herdabilidade observados dão indicativos de que os procedimentos de seleção resultarão em elevados ganhos genéticos. Alternativamente, para esse caso, pode-se fazer uso de seleção indireta, por meio de respostas correlacionadas.

A eficiência do látice foi superior a 100% para as características AIPF, AP, DC, NFC, NSF, PMF e PROD, que apresentaram valores de eficiência de 113%, 126%, 120%, 121%, 114%, 111% e 129%, respectivamente. Já a característica NFD apresentou valor de eficiência igual a 100%. Valores de eficiência maiores do que 100%, evidenciam um maior controle ambiental do experimento, reduzindo a variação causada pelo ambiente (redução da variância fenotípica), ou seja, a maior parte da variação observada nos tratamentos avaliados é de origem genética, ocasionando um aumento da herdabilidade. Barros et al. (2017) ao avaliarem a capacidade específica de combinação de 22 linhagens de mamoeiro derivadas da conversão sexual do genótipo Cariflora, utilizando o delineamento látice, verificaram que dentre as características avaliadas, apenas as

características comprimento e diâmetro de frutos apresentaram valores de eficiência acima de 100%.

Em relação às magnitudes do coeficiente de variação genético (CVg), foi observada uma variação entre 7,52% (DC) e 33,48% (NFC) (Tabela 1). As estimativas do coeficiente de variação genético (CVg) permitem ao melhorista ter uma percepção da grandeza relativa das mudanças que podem ser obtidas por meio de seleção, ao longo de um programa de melhoramento, já que se trata de um parâmetro, cuja estimativa é diretamente proporcional à variância genética (Silva et al., 2012).

Neste trabalho as estimativas de coeficiente de variação genético (CVg) mais altas foram observadas nas características NFC (33,48), PROD (23,24), PMF (22,61) e NFD (17,52), indicando a existência de dispersão genética das médias dos genótipos em relação às médias gerais dessas características. Esse parâmetro permite a inferência na magnitude relativa à média analisada das possíveis alterações obtidas em cada variável (Resende, 2002). Cortes et al. (2018) comparando fenotipagem convencional e fenotipagem digital, encontraram valores para CVg próximos entre as duas metodologias utilizadas. Para a característica AP o CVg foi de 9 nas duas metodologias, para DC o CVg variou de 7 (fenotipagem digital) a 8 (fenotipagem manual). Já para NFD variou de 17 a 22 (fenotipagem manual e digital) e de 20 a 21 para PROD (fenotipagem manual e digital).

Outro parâmetro que pode auxiliar na tomada de decisão do processo seletivo é o índice de variação (Iv). Neste trabalho pode-se observar que para as características AIPF, DC, NFD, NSF e PROD, foram obtidos valores de Iv de 0,88%, 0,66%, 0,61%, 0,55% e 0,63%, ou seja, valores menores que a unidade. De acordo com Vencovsky (1987), valores de Iv igual ou superior à unidade, permitem determinar as chances de sucesso na seleção. Contudo, um estudo realizado por Resende e Duarte (2007), indica que é possível alcançar uma boa acurácia quando se possui índice de variação superior a 0,50, se em conjunto houver maior número de repetições. Neste caso, o Iv se torna mais adequado que o coeficiente de variação experimental (CVe), pois considera também o número de repetições usados e a variação residual (Resende e Duarte, 2007).

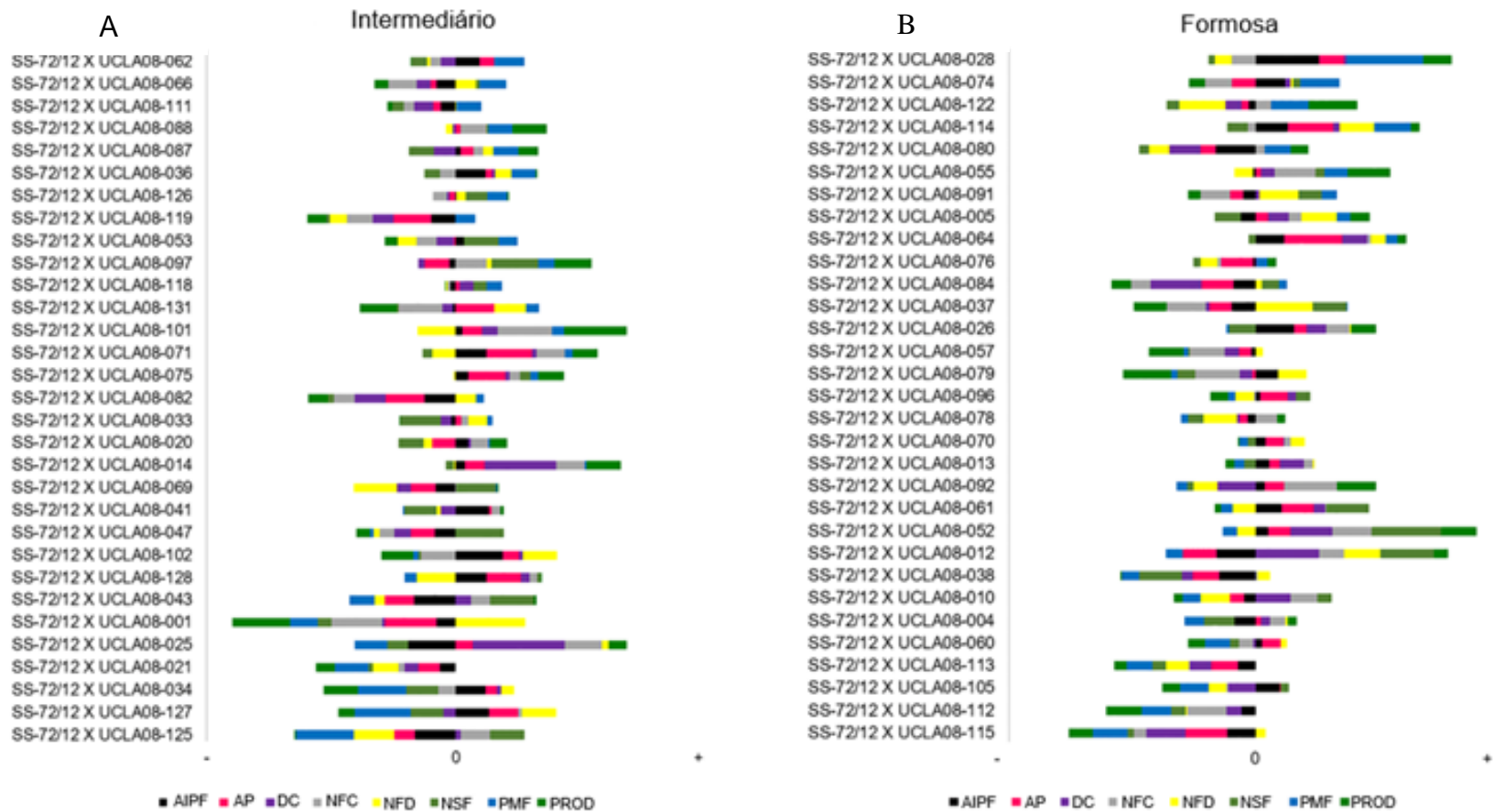
### 3.1.4.2 Estimativas de Capacidade Específica de Combinação

As estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) relacionam-se com interações não aditivas resultantes de complementações gênicas entre parentais, o que possibilita prever respostas de ganho genético com efeito heterótico (Bastos et al., 2003).

Para as características DC, NFC, PMF e PROD, as melhores combinações híbridas no estudo da CEC são aquelas que apresentam estimativas de capacidade combinatória positivas, evidenciando plantas mais vigorosas, maior número de frutos comerciais e maior produtividade. Por outro lado, para as características AIPF, AP, NFD e NSF, são consideradas melhores combinações híbridas, aquelas que apresentam estimativas de CEC negativas, ou seja, estimativas que visam a redução na altura das plantas, na altura de inserção do primeiro fruto, menor número de frutos carpelóides e pentândricos, e uma menor taxa de esterilidade.

Os resultados apresentados permitiram a separação das combinações híbridas em dois grupos. No primeiro grupo encontram-se combinações com pesos variando de 746 a 980 g, sendo denominado grupo intermediário, o qual apresenta peso superior ao padrão Solo e inferior ao padrão Formosa. No segundo grupo encontram-se combinações com pesos variando de 1000 a 1400 g, sendo denominado padrão Formosa. Considerando a ação gênica predominantemente aditiva para peso médio de frutos, eram esperadas combinações híbridas tanto padrão Formosa quanto combinações híbridas com padrão intermediário entre Solo e Formosa, já que, segundo Pereira et al. (2020), o cruzamento entre genitores de fruto grande com fruto pequeno, resulta em híbridos de frutos de tamanho medianos.

O gráfico 1 apresenta as 31 combinações híbridas referentes aos grupos intermediários (Gráfico 1A) e Formosa (Gráfico 1B), e suas respectivas estimativas para capacidade específica de combinação para as oito características avaliadas. Cada seguimento apresentado reflete o valor quantitativo da estimativa de CEC para as características em estudo.



**Gráfico 1** - Estimativas de capacidade específica de combinação de oito características avaliadas em 31 combinações híbridas. **A)** Grupo Intermediário. **B)** Grupo Formosa. AIPF: Altura de frutos; AP: Altura de planta; DC: Diâmetro do caule; NFC: Número de frutos comerciais; NFD: Número de frutos deformados; NSF: Número de nós sem frutos; PMF: Peso médio de frutos; PROD: Produtividade.

Para a característica PROD a estimativa de capacidade combinatória para o grupo intermediário variou de -18,30 a 20,03, merecendo destaque para as combinações híbridas formadas pelo cruzamento do testador SS-72/12 com as linhagens UCLA08-101, UCLA08-097, UCLA08-088, UCLA08-014 e UCLA08-071. Já para PMF houve uma variação de -166,85 a 87,50. Para essa característica as combinações híbridas em destaques envolveram as linhagens UCLA08-062, UCLA08-066, UCLA08-111, UCLA08-088 e UCLA08-087.

As combinações híbridas do grupo Formosa, quando avaliados para PROD, apresentaram estimativas de capacidade combinatória variando de -14,07 a 14,40, merecendo destaque as combinações híbridas formadas pelo cruzamento do testador SS-72/12 com as linhagens UCLA08-122, UCLA08-055, UCLA08-092, UCLA08-052 e UCLA08-028. Já para PMF houve uma variação de -126,87 a 274,24. Para essa característica as combinações híbridas em destaques envolveram as linhagens UCLA08-028, UCLA08-074, UCLA08-122, UCLA08-114 e UCLA08-080.

Para a característica NFC a estimativa de capacidade combinatória para o grupo intermediário variou de -16,90 a 18,14, podendo ser destacadas as combinações híbridas envolvendo as linhagens UCLA08-101, UCLA08-025, UCLA08-097, UCLA08-125 e UCLA08-014. Para o grupo Formosa, a estimativa de capacidade combinatória para NFC variou de -10,85 a 12,53, podendo ser destacadas as combinações híbridas originadas a partir das linhagens UCLA08-092, UCLA08-055, UCLA08-052, UCLA08-010 e UCLA08-012.

O DC para o grupo intermediário teve uma variação de -1,01 a 2,99. Para essa característica foram destacadas as combinações do testador com as linhagens UCLA08-025, UCLA08-014, UCLA08-101, UCLA08-043 e UCLA08-118. Já para o grupo Formosa houve uma variação de -1,21 a 1,49, para esta característica. Para este grupo, foram destacadas as combinações híbridas obtidas a partir das seguintes linhagens: UCLA08-012, UCLA08-052, UCLA08-010, UCLA08-064 e UCLA08-013.

O DC é uma característica que deve ser levada em consideração nos programas de melhoramento do mamoeiro. De acordo com Silva et al. (2007b), plantas que possuem DC maior, apresentam menor tendência a acamamento, tendem a sustentar mais frutos e a serem mais produtivas. Essa informação corrobora os dados obtidos nesse trabalho, onde a média de DC e de NFC

(Tabela 1) para as combinações híbridas foram superiores às demais categorias, ou seja, tais combinações híbridas são capazes de sustentar um maior número de frutos, sendo então mais produtivas.

De acordo com Ide et al. (2009), as características NFC e PMF estão diretamente relacionadas ao nível de produtividade da planta, sendo estas, as características de maior importância para produtividade de frutos, já que estão diretamente ligadas ao volume de produção. Pode-se observar que, de acordo com a Tabela 1, as médias para as combinações híbridas referente as características NFC e PROD foram superiores as linhagens e as testemunhas. Já para o PMF as combinações híbridas apresentaram médias inferiores as linhagens e as testemunhas. Isso se deve ao efeito aditivo, já que combinações híbridas Topcrosses foram originados a partir de um genitor Solo (SS-72/12) com linhagens Formosas. De acordo com o Gráfico 1, é possível identificar combinações híbridas altamente produtivas, com média de produção bem acima da média geral das combinações híbridas dos dois grupos apresentados.

Já para a característica AIPF no grupo, a estimativa de capacidade combinatória variou de -19,07 a 18,76, sendo destacadas as combinações híbridas com as linhagens UCLA08-025, UCLA08-043, UCLA08-125, UCLA08-082 e UCLA08-119. Já para o grupo Formosa, esta mesma característica apresentou estimativa de capacidade combinatória que variou de -17,29 a 26,75, merecendo destaque as combinações híbridas que envolveram as linhagens UCLA08-080, UCLA08-012, UCLA08-038, UCLA08-115 e UCLA08-037, detentoras das melhores CEC negativas.

A característica AP para o grupo intermediário, variou de -24,09 a 21,53. Para essa característica foi possível destacar as combinações com as linhagens UCLA08-001, UCLA08-082, UCLA08-119, UCLA08-043 e UCLA08-097. Já para o grupo Formosa houve uma variação de -20,85 a 28,87, onde, as combinações híbridas obtidas a partir das linhagens UCLA08-115, UCLA08-012, UCLA08-084, UCLA08-076 e UCLA08-113, se destacaram como melhores estimativas negativas.

Se uma mesma combinação híbrida apresentar estimativas positivas de CEC para AP, e negativas para AIPF, estas terão maior potencial de produtividade, devido ao maior tamanho do segmento de frutificação na planta. No presente trabalho as combinações híbridas SS-72/12 X UCLA08-020, SS-

72/12 X UCLA08-025 (intermediário) e SS-72/12 X UCLA08-004 (Formosa), apresentaram maior AP e menor AIPF. Entretanto, apenas a combinação SS-72/12 X UCLA08-025 obteve elevada PROD, sendo essa combinação uma das selecionadas para o grupo intermediário, por apresentar estimativas de CEC para múltiplas características favoráveis ao melhoramento da cultura. Ide et al. (2009) ao avaliarem a capacidade combinatória para seleção de híbridos, verificaram que o cruzamento envolvendo o genótipo Tailândia produziu plantas altas com baixa inserção do primeiro fruto, sendo o híbrido altamente produtivo devido ao número acima da média de frutos por planta.

Para a característica NFD a estimativa de capacidade combinatória para o grupo intermediário variou de -7,49 a 12,12, merecendo destaque para as combinações híbridas formadas pelas linhagens UCLA08-069, UCLA08-125, UCLA08-128, UCLA08-101 e UCLA08-021. Já para o grupo Formosa as estimativas apresentaram variação de -7,01 a 8,58, evidenciando as combinações híbridas obtidas a partir das linhagens UCLA08-122, UCLA08-078, UCLA08-010, UCLA08-092 e UCLA08-061, como melhores estimativas negativas.

Para NSF, no grupo intermediário, houve uma variação de -3,14 a 3,64, com destaque para as linhagens UCLA08-033, UCLA08-127, UCLA08-034, UCLA08-041 e UCLA08-087. Já para o grupo Formosa houve uma variação de -2,40 a 4,03. Essa característica destacou as combinações híbridas obtidas a partir das linhagens UCLA08-038, UCLA08-004, UCLA08-026, UCLA08-005 e UCLA08-114, como detentoras de estimativas negativas de CEC.

NSF e NFD são características que expressam esterilidade, carpeloidia e pentandria no mamoeiro. Para estas características as combinações híbridas devem possuir estimativas de CEC negativas, contribuindo, assim, para a redução dessas anomalias florais. Para NSF pode-se observar que, de acordo com a Tabela 1, os híbridos apresentaram valor médio de 4,79, valor este, inferior ao observado para linhagens e testemunhas, cujo valores foram 5,06 e 5,19, respectivamente. Já para NFD, a média para híbrido foi de 1,93, valor maior do que o observado para linhagens e testemunhas, que apresentaram valores de 1,62 e 1,83, respectivamente. Mesmo que para NFD, o valor médio para híbrido tenha sido maior, foi possível a identificação de combinações híbridas (Gráfico 1) com valores inferiores à média observada.



Analisando-se em conjunto as CEC, para todas as características avaliadas, percebe-se que algumas combinações híbridas apresentaram valores de CEC favoráveis ao melhoramento de plantas para múltiplas características. Sendo assim, é possível destacar pelo menos cinco combinações superiores para cada um dos grupos, para mais de uma característica: Para o grupo intermediário as combinações híbridas SS-72/12 X UCLA08-088 e SS-72/12 X UCLA08-101 apresentaram boas estimativas para NFC, PMF, PROD e NFD; SS-72/12 X UCLA08-071 para NFC, PMF, PROD, NFD e NSF; SS-72/12 X UCLA08-014 para DC, NFC, PROD, PMF e NSF e a combinação SS-72/12 X UCLA08-025 para DC, NFC e PROD.

Já para o grupo Formosa as combinações híbridas SS-72/12 X UCLA08-028 apresentaram boas estimativas para PMF, PROD, NFD e NSF; SS-72/12 X UCLA08-122 para NFC, PMF, PROD, NFD e NSF; SS-72/12 X UCLA08-055 para NFC, PMF, PROD e NFD; SS-72/12 X UCLA08-026 para NFC, PROD e NSF e a SS-72/12 X UCLA08-092 para NFC, PROD, NFD e NSF.

#### **3.1.4.3 Heterose**

Na cultura do mamoeiro, é possível desenvolver tanto linhagens como híbridos. A autofecundação não ocasiona perda de vigor (Dantas e Lima, 2001). Neste contexto, com as estimativas dos efeitos de heterose, é possível saber se o ideal é explorar o híbrido ou a linhagem *per se*, de acordo com o valor e característica em estudo.

De acordo com a Tabela 2, a média geral de estimativa de heterose padrão dos híbridos intermediário e Formosa, para a característica NFC, foram -12,76 e -13,14, respectivamente. Tal resultado evidencia a influência do testador SS-72/12 (genitor comum de todos os híbridos intermediário e Formosa) que tem um elevado NFC. Santa-Catarina et al. (2019) ao avaliarem o efeito heterótico de híbridos Topcross obtiveram estimativas de heterose Padrão negativa, resultado da influência do testador SS-72/12.

**Tabela 2** - Valores Mínimo, Máximo e médias de estimativas de heterose padrão, funcional, varietal 1, 2 e 3 com base nos híbridos 'Calimosa', 'UC10' e 'Tainung-01' e Heterobeliose para as características número de frutos comerciais (NFC), peso médio de frutos (PMF) e produtividade (PROD) para o grupo intermediário (I) e formosa (F).

I	NFC			PMF			PROD		
	Máx	Mín	Méd	Máx	Mín	Méd	Máx	Mín	Méd
HP	12,61	-47,31	-12,76	67,77	-14,65	21,28	114,85	-24,48	41,72
HF	331,12	0,00	110,57	22,79	-48,68	-17,27	378,22	-24,61	69,31
HV1	63,39	-26,86	16,73	-0,76	-31,99	-16,42	42,78	-45,74	-2,94
HV2	116,97	-2,87	55,01	-33,03	-54,11	-43,60	23,93	-52,90	-15,75
HV3	93,69	-13,29	38,38	-38,11	-57,59	-47,88	1,51	-61,42	-30,99
HB	-20,08	-64,22	-42,95	22,79	-48,68	-17,27	99,07	-29,65	21,99
F	NFC			PMF			PROD		
	Máx	Mín	Méd	Máx	Mín	Méd	Máx	Mín	Méd.
HP	9,139	-37,89	-13,14	119,47	5,30	43,37	132,84	-2,62	69,58
HF	214,65	5,09	86,20	72,56	-35,78	-3,82	209,20	-19,26	77,74
HV1	50,25	-9,88	18,01	28,11	-8,42	3,13	53,73	-12,03	20,46
HV2	99,52	19,66	56,72	-13,55	-38,20	-30,41	33,44	-23,64	4,56
HV3	78,11	6,82	39,90	-20,11	-42,89	-35,68	9,30	-37,45	-14,35
HB	-26,51	-55,92	-42,25	72,56	-35,78	-3,82	95,23	-19,26	52,58

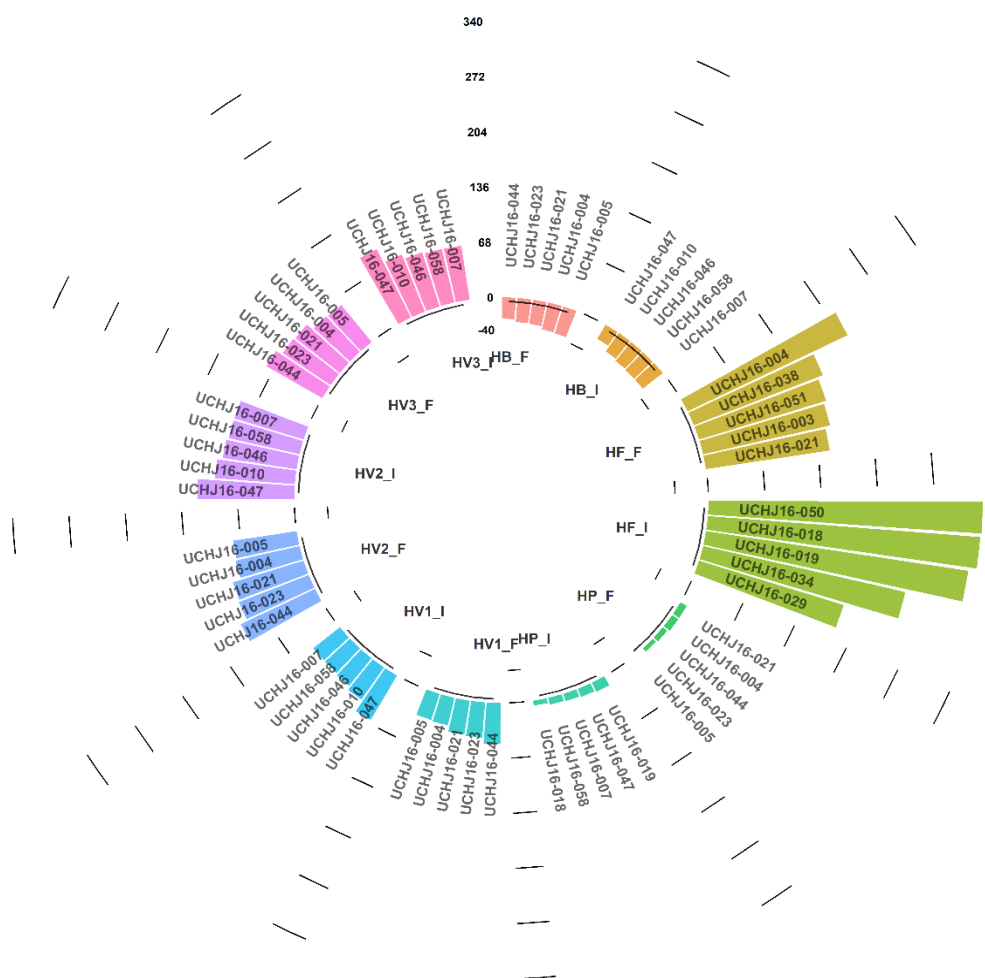
HP: Heterose padrão; HF: Heterose funcional; HV1: heterose varietal com base no híbrido 'Calimosa'; HV2: heterose varietal com base no híbrido 'UC10'; HV3: heterose varietal com base no híbrido 'Tainung-01'; HB: Heterobeliose; Max.: Máximo; Min.: Mínimo; Med.: Média.

Quando se compara a média geral da heterose funcional dos híbridos intermediário e Formosa para NFC, observa-se valores positivos de 110,57 e 86,20, respectivamente. Este resultado evidencia que nenhuma linhagem foi superior aos híbridos em relação a essa característica, não sendo recomendado nenhuma linhagem para exploração *per se* para NFC.

Para a heterose Varietal 1, 2 e 3, com base nos híbridos 'Calimosa', 'UC10' e 'Tainung-01', pode-se observar valor positivo para a média da estimativa de heterose da característica NFC, para ambos os grupos de híbridos. Esse resultado mostra a possibilidade da seleção de híbridos com NFC ser superior aos híbridos comerciais.

Para a Heterobeliose estimada para NFC, não houve nenhum híbrido superior ao melhor genitor. Esse resultado é devido ao elevado número de frutos comerciais obtido pelo testador SS-72/12. No Gráfico 2, estão apresentados os cinco híbridos superiores que se destacaram para heterose padrão, funcional,

varietal 1, 2 e 3, com base nos híbridos ‘Calimosa’, ‘UC10’ e ‘Tainung-01’, e Heterobeltiose para a característica NFC. Os híbridos intermediários UCHJ16-007, UCHJ16-058, UCHJ16-046, UCHJ16-010 e UCHJ16-047, e os híbridos Formosa UCHJ16-005, UCHJ16-004, UCHJ16-021, UCHJ16-023 e UCHJ16-044, foram superiores aos híbridos comerciais ‘Calimosa’, ‘UC10’ e ‘Tainung-01’, para NFC.



**Gráfico 2** - Estimativas de heterose Padrão, funcional, varietal com base nos híbridos comerciais ‘Calimosa’, ‘UC10’ e ‘Tainung-01’ e Heterobeltiose para Número de frutos comerciais para híbridos padrão intermediário e Formosa. HP\_F: Heterose Padrão para Formosa; HP\_I: Heterose Padrão para Intermediário; HF\_F: Heterose Funcional para Formosa; HF\_I: Heterose Funcional para Intermediário; HB\_F: Heterobeltiose para Formosa; HB\_I: Heterobeltiose para Intermediário; HV1\_F: Heterose Varietal com base no híbrido ‘Calimosa’ para Formosa; HV1\_I: Heterose Varietal com base no híbrido ‘Calimosa’ para Intermediário; HV2\_F: Heterose Varietal com base no híbrido ‘UC10’ para Formosa; HV2\_I: Heterose Varietal com base no híbrido ‘UC10’ para Intermediário; HV3\_F: Heterose Varietal com base no híbrido ‘Tainung-01’ para Formosa; HV3\_I: Heterose Varietal com base no híbrido ‘Tainung-01’ para Intermediário.

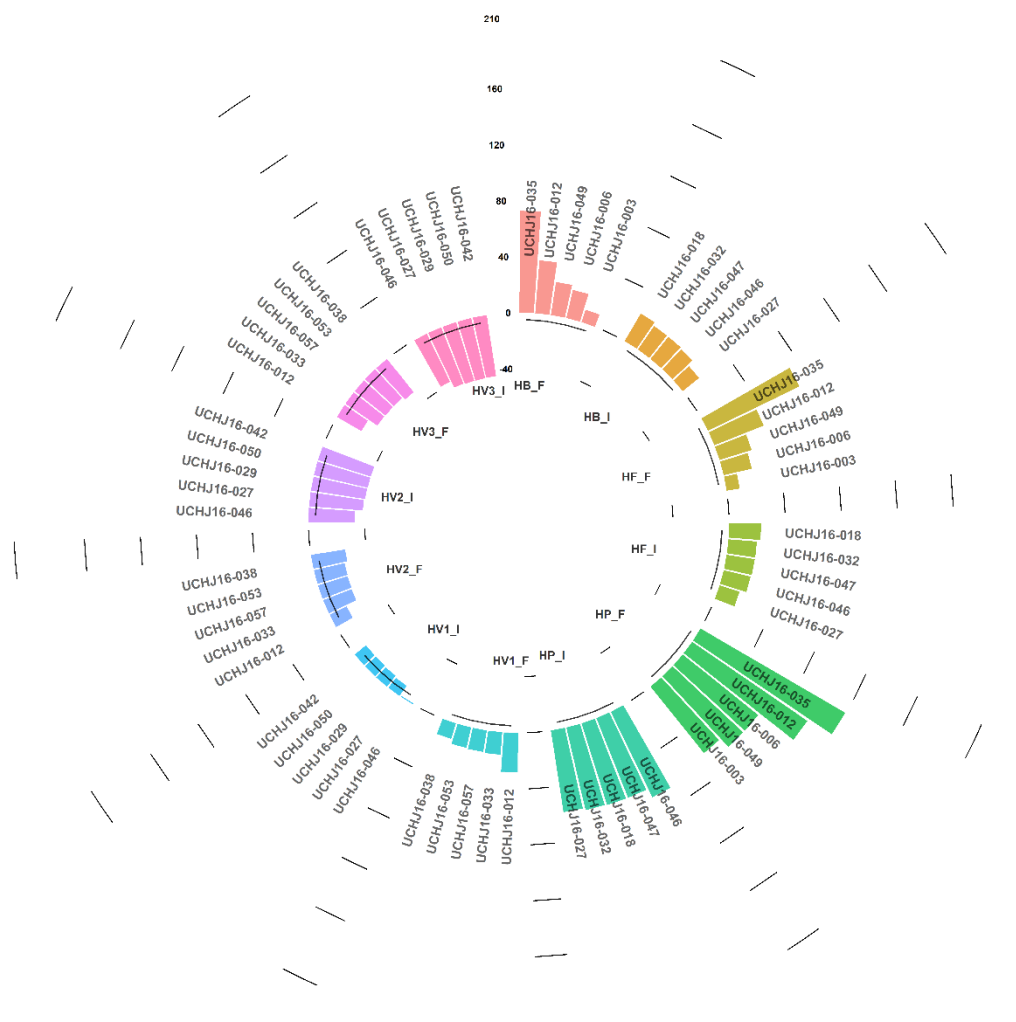
Para a característica PMF, os valores médios de estimativas de heterose Padrão para os grupos intermediário e Formosa foram positivos, 21,28 e 43,37, respectivamente. Já para a heterose funcional, foram observados valores negativos de -17,27 para intermediário e -3,82 para Formosa. Esse resultado era esperado para a heterose funcional, já que os híbridos Topcross foram obtidos a partir de linhagens padrão Formosa, com o testador SS-72/12 padrão Solo.

De acordo com Pereira et al. (2020), os efeitos de ação gênica para PMF são predominantemente aditivos, ou seja, os híbridos oriundos desse cruzamento, deveriam apresentar PMF medianos entre Solo e Formosa. Entretanto, ao observar os valores positivos máximos de heterose funcional para o grupo Intermediário e Formosa, fica evidente que a característica PMF pode sofrer ação de efeitos de sobredominância, quando o híbrido apresenta PMF superior à ambos os pais. Merece destacar ainda a Heterobeltiose para PMF para ambos os grupos, onde o valor positivo evidencia que houve híbridos com PMF superior ao melhor genitor, neste caso linhagens pertencentes ao grupo Formosa.

Os híbridos comerciais 'Calimosa', 'UC10' e 'Tainung-01', são híbridos padrão Formosa, com PMF de 1100 g, 1600 g e 1700 g, respectivamente. As heteroses varietais 1, 2 e 3, para os híbridos intermediários, apresentaram valores médios negativos. Isso era esperado, já que a variação de PMF para o grupo intermediário era de 746 a 980 g. Para o grupo Formosa, a heterose varietal 1, apresentou valores médios positivos, evidenciando que a maioria dos 31 híbridos alocados nesse grupo mostraram valores de PMF superiores ao híbrido 'Calimosa'. Porém, quando a heterose varietal foi estimada considerando os híbridos 'UC10' e 'Tainung-01', foram observados valores médios negativos, ou seja, o conjunto de híbridos alocados nesse grupo apresentam PMF inferior a esses híbridos.

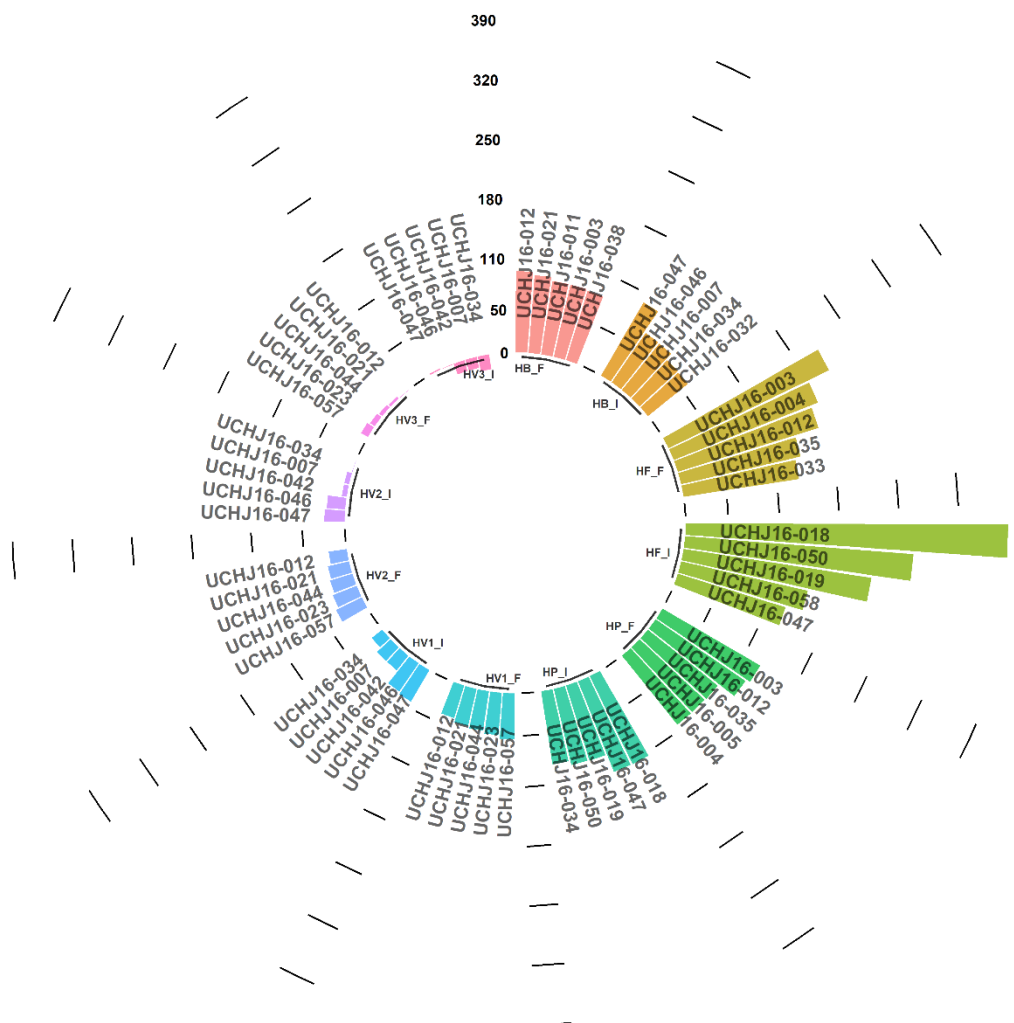
No Gráfico 3 são apresentados os cinco híbridos superiores que se destacaram para heterose padrão, funcional, varietal 1, 2 e 3, com base nos híbridos 'Calimosa', 'UC10' e 'Tainung-01', e Heterobeltiose para a característica peso médio de fruto (PMF). De acordo com os dados apresentados no Gráfico 3, fica evidente que os híbridos Formosa UCHJ16-035, UCHJ16-012, UCHJ16-049, UCHJ16-006 e UCHJ16-003, bem como os híbridos intermediários UCHJ16-018, UCHJ16-032, UCHJ16-047, UCHJ16-046 e UCHJ16-027, não seguiram a ação gênica aditiva, a qual preconiza que híbridos oriundos de cruzamentos entre

genitores de fruto grande com genitores de fruto pequeno resulta sempre em híbridos de tamanho medianos.



**Gráfico 3** - Estimativas de heterose Padrão, funcional, varietal com base nos híbridos comerciais ‘Calimosa’, ‘UC10’ e ‘Tainung-01’ e Heterobeltiose para Peso Médio de Frutos para híbridos padrão intermediário e Formosa. HP\_F: Heterose Padrão para Formosa; HP\_I: Heterose Padrão para Intermediário; HF\_F: Heterose Funcional para Formosa; HF\_I: Heterose Funcional para Intermediário; HB\_F: Heterobeltiose para Formosa; HB\_I: Heterobeltiose para Intermediário; HV1\_F: Heterose Varietal com base no híbrido ‘Calimosa’ para Formosa; HV1\_I: Heterose Varietal com base no híbrido ‘Calimosa’ para Intermediário; HV2\_F: Heterose Varietal com base no híbrido ‘UC10’ para Formosa; HV2\_I: Heterose Varietal com base no híbrido ‘UC10’ para Intermediário; HV3\_F: Heterose Varietal com base no híbrido ‘Tainung-01’ para Formosa; HV3\_I: Heterose Varietal com base no híbrido ‘Tainung-01’ para Intermediário .

Para a característica PROD, de acordo com a Tabela 2, a heterose padrão foi positiva, ou seja, é possível identificar os híbridos com produtividade superior à média dos pais. O valor médio da estimativa de heterose funcional mostra que os híbridos produzem mais que as linhagens, porém, ao observar os valores de mínimo, fica claro que existem algumas linhagens como a UCLA08-053, UCLA08-036, UCLA08-084, UCLA08-087 e UCLA08-079, com produtividade *per se*, superior aos seus respectivos híbridos. Entretanto, essa superioridade está diretamente relacionada ao PMF, já que a produtividade é calculada a partir da relação  $PMF \times NFC$ , e não houve linhagens com NFC maior que os híbridos. No Gráfico 4, pelas heteroses varietais 1, 2 e 3, é possível identificar híbridos com produtividade superior aos híbridos comerciais 'Calimosa', 'UC10' e 'Tainung-01'. Sendo os híbridos UCHJ16-047, UCHJ16-046, UCHJ16-042, UCHJ16-007 e UCHJ16-034, para o grupo intermediário, superiores aos híbridos 'Calimosa' e 'UC10', e apenas os híbridos UCHJ16-046 e UCHJ16-047, superiores ao 'Tainung-01'. Os híbridos UCHJ16-057, UCHJ16-023, UCHJ16-044, UCHJ16-021 e UCHJ16-012, para o grupo Formosa, foram superiores aos híbridos comerciais 'Calimosa', 'UC10' e 'Tainung-01' para produtividade, característica essa, considerada uma das principais para o melhoramento do mamoeiro.



**Gráfico 4** - Estimativas de heterose Padrão, funcional, varietal com base nos híbridos comerciais 'Calimosa', 'UC10' e 'Tainung-01' e Heterobeliose para Produtividade para híbridos padrão intermediário e Formosa. HP\_F: Heterose Padrão para Formosa; HP\_I: Heterose Padrão para Intermediário; HF\_F: Heterose Funcional para Formosa; HF\_I: Heterose Funcional para Intermediário; HB\_F: Heterobeliose para Formosa; HB\_I: Heterobeliose para Intermediário; HV1\_F: Heterose Varietal com base no híbrido 'Calimosa' para Formosa; HV1\_I: Heterose Varietal com base no híbrido 'Calimosa' para Intermediário; HV2\_F: Heterose Varietal com base no híbrido 'UC10' para Formosa; HV2\_I: Heterose Varietal com base no híbrido 'UC10' para Intermediário; HV3\_F: Heterose Varietal com base no híbrido 'Tainung-01' para Formosa; HV3\_I: Heterose Varietal com base no híbrido 'Tainung-01' para Intermediário.

### 3.1.5 CONCLUSÕES

- 1- Devido a variabilidade genética existente, as estimativas dos parâmetros genéticos apresentaram alternativas para o sucesso na seleção de genótipos superiores para produção de frutos, com valores de herdabilidade superiores a 80% para as características AIPF, AP, NFC e PMF;
- 2- As combinações híbridas SS-72/12 X UCLA08-25, SS-72/12 X UCLA08-101, SS-72/12 X UCLA08-88, SS-72/12 X UCLA08-71, SS-72/12 X UCLA08-14, SS-72/12 X UCLA08-26, SS-72/12 X UCLA08-92, SS-72/12 X UCLA08-122, SS-72/12 X UCLA08-28 e SS-72/12 X UCLA08-55, foram as que apresentaram as melhores estimativas de CEC para mais de uma característica avaliada, sendo indicadas como materiais genéticos superiores a serem futuramente lançados como novas cultivares híbridas de mamão;
- 3- As linhagens UCLA08-25, UCLA08-101, UCLA08-88, UCLA08-71, UCLA08-14, UCLA08-26, UCLA08-92, UCLA08-122, UCLA08-28 e UCLA08-55, que deram origem às combinações híbridas, têm elevado potencial genético para serem utilizadas como genitoras na obtenção de novos híbridos, com elevada capacidade produtiva;
- 4- Para fins de seleção de cultivares híbridas, a partir da heterose varietal foi possível selecionar os híbridos: UCHJ16-047, UCHJ16-046, UCHJ16-042, UCHJ16-007, UCHJ16-034, UCHJ16-057, UCHJ16-023, UCHJ16-044, UCHJ16-021 e UCHJ16-012, sendo estes superiores aos híbridos comerciais 'Calimosa', 'UC10' e 'Tainung-01', para produtividade, no grupo Intermediário e Formosa. Com relação às estimativas de heterose funcional, a maioria dos híbridos Intermediário e Formosa apresentaram desempenho superior às linhagens *per se*. Dessa forma, é preferível a exploração dos híbridos em ambos os grupos.
- 5- Para fins de seleção de linhagens *per se*, foi possível identificar aquelas que apresentam produtividade superior aos seus respectivos híbridos. As linhagens UCLA08-053, UCLA08-036, UCLA08-084, UCLA08-087 e UCLA08-079, quando comparadas às linhagens genitoras dos híbridos



selecionados, apresentam produtividade *per se* superiores. Embora essas linhagens não apresentem boa capacidade combinatória, elas podem ser recomendadas para exploração varietal.

## **3.2 DIVERSIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS RECOMBINANTES F<sub>5</sub> USANDO O MÉTODO DE WARD-MLM**

### **3.2.1 INTRODUÇÃO**

O Brasil é um dos maiores produtores mundiais de mamão, sobretudo, devido às condições edafoclimáticas favoráveis que permitem o desenvolvimento da cultura em praticamente todo o território nacional. Os frutos do mamoeiro apresentam sabor e aroma agradáveis e sua polpa possui características sensoriais e nutricionais que o tornam um alimento saudável para pessoas de todas as idades (Viana et al., 2015).

A baixa variabilidade existente, torna a cultura mais vulnerável a danos econômicos. Uma solução para este problema é desenvolver novas cultivares com características de interesse para produtores e consumidores. O conhecimento da variabilidade genética existente na cultura, permite o desenvolvimento de híbridos de mamão com maior produtividade e qualidade dos frutos, visando atender aos requisitos dos mercados nacional e internacional (Silva et al., 2017).

Métodos multivariados têm sido utilizados para a quantificação da divergência genética, reunindo genótipos em vários grupos por meio de análise estatística, de modo que exista homogeneidade dentro de cada grupo e heterogeneidade entre os grupos. Métodos multivariados para elementos de agrupamento são comumente selecionados por pesquisadores, pois atendem

inicialmente a dois pré-requisitos: a estimativa de medidas de similaridade (ou dissimilaridade) entre os pais e o uso de uma técnica de agrupamento para formação de grupos (Cruz et al., 2014).

Dentre os métodos multivariados, o procedimento Ward - MLM, proposto por Franco et al. (1998), consiste em uma excelente estratégia para quantificação da variabilidade, utilizando as variáveis quantitativas e qualitativas simultâneas. Essa estratégia permite determinar com precisão o número de grupos e suas médias, favorecendo o uso de todas as informações sobre os genótipos (Amaral Júnior et al., 2010).

Vários trabalhos têm utilizado a metodologia de Ward-MLM no estudo de diversidade genética, em culturas como milho (Ortiz et al., 2008), tomate (Gonçalves et al., 2009), goiaba (Campos et al., 2013), mamona (Oliveira et al., 2013), café (Rodrigues et al., 2016) e mamão (Nascimento et al., 2019).

Sendo assim, o presente trabalho teve como objetivo quantificar a divergência genética entre 97 linhagens  $F_5$  de mamoeiro e seus genitores, com base em 16 características morfoagronômicas, por meio do procedimento Ward-MLM.

## **3.2.2 REVISÃO DE LITERATURA**

### **3.2.2.1 Diversidade Genética**

A divergência genética pode ser conceituada como quaisquer diferenças genéticas entre espécies ou entre indivíduos, dentro da espécie (Falconer e Mackay, 1996). A existência de variabilidade genética, dentro ou entre grupos de genótipos, é fundamental para o sucesso dos programas de melhoramento que visam o desenvolvimento de cultivares (Cruz et al., 2014). Portanto, a quantificação da diversidade genética nas populações de trabalho é fundamental para os melhoristas.

A diversidade genética pode ser estudada de forma quantitativa ou preditiva. Dentre os métodos quantitativos, um dos principais é a análise dialélica em que é necessária a avaliação dos genitores e de suas combinações híbridas.

E quanto aos métodos preditivos da diversidade, relatam-se aqueles que se baseiam nas diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares, quantificando os genitores por medidas de dissimilaridade que expressam o grau de divergência genética entre eles (Cruz et al., 2012). Essa variabilidade genética é essencial para programas de melhoramento, que visam o desenvolvimento de linhagens superiores que possam ser utilizadas como cultivares ou genitores de híbridos.

Análises multivariadas utilizam características morfoagronômicas, morfológicas e moleculares para estimar a distância genética (Kim e Ward, 1997; Bered et al., 2002). Por tratar-se de uma análise unificadora que permite integrar as múltiplas informações geradas nas mensurações das características nos indivíduos, a estatística multivariada proporciona maior oportunidade de identificar indivíduos divergentes em programas de melhoramento genético (Jonhson e Wickern, 1988). Entre as técnicas de estatísticas multivariadas, encontram-se: variáveis canônicas; componentes principais; métodos aglomerativos, tais como o método de ligação média entre grupos; vizinho mais próximo; Tocher; entre outros. A escolha do método depende da precisão desejada pelo melhorista, da facilidade da análise e da forma como os dados são obtidos (Cruz et al., 2014).

Alguns estudos de diversidade genética têm sido realizados em acessos de bancos de germoplasma de mamoeiro. A avaliação da divergência genética entre acessos do Banco de germoplasma UENF/Caliman, determinada a partir de características morfoagronômicas, revelou expressiva variabilidade genética utilizando redes neurais artificiais (Barbosa et al., 2011) e análises multivariadas (Quintal et al., 2012).

Estudos de diversidade genética também foram conduzidos em populações segregantes de mamoeiro para quantificar a variabilidade genética entre indivíduos. Ramos et al. (2012) avaliaram a distância genética entre progênies segregantes derivadas de retrocruzamento, com base em marcadores de DNA (RAPD e ISSR) e características morfoagronômicas. Os autores verificaram expressiva variabilidade genética entre as progênies para todas as características avaliadas, com exceção da produção.

### **3.2.2.2 Modelo de Localização Modificado (MLM)**

O modelo de localização ML ou *Location Model* (LM), proposto por Olkin e Tate (1961), é um método multivariado que tem como critério unificar múltiplas

informações, classificando  $n$  indivíduos, quando  $p$  variáveis contínuas e  $q$  variáveis discretas são mensuradas em um ambiente (Ortiz et al., 2008). O LM gera uma única variável multinomial  $W$ , com níveis  $m$  ( $W = 1, 2, \dots, m$ ), englobando todos os níveis  $q$  das variáveis discretas.

Franco et al. (1998) propuseram modificação ao método LM e lançaram o *Modified Location Model* (MLM), atribuindo que  $m$  níveis de  $W$  variáveis e o  $p$  variáveis multinormais, são independentes em cada subpopulação. A determinação do número de grupos é definida pela função logarítmica da probabilidade (*Log-Likelihood*), conforme os critérios do pseudo-F e pseudo- $t^2$ , associado ao perfil da verossimilhança e teste da razão da verossimilhança.

O método MLM consiste em duas etapas. Na primeira, os grupos são definidos pelo método agrupamento Ward (Ward Júnior, 1963), utilizando a matriz de dissimilaridade de Gower (Gower, 1971). Na segunda etapa, a média do vetor da variável quantitativa em cada subpopulação é estimada pelo procedimento MLM, independente dos valores de  $W$ . O uso do método MLM permite explorar toda a informação disponível do germoplasma, tanto as variáveis quantitativas como as qualitativas. Através deste método é possível definir com alta precisão o número ótimo de grupos e suas medidas, uma vez que cada acesso é alocado em um grupo específico, adotando a melhor probabilidade (Amaral Júnior et al., 2010).

Entre os trabalhos envolvendo a aplicação do método Ward-MLM, Rodrigues et al. (2016) identificaram dois grupos de genótipos de café mais divergentes, porém, que podem ser combinados, com o objetivo de obter genótipos com alta produtividade. Oliveira et al. (2013) ao avaliarem a divergência genética em uma população segregante  $F_3$  de mamoneira, verificaram que as variáveis que mais contribuíram para a divergência foram: peso de fruto por planta, peso de semente por racemo, produtividade e peso de racemo.

Campos et al. (2013) e Moreira et al. (2017) observaram que a metodologia Ward-MLM é uma ferramenta útil para detectar divergência genética e agrupar os acessos utilizando, simultaneamente, variáveis qualitativas e quantitativas. A metodologia de Ward-MLM permite também que novos programas de melhoramento possam ser desenvolvidos em culturas que possuem pouca informação disponível, quanto à diversidade genética (Silva et al., 2017). Nascimento et al. (2019) quantificaram a diversidade genética em uma

população F<sub>2</sub> segregante de mamoeiro, composta por 92 plantas com base em descritores morfoagronômicos, utilizando a estratégia Ward-MLM. Os autores observaram que houve a formação de três grupos, sendo as características que mais contribuíram para a divergência genética foram: comprimento do fruto, comprimento do pecíolo, altura de inserção do primeiro fruto e peso médio de frutos.

### **3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.2.3.1 Material Genético e condução do experimento**

O material genético foi composto das 97 linhagens F<sub>5</sub>, cujos dois genitores que deram origem às linhagens foram UC-JS12 e UC-Sekati. As linhagens F<sub>5</sub> foram obtidas via SSD, a partir de uma população F<sub>2</sub>, oriunda do cruzamento inicial entre os genitores UC-Sekati e UC-JS12, provenientes do Banco de Germoplasma do programa de melhoramento genético UENF/CALIMAN. Essas 97 linhagens e os genitores UC-JS12 e UC-Sekati foram avaliados no município de Linhares, estado do Espírito Santo, Brasil, na área comercial da empresa Caliman Agrícola S/A, localizada na latitude 19° 23' 28" S, longitude 40° 04' 20" W, a uma altitude de 33 metros, com temperatura média anual de 23,4 °C. As 97 linhagens e os genitores UC-JS12 e UC-Sekati foram avaliados em ensaio de competição, utilizando delineamento experimental em látice quadrado 13 x 13 (169 tratamentos) com cinco repetições, com duas plantas por parcela, em um espaçamento de 3,6 m entre fileiras e de 1,5 m entre plantas. Vale ressaltar que, nesse trabalho, os 99 tratamentos utilizados são parte dos 169 tratamentos (62 híbridos, 97 linhagens e 10 testemunhas), avaliados.

As mudas foram produzidas em bandejas plásticas contendo 96 tubetes, utilizando substrato comercial. Após a germinação e aclimação (30 dias), as mudas foram transplantadas para a unidade experimental na área comercial da empresa. Foram plantadas quatro mudas por cova e após três meses, foi realizada a sexagem das plantas, mantendo apenas uma planta hermafrodita por cova. As adubações, o manejo, o controle de pragas e doenças, e os tratamentos culturais utilizados, foram os mesmos adotados nos plantios comerciais da

empresa Caliman Agrícola S/A. Foram realizadas três avaliações de campo, aos 210 (outubro de 2017), 300 (janeiro de 2018) e 390 (maio de 2018) dias após o plantio. Foram realizadas três avaliações de laboratório, aos 300 (janeiro de 2018), 390 (maio de 2018) e 450 (julho de 2018) dias após o plantio, em cada estação avaliada, quando os frutos apresentavam o mesmo estágio RST1 de maturação (Barragán-Iglesias et al., 2018).

### 3.2.3.2 Características avaliadas no campo

As características avaliadas foram: Altura da planta - AP (cm), Diâmetro do caule - DC (cm), Altura de inserção do primeiro fruto - AIPF (cm), Número de frutos comerciais - NFC, Número de frutos deformados - NFD, Número de nós sem frutos - NSF, Peso médio de frutos - PMF (g), e Produtividade - PROD (kg planta<sup>-1</sup>). As características AP, DC, AIPF, NFC, NFD e NSF foram avaliadas conforme metodologia desenvolvida por Cortes et al. (2017). O PMF foi obtido através da mensuração da massa dos frutos em balança analítica. A PROD foi obtida através da multiplicação do PMF pelo NFC.

### 3.2.3.3 Características avaliadas em laboratório

As características físico-químicas avaliadas em laboratório foram: comprimento da cavidade ovariana – CCO, expressa em cm, obtida pela mensuração da cavidade ovariana; diâmetro da cavidade ovariana – DCO, expressa em cm, obtida pela mensuração do diâmetro da cavidade ovariana; espessura da polpa – EP, expressa em cm, obtida pela mensuração da espessura da polpa em cada fruto, ambas as mensurações foram obtidas utilizando a ferramenta *straight* (Santa-Catarina et al., 2018); volume de polpa – VP, expresso em cm<sup>3</sup>, obtido pela diferença entre o volume do fruto e o volume da cavidade ovariana, e; porcentagem de volume de polpa - %VP, expresso em porcentagem. O VP e %VP foram calculados pelas seguintes equações:

$$V_F = \frac{\pi(C_F \times D_F^2)}{6}; \quad V_{CO} = \frac{\pi(C_{CO} \times D_{CO}^2)}{6}; \quad V_P = V_F - V_{CO}; \quad \%VP = \frac{V_P \times 100}{V_F}$$

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

As demais características como a firmeza do fruto - FF e a firmeza da polpa – FP, foram mensuradas por um penetrômetro digital modelo Itália TR. Ambas as firmezas são expressas em N, e foram obtidas por uma amostra de três perfurações por fruto, tanto para a polpa quanto para o fruto. Os sólidos solúveis totais – TSS, expresso em °Brix, foram obtidos com auxílio de um refratômetro digital portátil, modelo Mettler toledo Refracto 30PX.

### 3.2.3.4 Análise estatística

As características foram analisadas utilizando o procedimento Ward-MLM para composição dos grupos de genótipos, por meio do procedimento CLUSTER e IML do programa SAS (SAS Institute, 2000). Para uso do método de agrupamento Ward, a matriz de distância foi obtida pelo algoritmo de Gower (Gower, 1971). A definição do número ideal de grupos foi realizada de acordo com os critérios do pseudo-F e pseudo-t<sup>2</sup>, combinados com o perfil da verossimilhança, associado ao teste da razão da verossimilhança (SAS Institute, 2000). Para isso, foi empregado o índice de dissimilaridade Gower que utiliza dados qualitativos e quantitativos para gerar um único índice de dissimilaridade, variando de 0 a 1. A dissimilaridade foi dada por:

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

Onde,  $i$  e  $j$  representam os indivíduos a serem comparados no que diz respeito à característica  $k$ ;  $p$  é o número total de características, e  $S_{ij}$  é a contribuição da característica  $k$  para a distância total. Se uma característica é qualitativa,  $S_{ijk}$  assume o valor 1, quando a concordância é positiva ou negativa para a característica  $k$  entre os indivíduos  $i$  e  $j$ . Por outro lado, para a característica quantitativa, a equação utilizada foi:

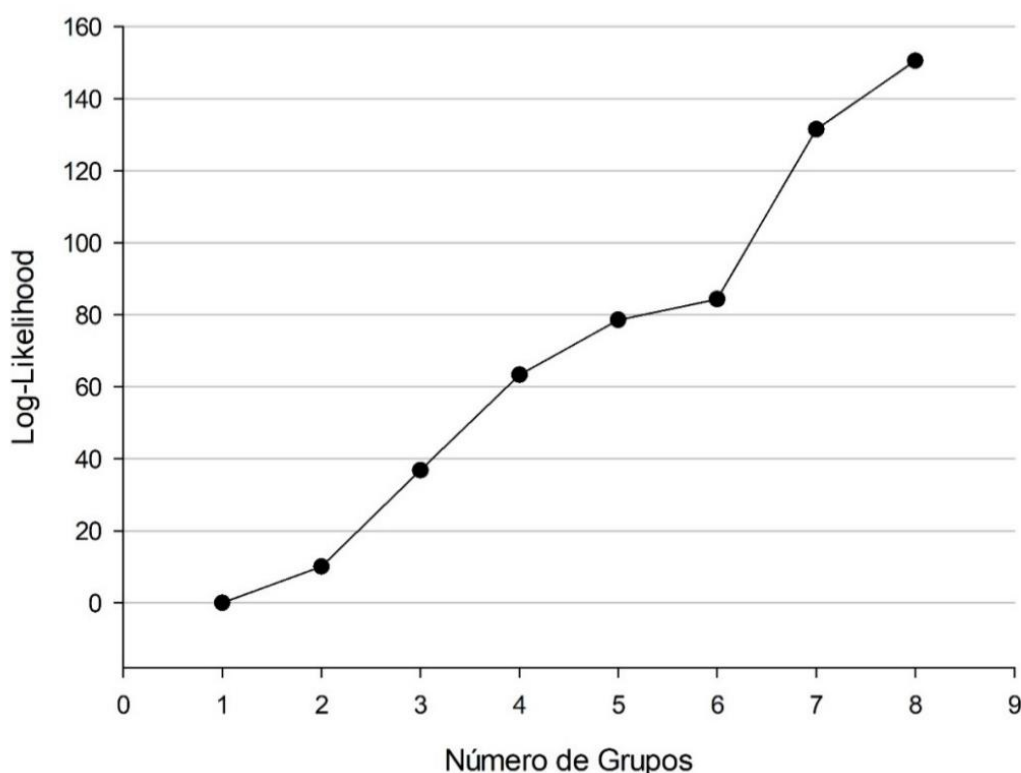
$$S_{ij} = \frac{|Y_{ik} - Y_{jk}|}{R_k}$$



Onde,  $R_k$  é a amplitude de variação da característica  $k$ , tendo valores entre 0 e 1. O valor de  $W_{ijk}$  foi usado para definir as contribuições dos indivíduos  $S_{ijk}$ . Assim, quando o valor da característica  $k$  está ausente, em um ou ambos os indivíduos,  $W_{ijk} = 0$  ou, de outra forma, é igual a 1.

### 3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O procedimento Ward-MLM foi eficiente para discriminar os 99 genótipos. Baseado nos critérios dos testes pseudo-F e pseudo- $t^2$ , o número ideal de grupos homogêneos foi estabelecido em três, sendo reunidos de acordo com suas similaridades. Isso se deve ao primeiro maior aumento da função de verossimilhança observado que ocorreu no terceiro grupo, onde houve um incremento de de 36,78 (Figura 1).



**Figura 1** - Gráfico da função logarítmica da probabilidade (Log-likelihood) em relação ao número de grupos formado pela estratégia Ward MLM, em genótipos de mamoeiro.

A análise da função da verossimilhança pode definir critérios mais precisos para a formação de grupos, resultando em agrupamentos menos subjetivos, o que não ocorre com a maioria dos outros métodos de agrupamento, nos quais o número de grupos é estabelecido de forma pessoal (Gonçalves et al., 2009). Nascimento et al. (2019) analisaram 92 genótipos F<sub>2</sub> de mamoeiro, oriundos do cruzamento entre Baixinho de Santa Amalia X Golden Peciolo Curto, e observaram maiores aumentos na função de probabilidade em relação ao grupo III, similar ao encontrado neste estudo, com um incremento de 38,94. Rodrigues et al. (2016) avaliando a diversidade genética em 25 genótipos de Café (*Coffea arabica*), obtiveram o número de grupos ideal igual a três. Gonçalves et al. (2009) e Barbé et al. (2010) relatam que a análise da função de verossimilhança permite que a formação dos grupos seja mais criteriosa, resultando na determinação de grupos menos subjetivos.

A estratégia de classificação Ward-MLM, para análise dos dados morfoagronômicos, permitiu a separação dos 99 genótipos em três grupos homogêneos, reunidos de acordo com suas semelhanças. Conforme pode ser observado na Tabela 1, o maior grupo foi o 1, sendo constituído por 51 genótipos. Neste grupo encontram-se 49 linhagens e os genitores UC-JS12 e UC-Sekati. As diferenças presentes nesses dois genitores, em relação às características FP e TSS, não foram suficientes para separá-los em grupos distintos. O grupo 2, foi composto por 21 genótipos e o grupo 3 por 27 genótipos. A nítida separação entre os grupos indica que os caracteres morfoagronômicos foram eficientes para discriminar os genitores e suas respectivas linhagens.

O grupo 1 apresentou as menores médias para AIPF, DC, PMF, FF, DCO e VP, e as maiores médias para TSS, NFC e NSF. O grupo 2 apresentou as maiores médias para DC, PMF, PROD, FF, CCO, DCO e VP. O grupo 3 apresentou as menores médias para PROD, TSS, CCO, DCO e NFC. O grupo 1 e o grupo 3, diferiram principalmente nas características PROD e NFC. Enquanto o grupo 1 teve uma produtividade média de 33,55 kg planta<sup>-1</sup> e NFC de 30,40 frutos comerciais, o grupo 3 teve produtividade média de 22,55 Kg planta<sup>-1</sup> e 17,39 frutos comerciais. O grupo 2 teve a maior média de produtividade, sendo quase o dobro do observado no grupo 3.

**Tabela 1** - Médias das variáveis quantitativas para cada um dos três grupos formados pelo método Ward-MLM e as duas variáveis canônicas em mamoeiro.

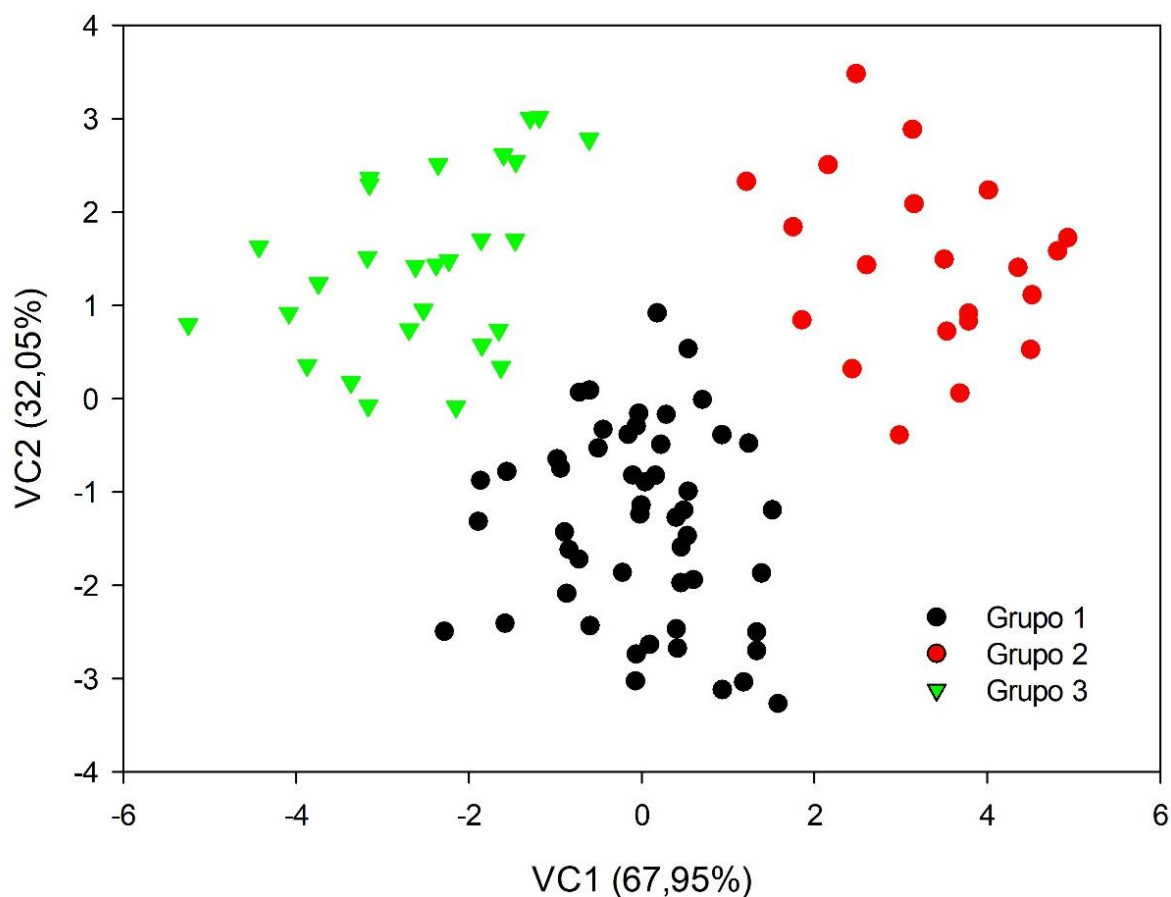
Características	Grupos			Canônicas	
	G 1 (51)	G 2 (21)	G 3 (27)	Can 1	Can 2
AIPF	84,06	95,72	85,74	0,2542	0,2446
AP	167,93	175,65	164,92	0,1922	0,0477
DC	9,15	10,14	9,83	0,1392	0,5757
PMF	1105,54	1602,04	1282,05	0,3764	0,5915
PROD	33,55	39,41	22,55	0,5619	-0,1940
FF	125,34	128,48	127,23	0,0762	0,2369
FP	86,63	87,43	88,05	-0,0512	0,1509
TSS	9,92	9,58	9,36	0,0830	-0,2853
EP	2,66	2,96	2,94	0,0363	0,7280
CCO	18,64	20,64	18,12	0,4553	0,1678
DCO	4,73	5,45	4,54	0,5974	0,2169
VP	836,76	1206,34	1009,07	0,3276	0,6819
%VP	78,46	77,94	82,86	-0,4808	0,3511
NFC	30,40	24,89	17,39	0,3108	-0,6459
NFD	4,84	4,70	5,66	-0,5839	0,3884
NSF	2,68	1,59	1,58	0,0088	-0,1449

AIPF: Altura de frutos; AP: Altura de planta; DC: Diâmetro do caule; PMF: Peso médio de frutos; PROD: Produtividade; FF: Firmeza de Fruto; FP: Firmeza de Polpa; TSS: Sólidos Solúveis Totais; EP: Espessura de Polpa; CCO: Comprimento da Cavidade Ovariana; DCO: Diâmetro da Cavidade Ovariana; VP: Volume de Polpa; %VP: Porcentagem de Volume de Polpa; NFC: Número de frutos comerciais; NFD: Número de frutos deformados; NSF: Número de nós sem frutos.

O grupo 1 apresentou a menor AIPF e a segunda maior produtividade (Kg planta<sup>-1</sup>). Enquanto o grupo 3 apresentou a segunda menor AIPF e a menor produtividade (Kg planta<sup>-1</sup>). Para a característica PMF, o valor médio para o grupo 1 foi de 1105,54 g, para o grupo 2 foi de 1602,04 g, e para o grupo 3 foi de 1282,05 g. As 97 linhagens avaliadas apresentaram ampla variabilidade para a característica PMF, e todas se enquadram no padrão Formosa. Para as características FF e FP, o grupo 1 foi o que apresentou as menores médias, 125,34 e 86,63, respectivamente; enquanto o grupo 2 apresentou a maior média para FF (128,48); e o grupo 3 a maior média para FP (88,05). Foram encontrados por Nascimento et al. (2019) e Cortes et al. (2019), valores de FF próximos aos encontrados neste trabalho. Entretanto, Viana et al. (2015) reportaram resultados relativos a FF inferiores aos apresentados neste trabalho. Já para a característica TSS, a maior média foi apresentada para o grupo 1 (9,92), seguido do grupo 2 (9,58), e a menor média foi apresentada pelo grupo 3 (9,36). Para a característica EP, todos os três grupos apresentaram valores médios superiores a 2, o que é importante, pois este valor está diretamente relacionado ao volume de polpa e ao

valor comercial. De acordo com Nascimento et al. (2019), valores de FF, FP e EP, como observado neste trabalho, influenciam diretamente a resistência dos frutos contra danos mecânicos no transporte e na vida útil de pós-colheita de frutas.

De acordo com a Tabela 1, as características que mais contribuíram para a diversidade, de acordo com a variável canônica 1, foram DCO (0,59), PROD (0,56), CCO (0,45), %VP (0,48) e NFD (0,58). Tais características mostram que a variável canônica 1 está mais relacionada à produção de frutos. Já em relação a variável canônica 2, as características que mais contribuíram para a diversidade genética foram: EP (0,72), VP (0,68), PMF (0,59), DC (0,57) e NFC (0,64). Estas características evidenciam que a variável canônica 2 está relacionada ao tamanho de fruto. As duas primeiras variáveis canônicas, obtidas por meio da metodologia Ward-MLM, foram responsáveis por explicar 100% da variação total observada (Figura 2). Esse alto valor indica que um gráfico bidimensional é adequado para visualizar a relação entre os grupos e entre os genótipos dentro dos grupos.



**Figura 2** - Gráfico das duas primeiras variáveis canônicas para os três grupos formados pela análise Ward-MLM em mamoeiro.

A dissimilaridade entre os grupos, com base na distância de Gower pela estratégia Ward-MLM, mostra que os grupos 1 e 3 são os mais próximos (13,25), enquanto os grupos 2 e 3 são os mais distantes (21,31) (Tabela 2).

**Tabela 2** - Distância entre os grupos formados pelo procedimento Ward-MLM, proposto por Franco et al. (1998)

Grupos	2	3
1	14,55	13,25
2		21,31

As linhagens de mamoeiro  $F_5$  apresentaram características de interesse para seu melhoramento, sendo, portanto, promissoras para seleção. Além disso, as linhagens de mamoeiro  $F_5$  podem ser utilizadas com outros testadores elites, na obtenção de híbridos que atendam as necessidades do mercado interno e externo em relação a tamanho, qualidade e produção de frutos.

### 3.2.5 CONCLUSÕES

1- As linhagens recombinantes  $F_5$  avaliadas apresentam ampla variabilidade genética, possibilitando a seleção de linhagens para utilização como genitoras de futuros híbridos a serem avaliados;

2- O procedimento estatístico Ward-MLM foi eficiente na discriminação dos grupos, demonstrando que a análise simultânea de dados quantitativos é viável e pode permitir maior eficiência no conhecimento da divergência entre os genótipos;

3- A estratégia Ward-MLM permitiu a identificação da variabilidade dentro da população  $F_5$  de mamão e a formação consistente de três grupos.

### 3.3 SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMOEIRO PARA PRODUTIVIDADE

#### 3.3.1 INTRODUÇÃO

O Brasil é um dos maiores produtores e exportadores de mamão do mundo, sua produção é direcionada ao mercado doméstico de frutas frescas, bem como aos mercados de exportação e processamento industrial dessas frutas (Cardoso et al., 2017). A seleção de novos genótipos é crucial para que os produtores de frutas alcancem alta produtividade e, assim, obtenham frutas de boa qualidade, (Moreira et al., 2019).

No entanto, a seleção baseada em um pequeno número de variáveis pode ser inadequada, em razão de possíveis correlações negativas entre as variáveis (Ramos et al., 2014) e da baixa herdabilidade de características de interesse, como a produtividade. Portanto, a seleção de genótipos é mais eficaz quando são consideradas várias características e métodos de seleção, que sejam capazes de avaliar eficientemente o material genético disponível (Moreira et al., 2019).

São diversas as estratégias para a seleção de genótipos superiores. Uma delas é a seleção indireta sobre uma característica, cujo objetivo é obter ganhos em outras características. No entanto, podem ocorrer respostas favoráveis ou desfavoráveis nos caracteres de importância secundária (Rocha et al., 2012).

Dessa forma, o uso do índice de seleção é uma opção viável para selecionar genótipos que possuam um conjunto de características favoráveis, com

ganhos genéticos satisfatórios, que proporcionem um desempenho comparativamente mais elevado e que satisfaçam as exigências do mercado (Cruz et al., 2012). Vários trabalhos utilizando índices de seleção já foram desenvolvidos na cultura do mamoeiro. Entre eles, podem ser citados os trabalhos que apresentaram como objetivos a seleção de híbridos com resistência à pinta-preta, oídio e mancha de phoma (Vivas et al., 2012); produção e qualidade de frutos (Moreira et al., 2019); seleção com base nos valores genéticos, obtidos pela metodologia REML/BLUP e nos valores fenotípicos (Ramos et al., 2014), e; seleção de progênies superiores permitindo ganhos para rendimento e espessura de polpa (Cortes et al., 2018).

O objetivo deste trabalho foi predizer, via índice de seleção, os ganhos genéticos para características relacionadas à produção de frutos. Além disso, foram selecionados híbridos superiores aos híbridos comerciais, para os grupos de tamanho de frutos padrão Intermediário e padrão Formosa, via índice de seleção, que poderão atender aos mercados internos e externos, quanto ao tamanho e produção de frutos.

### **3.3.2 REVISÃO DE LITERATURA**

#### **3.3.2.1 Índice de seleção**

Na condução de um programa de melhoramento genético vegetal, é comum a avaliação de várias características com o objetivo de praticar, simultaneamente, a seleção em algumas delas. Nesse aspecto, o genótipo selecionado deve reunir, ao mesmo tempo, uma série de atributos favoráveis, capazes de satisfazer as exigências do produtor ou consumidor (Silva e Viana, 2012). Dessa forma, o uso de estratégias que permitam a seleção simultânea de um conjunto de características de maior importância econômica, pode aumentar o êxito dos programas de melhoramento (Santos et al., 2007).

A utilização de índices de seleção é uma ótima alternativa para a obtenção de respostas e ganhos com a seleção para mais de uma característica, simultaneamente. Esta técnica permite obter genótipos com padrões adequados

para diversas características de forma mais rápida do que a seleção truncada. A seleção baseada em uma ou em poucas características pode gerar alterações indesejáveis, devido a correlações genéticas negativas entre as características em questão (Silva e Viana, 2012).

Na literatura são encontrados vários índices de seleção, os quais podem ser utilizados no melhoramento de plantas (Cruz et al., 2004). Estes índices são obtidos como combinações lineares das medidas de diversas características. Desta forma, o uso dos índices de seleção pode ser eficiente, uma vez que permite a avaliação de todas as informações disponíveis, atribuindo diferentes pesos às características estudadas e valorizando os atributos julgados pelo pesquisador, como os de maior importância (Falconer, 1987).

Silva et al. (2008) observaram que os resultados obtidos via índice de seleção, por considerar características agrônômicas favoráveis e desfavoráveis à cultura do mamoeiro, indicaram que as gerações segregantes dispõem de variabilidade genética para as características avaliadas, gerando uma maior expectativa de êxito nas próximas gerações. Vivas et al. (2012) fizeram uso de índices de seleção com a finalidade de identificar híbridos superiores para concentração de alelos favoráveis à resistência de mamoeiro a pinta-preta, ao oídio e a mancha de phoma. Esses autores verificaram que o índice de Mulamba & Mock (1978) evidenciou ganhos mais adequados para as cinco características avaliadas, quando utilizado o critério de peso econômico atribuído por tentativas, sendo esse índice o mais eficiente para seleção simultânea de híbridos de mamoeiro resistentes a doenças.

De acordo com Moreira et al. (2019), o índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943), utilizando as médias fenotípicas padronizadas, foi mais eficiente na identificação de indivíduos de mamoeiro com melhores valores para as características: teor de sólidos solúveis; peso de fruto, comprimento e largura do fruto; altura da planta e inserção do primeiro fruto e espessura da polpa. Ao avaliar os genótipos de mamoeiro, Ramos et al. (2014) verificaram que o índice baseado no valor genético padronizado apresentou maior consistência no *ranking* dos genótipos, demonstrando a vantagem da padronização dos dados. Para Cortes et al. (2018), o índice de seleção combinada foi consistente na seleção de seis progênies superiores, permitindo ganhos promissores para as características



rendimento e espessura de polpa, que são de grande importância para o melhoramento.

### **3.3.3 MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.3.3.1 Material genético e condução do experimento**

O material genético foi composto por 62 híbridos Topcrosses, obtidos a partir do cruzamento de linhagens recombinantes F<sub>4</sub> com o testador SS-72/12. Esses 62 híbridos foram avaliados no município de Linhares, estado do Espírito Santo, Brasil, na área comercial da empresa Caliman Agrícola S/A, localizada na latitude 19° 23' 28" S, longitude 40° 04' 20" W, a uma altitude de 33 metros, com temperatura média anual de 23,4 °C. Os 62 híbridos foram avaliados em ensaio de competição, utilizando delineamento experimental em látice quadrado 13 x 13 (169 tratamentos), com cinco repetições e duas plantas por parcela, com um espaçamento de 3,6 m entre fileiras e de 1,5 m entre plantas. Vale ressaltar que nesse trabalho, os 62 híbridos utilizados são parte dos 169 tratamentos (62 híbridos, 97 linhagens e 10 testemunhas), avaliados.

As mudas foram produzidas em bandejas plásticas contendo 96 tubetes, preenchidos com substrato comercial. Após a germinação e aclimatação (30 dias), as mudas foram transplantadas para a unidade experimental na área comercial da empresa. Foram plantadas quatro mudas por cova e, após três meses, foi realizada a sexagem das plantas, mantendo apenas uma planta hermafrodita por cova. As adubações, o manejo, o controle de pragas e doenças, e os tratos culturais utilizados, foram os mesmos adotados nos plantios comerciais da empresa Caliman Agrícola S/A. Foram realizadas três avaliações, aos 210 (outubro de 2017), 300 (janeiro de 2018) e 390 (maio de 2018) dias após o plantio.

#### **3.3.3.2 Características avaliadas no campo**

As características avaliadas foram: Altura da planta - AP (cm), Diâmetro do caule - DC (cm), Altura de inserção do primeiro fruto - AIPF (cm), Número de

frutos comerciais - NFC, Número de frutos deformados - NFD, Número de nós sem frutos - NSF, Peso médio de frutos - PMF (g), e Produtividade - PROD (kg planta<sup>-1</sup>). As características AP, DC, AIPF, NFC, NFD e NSF foram avaliadas conforme metodologia desenvolvida por Cortes et al. (2017). O PMF foi obtido através da mensuração da massa dos frutos em balança analítica. A PROD foi obtida através da multiplicação do PMF pelo NFC.

### 3.3.3.3 Índice de seleção

Para aplicação do índice de seleção, os 62 híbridos foram divididos em dois grupos. No primeiro grupo encontram-se os híbridos com pesos variando de 746 a 980 g, sendo denominado grupo intermediário, apresentando peso superior ao padrão Solo e inferior ao padrão Formosa. No segundo grupo encontram-se os híbridos com pesos variando de 1000 a 1400 g, sendo denominado padrão Formosa.

As características foram padronizadas utilizando a equação  $(Xg - \overline{Xg})/S\overline{Xg}$ , onde:

$Xg$  é o valor mensurado do indivíduo para a variável  $x$ ,

$\overline{Xg}$  é a média geral dos indivíduos para a variável  $x$ , e

$S\overline{Xg}$  é o desvio padrão.

A seleção combinada das oito características foi efetuada através do índice de seleção - IS. Esse índice foi proposto por Silva et al. (2008) e retificado por Ramos et al. (2014), e associa os pesos às médias padronizadas das características, como descritos a seguir: AP (-10), AIPF (-10), DC (10), NFC (100), NFD (-10), NSF (-10), PMF (100) e PROD (100). Esta relação de pesos foi estabelecida experimentalmente, baseada na importância das características avaliadas a nível agrônomo, assim como sugere Silva et al. (2008). Foram utilizados também os valores obtidos de coeficiente de variação genético como peso econômico, como descrito a seguir: AP (-13,35), AIPF (-11,11), DC (7,52), NFC (33,48), NFD (-17,52), NSF (-8,49), PMF (22,61) e PROD (23,24).

Após obtenção do valor referente à multiplicação do peso econômico com o valor padronizado de cada híbrido para cada característica, foi realizada a soma dos valores de todas as características para cada híbrido, obtendo-se, assim, um valor final para cada.

Em seguida foi realizado o ranqueamento dos híbridos, sendo o melhor híbrido aquele com maior valor. Foi praticada uma intensidade de seleção de 20% para a indicação dos melhores híbridos. Após esta seleção, foi calculado o diferencial de seleção, de acordo com a seguinte equação:

$$D_s = X_s - X_o,$$

Em que:  $D_s$  é o Diferencial de seleção;  $X_s$  é a média dos híbridos selecionados;  $X_o$  é a média geral de todos os híbridos.

O ganho por seleção foi estimado pela seguinte equação:

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

Em que:  $G_s$  é o Ganho com a seleção;  $h^2$  é o coeficiente de herdabilidade;  $D_s$  é o Diferencial de seleção.

O ganho de seleção percentual foi estimado pela seguinte equação:

$$G_{s\%} = \frac{D_s \times 100}{X_o}$$

Em que:  $G_{s\%}$  é o ganho por seleção percentual;  $D_s$  é o Diferencial de seleção;  $X_o$  é a média geral de todos os híbridos.

Todos os procedimentos necessários para construção do índice de seleção foram realizados pelo *Microsoft office Excel* 2016.

### 3.3.4 RESULTADO E DISCUSSÃO

A Tabela 1 apresenta as estimativas dos ganhos percentuais pelo índice de seleção, para o grupo Intermediário e para o grupo Formosa, com a utilização de pesos econômicos atribuídos por tentativa, e com o coeficiente de variação genético para as oito características avaliadas. No melhoramento de plantas existe dificuldade em se estabelecer pesos econômicos, todavia, estes podem ser estimados a partir de estatísticas dos próprios dados experimentais. Neste caso, o coeficiente de variação genético (CVg) se constitui como um bom referencial, pelo fato de ser um parâmetro adimensional e diretamente proporcional à variância genética (Cruz, 1993).

**Tabela 1** - Estimativas dos ganhos percentuais pelo índice de seleção, com base nos critérios de pesos econômicos atribuídos por tentativa e Coeficiente de variação genético, para oito características avaliadas em híbridos de mamoeiro.

	Intermediário									
	XO	XS		DS		GS		GS%		
		CVg	PT	CVg	PT	CVg	PT	CVg	PT	
AIPF	95,65	93,93	98,67	-1,72	3,02	-1,37	2,41	-1,79	3,15	
AP	190,88	191,85	196,92	0,96	6,04	0,77	4,83	0,50	3,16	
DC	10,47	11,40	10,80	0,94	0,33	0,75	0,27	8,95	3,17	
NFC	45,39	56,15	55,21	10,76	9,82	8,61	7,85	23,70	21,63	
NFD	4,81	4,61	4,54	-0,20	-0,27	-0,16	-0,22	-4,19	-5,60	
NSF	1,89	1,98	1,96	0,09	0,07	0,07	0,05	4,56	3,62	
PMF	917,68	946,30	976,78	28,62	59,10	22,90	47,28	3,12	6,44	
PROD	42,04	53,76	54,29	11,72	12,25	9,38	9,80	27,88	29,15	

	Formosa									
	XO	XS		DS		GS		GS%		
		CVg	PT	CVg	PT	CVg	PT	CVg	PT	
AIPF	96,46	91,49	98,78	-4,97	2,21	-3,97	1,77	-5,15	2,29	
AP	198,61	197,98	202,83	-0,62	4,11	-0,50	3,54	-0,31	2,07	
DC	10,61	10,73	10,49	0,12	-0,12	0,10	-0,08	1,16	-1,09	
NFC	45,89	53,15	51,17	7,26	5,28	5,81	4,43	15,82	11,50	
NFD	4,79	4,48	4,34	-0,31	-0,45	-0,25	-0,29	-6,46	-9,30	
NSF	1,96	1,96	1,93	0,00	-0,03	0,00	-0,02	0,22	-1,28	
PMF	1132,31	1158,49	1214,29	26,18	81,98	20,94	77,88	2,31	7,24	
PROD	52,18	61,89	62,65	9,72	10,47	7,77	7,01	18,62	20,07	

AIPF: Altura de frutos; AP: Altura de planta; DC: Diâmetro do caule; NFC: Número de frutos comerciais; NFD: Número de frutos deformados; NSF: Número de nós sem frutos; PMF: Peso médio de frutos; PROD: Produtividade. XO: Média geral; XS: Média dos Seleccionados; DS: Diferencial de seleção; GS: Ganho de seleção; GS%: Ganho de seleção percentual; CVg: Coeficiente de variação Genético; PT: Peso econômico atribuído por tentativas.

As características AP, AIPF, NFD e NSF são características cujo intuito é a seleção de genótipos que apresentem ganhos negativos, ou seja, genótipos que apresentam menor altura de planta e de inserção do primeiro fruto facilitando a colheita, bem como genótipos que apresentam menor número de frutos deformados e de nós sem frutos.

Já as características NFC, PROD e DC buscam selecionar genótipos que apresentem ganhos positivos. De acordo com Silva et al. (2007b), plantas que possuem DC maior, apresentam menor tendência a acamamento, são propensas a sustentar mais frutos e a serem mais produtivas. A característica NFC está diretamente relacionada à produtividade de uma planta. Plantas com maior NFC tenderão a ter uma maior produtividade, de acordo com o peso médio de fruto.

A partir das médias dos indivíduos selecionados (XS), foi possível verificar que, tanto para o grupo intermediário quanto para o grupo Formosa, as características AIPF e AP apresentaram médias inferiores quando utilizado o CVg como peso econômico, do que quando utilizado o peso econômico atribuído por tentativas. Para as características NFD e NSF, os indivíduos selecionados apresentaram médias menores quando utilizado o peso atribuído por tentativas. Para as características DC e NFC, os indivíduos selecionados apresentaram médias superiores quando utilizado o CVg como peso econômico, tanto para o grupo Intermediário quanto para o grupo Formosa. Já para características PMF e PROD, os indivíduos selecionados apresentaram médias superiores quando utilizado o peso econômico atribuído por tentativas.

Em relação aos ganhos percentuais (GS%), é possível verificar que, tanto para o grupo Intermediário quanto para o grupo Formosa, algumas características apresentaram ganhos superiores quando utilizado o peso econômico atribuído por tentativa, enquanto outras apresentaram ganhos superiores quando utilizado o CVg como peso econômico. Para as características AIPF e AP, quando utilizado o CVg, foram observados valores de -1,79 e 0,50 para o grupo Intermediário, e -5,15 e -0,31 para o grupo Formosa. Para as mesmas características, quando usado o peso econômico atribuído por tentativas, esses valores são inferiores aos valores de 3,15 e 3,16 para o grupo Intermediário, e 2,29 e 2,07 para o grupo Formosa.

Para as características NFD e NSF, foram observados valores de -4,19 e 4,56 para o grupo Intermediário, e -6,46 e 0,22 para o grupo Formosa, quando utilizado o CVg. Para as mesmas características, quando usado o peso econômico

atribuído por tentativas, esses valores são maiores do que os valores observados de -5,60 e 3,62 para o grupo Intermediário, e -9,30 e -1,28 para o grupo Formosa. Segundo Moreira et al. (2019), deve-se priorizar os ganhos negativos para características como NFD e NSF, permitindo que os genótipos selecionados apresentem menor número de frutos deformados (carpelóides e pentândricos) e nós sem frutos (esterilidade).

Para as características PMF e PROD, quando utilizado o CVg, foram observados valores de 3,12 e 27,88 para o grupo Intermediário, e 2,31 e 18,62 para o grupo Formosa. Para as mesmas características, quando usado o peso econômico atribuído por tentativas, esses valores são inferiores aos valores de 6,44 e 29,15 para o grupo Intermediário, e 7,24 e 20,07 para o grupo Formosa. Silva et al. (2008) selecionando genótipos de mamoeiro, verificaram ganhos para a característica PROD similares aos obtidos no presente trabalho.

Em relação ao ganho percentual total, para o grupo Intermediário foi de 62,74 utilizando o CVg, e de 64,72 utilizando o peso atribuído por tentativas, considerando as oito características analisadas. Para o grupo Formosa foi de 26,22 utilizando o CVg, e de 31,50 utilizando o peso atribuído por tentativas. Nesse sentido, mesmo o CVg apresentando-se como um bom referencial e sendo diretamente proporcional à variância genética, o peso atribuído por tentativas mostrou-se mais eficiente no ganho percentual total. Além disso, o peso atribuído por tentativas apresentou maior ganho para a característica PROD, uma das características de maior importância no melhoramento do mamoeiro e ganhos inferiores ao CVg para as características NFD e NSF, relacionadas carpeloidia e esterilidade no mamoeiro.

A Intensidade de seleção aplicada foi de 20% quando utilizado o PT, sendo os híbridos UCHJ16-046, UCHJ16-047, UCHJ16-042, UCHJ16-007, UCHJ16-032 e UCHJ16-041, selecionados para o grupo Intermediário; e UCHJ16-057, UCHJ16-023, UCHJ16-044, UCHJ16-012, UCHJ16-021 e UCHJ16-038, selecionados para o grupo Formosa. Já os híbridos UCHJ16-047, UCHJ16-046, UCHJ16-007, UCHJ16-042, UCHJ16-010 e UCHJ16-008, foram selecionados para o grupo Intermediário; e UCHJ16-057, UCHJ16-023, UCHJ16-038, UCHJ16-044, UCHJ16-021 e UCHJ16-005, foram selecionados para o grupo Formosa, quando utilizado o CVg como peso econômico. Utilizando tanto o peso econômico atribuído por tentativas, quanto o CVg, os híbridos selecionados foram praticamente os mesmos híbridos

identificados como superiores aos híbridos comerciais 'UC10', 'Calimosa' e 'Tainung-01', na análise de heterose varietal. Isso mostra que tais híbridos são altamente produtivos quando comparados aos híbridos comerciais que vêm sendo cultivados nas diferentes regiões produtoras do País.

No presente trabalho foram consideradas apenas as características relacionadas à produtividade. Entretanto, para a seleção final de novos híbridos, é de suma importância que sejam consideradas também as características relacionadas a qualidade de fruto como: firmeza de fruto e da polpa, e o teor de sólidos solúveis totais. Isso permitirá a seleção de híbridos altamente produtivos em relação à qualidade de frutos, e superiores às cultivares comerciais. Os híbridos selecionados são materiais com potencial genético para atender as necessidades dos mercados interno e externo, quanto a tamanho, produtividade e qualidade de frutos.

### **3.3.5 CONCLUSÃO**

- 1- O índice de seleção foi eficiente em predizer ganhos genéticos para produtividade e nas demais características avaliadas;
- 2- O índice de seleção permitiu a seleção de híbridos padrão Intermediário e padrão Formosa como futuras opções de híbridos para os produtores;
- 3- Os híbridos selecionados UCHJ16-046, UCHJ16-047, UCHJ16-042, UCHJ16-007, UCHJ16-032, UCHJ16-041, UCHJ16-010 e UCHJ16-008, selecionados para o grupo Intermediário, e; UCHJ16-057, UCHJ16-023, UCHJ16-044, UCHJ16-012, UCHJ16-021, UCHJ16-038 e UCHJ16-005, selecionados para o grupo Formosa, possuem produtividade superiores aos híbridos comerciais 'UC10', 'Calimosa' e 'Tainung-01'.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Amaral Junior, A.T., Viana, A.P., Gonçalves, L.S.A., Barbosa, C.D. (2010) Procedimentos Multivariados em Recursos Genéticos Vegetais. In: Germoplasma: Conservação, Manejo e Uso no Melhoramento de Plantas. (Pereira T.N.S., eds.). Arca, Viçosa, 205-254.
- Badillo, V. M. (1993) Caricaceae – Segundo esquema. *Revista de La facultad de agronomia de La Universidad Central de Venezuela*. Macaray, p.64.
- Barbé, T.C., Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, L.S.A., Rodrigues, R, Scapim, C.A. (2010) Association between advanced generations and genealogy in inbred lines of snap bean by the Ward-Modified Location Model. *Euphytica* 173:337-343.
- 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 Breeding and Applied Biotechnology* 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. *Scientia Horticulturae* 236:272-278.



- Barros, G.B.A., Aredes, F.A.S., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Pereira, M.G. (2017) Combining ability of recombinant lines of papaya from backcrossing for sexual conversion. *Revista Ciência Agronômica* 48: 166-174.
- Bastos, I.T., Barbosa, M.H.P., Cruz, C.D., Burnquist, W.L., Bressiani, J.A., Da Silva, F.L. (2003) Diallel analysis of sugarcane clones. *Bragantia* 62: 199–206.
- Bered, F., Barbosa-Neto, J.F., Carvalho, F.I.F. (2002) Genetic variability in common wheat germplasm based on coefficients of parentage. *Genetics and Molecular Biology* 25(2):211-215.
- Campos, B.M., Viana, A.P., Quintal, S.S.R., Gonçalves, L.S.A., Pessanha, P.G.O. (2013) Quantificação da divergência genética entre acessos de goiabeira por meio da estratégia Ward MLM. *Revista Brasileira de Fruticultura* 35: 571-578.
- Cattaneo, L. F. (2001) *Avaliação da divergência genética e análise de gerações em mamoeiro (Carica papaya L.)*. Tese de Doutorado, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, Campos dos Goytacazes, 94p.
- Cardoso, D.L., Luz, L.N., Macêdo, C.M.P., Gonçalves, L.S.A., Pereira, M.G. (2014) Heterosis in papaya: inter and intragroup analysis. *Revista Brasileira de Fruticultura* 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., Pereira, M.G. (2017) Diallel mixed-model analysis of papaya fruit deformities. *Ciência Rural* 47: 1-4.
- Carvalho, F.A., Renner, S.S. (2012) The phylogeny of the Caricaceae. In: Ming, R., Moore, P.H. (eds) *Genetics and genomics of papaya*. Springer, Heidelberg.
- Carvalho, A.J.C., Freitas, J.A.A., Pessanha, P.G.O., Ferreguetti, G.A. (2015) Melhoramento genético do mamoeiro: programa Uenf/Caliman. *Anais do VI Simpósio do papaya brasileiro*. ISBN 978-85-89274-25-8, Vitória, 6:1-41.

- Carvalho, C. de., Kist, B.B., Santos, C.E. dos., Treichel, M., Filter, C.F. (2017) Anuário Brasileiro de Fruticultura. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta Santa Cruz, 88p.
- Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Barros, G.B.A., Aredes, F.A.S., Silveira, S.F., Ferregueti, G.A., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2017) Model-assisted phenotyping by digital images in papaya breeding program. *Scientia Agricola* 74: 294-302.
- Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Azevedo, A.O.N., Poltronieri, T.P.S., Vettorazzi, J.C.F., Moreira, N.F., Ferregueti, G.A., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2018) Papaya recombinant inbred lines selection by image-based phenotyping. *Scientia Agricola* 75: 208-215.
- Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2019) Development of superior lines of papaya from the Formosa group using the pedigree method and REML/Blup procedure. *Bragantia* 78: 1-11.
- Costa, A. de F.S. da., Dantas, J.L.L., Pereira, M.G., Cattaneo, L.F., Costa, A.N. da., Moreira, S.O. (2013) Botânica, melhoramento e variedades. *Inf Agropecuário, Belo Horizonte* 34: 14–24.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3º ed., v.1, Viçosa: UFV, 390p.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3.ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 514p.
- Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. (2014) Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético: volume 2. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária. 668p.
- Cruz, C.D., Vencovsky, R., Silva, S.O., Tosello, G.A. (1993) Comparison of gains from selection among corn progenies, based on different criteria. *Brazilian Journal of Genetics and Molecular Biology* 16:79-89.

- Damasceno Junior, P.C., Pereira, T.N.S., Silva, F.F., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2008) Comportamento floral de híbridos de mamoeiro (*Carica papaya* L.) avaliados no verão e na primavera. *Revista Ceres* 55:310-316.
- Damasceno Junior, P.C., Costa, F.R., Pereira, T.N.S., Neto, M.F., Pereira, M.G. (2009a) Karyotype determination in three Caricaceae espécies em phasizing the cultivated form (*Carica papaya* L.). *Caryologia* 62:10-15.
- Damasceno Junior, P.C., Pereira, T.N.S., Pereira, M.G., Silva, F.F., Souza, M.M., Nicoli, R.G. (2009b) Preferential reproduction mode of hermaphrodite papaya plant (*Carica papaya* L.; Caricaceae). *Revista Brasileira de Fruticultura* 31:182-189.
- 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.
- Dantas, J.L.L., Castro Neto, M.T. de. (2000) Aspectos botânicos e fisiológicos. In: Trindade, A. V. (org) Mamão produção: aspectos técnicos., Embrapa Ma. Cruz das Almas - BA: Brasília: Embrapa Informação Tecnológica., p. 77.
- Dantas, J.L.L., Lima, J.F. De. (2001) Seleção e recomendação de variedades e mamoeiro: Avaliação de Linhagens e Híbridos. *Revista Brasileira de Fruticultura* 23: 617–621.
- Falconer, D.S. (1987) Introdução à genética quantitativa. Editora UFV, Viçosa, 279p.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996) Introduction to quantitative genetics, Ed. 4. Longmans Green, Harlow, Essex, UK, 464p.
- FAOSTAT (2019) Food and Agriculture Organization of the United Nations. Crops production. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>>. Acesso em: 19 mar, 2019.
- Fehr, W.R. Principles of cultivar development: theory and technique. New York: Mcmillan Publishing, 1987. 536 p.

- 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. *Revista Ceres* 63: 138-144.
- Fountain, J.C., Abbas, H.K., Scully, B.T., Li, H., Lee, R.D., Kemerait, R.C., Guo, B. (2019) Evaluation of maize inbred lines and topcross progeny for resistance to pre-harvest aflatoxin contamination. *The Crop Journal* 7:118-125.
- Franco, J., Crossa, J., Villaseñor, J., Taba, S., Eberhart, S.A. (1998) Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. *Crop Science* 38:1688-1696.
- Gonçalves, L.S.A., Rodrigues, R., Amaral Júnior, A.T., Karasawa, M., Sudré, C. P. (2009) Heirloom tomato genebank: assessing divergence based on morphological, agronomic and molecular data using Ward-MLM. *Genetic and Molecular Research* 8:364-374.
- Gower, J.C. (1971) A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics* 27:857-874.
- Gschwend, A.R., Wai, C.M., Zee, F., Arumuganathan, A.K., Ming, R. (2013) Genome size variation among sex types in dioecious and trioecious Caricaceae species. *Euphytica* 189:461–469.
- Hallauer, A.R., Miranda Filho, J.B. (1995) Quantitative genetics in maize breeding. 2nd ed. Ames: Iowa State University Press, 468p.
- Hallauer, A.R.; Carena, M.J.; Miranda Filho, J.B. 2010 Quantitative Genetics in Maize Breeding. Springer, New York, NY, USA.
- Hazel, L.N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28: 476–490.
- Ide, C.D., Pereira, M.G., Viana, A.P., Pereira, T.N.S. (2009) Use of testes for combining ability and selection of papaya hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 9: 60-66.
- Johnson, R.A., Wichern, D.W. (1988) Applied Multivariate Statistical Analysis. 2nd Edition, John Wiley & Sons Inc., New York.

- Karunakaran, G., Ravishankar, H. and Dinesh, M. R. (2010) Genetical studies in papaya (*Carica papaya* L). *Acta Horticulturae* 851:103-108.
- Kim, H.S., Ward, R.W. (1997) Genetic diversity in Eastern U.S. soft winter wheat (*Triticum aestivum* L.) based on RFLPs and coefficient of parentage. *Theoretical and Applied Genetics* 94:472-479.
- Lassoudière, A. (1968) Le papayer: description e genetique. *Fruits* 23:585-596.
- Liang, D., Wang, B., Song, S., Wang, J., Wang, L., Wang, Q., Ren, X., Zhao, X. (2019) Analysis of genetic effects on a complete diallel cross test of *Pinus koraiensis*. *Euphytica* 92:1-12.
- Luz, L.N. da., Pereira, M.G., Barros, F.R., Barros, G. de B., Ferregueti, G.A. (2015) Novos híbridos de mamoeiro avaliados nas condições de cultivo tradicional e no semiárido brasileiro. *Revista Brasileira de Fruticultura* 37:159–171.
- Luz, L.N., Santa-Catarina, R., Barros, G.B., Barros, F.R., Vettorazzi, J.C.F., Pereira, M.G. (2018) Adaptability and stability of papaya hybrids affected by production seasonality. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 18: 357-364.
- Malik, R., Sharma, H., Sharma, I., Kundu, S., Verma, A., Sheoran, S., Kumar, R., Chatrath, R. (2014) Genetic diversity of agro-morphological characters in Indian wheat varieties using GT biplot. *Australian Journal of Crop Science* 8:1266-271.
- Marin, S.L.D. (2001) *Melhoramento genético do mamoeiro (Carica papaya L.): Habilidade combinatória de genótipos dos grupos “Solo” e “Formosa”*. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF 117p.
- Marin, S.L.D., Pereira, M.G., Amaral Junior, A.T., Marteletto, L.A.P., Ide, C.D. (2006a) Heterosis in papaya hybrids from partial diallel of solo and Formosa parents. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 1: 24-29.
- Marin, S.L.D., Pereria, M.G., Amaral Junior, A.T., Marteletto, L.A.P., Ide, C.D. (2006b) Partial diallel to evaluate the combining ability for economically important traits of papaya. *Scientia Agricola* 6: 540-546.

- Ming, R., Yu, Q., Moore, P. H. (2007) Sex determination in papaya. *Seminars in Cell and Development Biology* 18: 401-408.
- Mohayeji, M., Capriotti, A.L., Cavaliere, C., Piovesana, S., Samperi, R., Stampachiacchiere, S., Toorchi, M., Lagana, A. (2014) Heterosis profile of sunflower leaves: A label free proteomics approach. *Journal of Proteomics* 99:101-110.
- Moreira, R.F.C., Afonso, S.D.J., Ledo, C.A.S., Silva, S.A., Conceição, A.L.S., Cerqueira-Pereira, E.C., Linge, C.S. (2017) Agro-morphological diversity in yam genotypes from Recôncavo of Bahia, Brazil. *African Journal of Agricultural Research* 24:2070-2077.
- Moreira, S.O., Kuhlcamp, K.T., Barros, F.L.S., Zucoloto, M., Godinho, T.O. (2019) Selection index based on phenotypic and genotypic values predicted by REML/BLUP in Papaya. *Revista Brasileira de Fruticultura* 41:1-7.
- Mulamba, N.N., MOCK, J.J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, 7: 40–51.
- Nascimento, A.L., Schmildt, O., Ferreguetti, G.A., Krause, W., Schmildt, E.R., Cavatte, P.C., Amaral, J.A.T. (2019) Genetic diversity of segregating Carica papaya genotypes using the Ward-MLM strategy. *Genetics and Molecular Research* 2:1-10.
- Oliveira, A.A.R., Santos Filho, H.P., Andrade, E.C. de., Meissner Filho, P.E. (2011) Impacto potencial das mudanças climáticas sobre as doenças do mamoeiro no Brasil. In: GHINI, R., HAMADA, E., BETTIOL, W. (org) Impactos das mudanças climáticas sobre doenças de importantes culturas no Brasil. Jaguariúna: Embrapa Meio Ambiente: p. 356 356.
- Oliveira, A. M. G., Oliveira, M. de A., Dantas, J. L. L., Sanches, N. F., Carvalho, J. E. B. (1995) A cultura do mamoeiro, Cruz das Almas, BA: EMBRAPA-CNPMP, 80p, (EMBRAPA-CNPM, Circular 21).

- Oliveira, E.J., Filho, G.A.F., Freitas, J.P.X., Dantas, J.L.L., Resende, M.D.V. (2012) Plant selection in F<sub>2</sub> segregating populations of papaya from commercial hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 12:191-198.
- Oliveira, R.S., Silva, S.A., Brasileiro, B.P., Medeiros, E.P., Anjos, E.V.A. (2013) Genetic divergence on castor bean using the Ward-MLM strategy. *Revista Ciência Agronômica* 44:564-570.
- Olkin, I., Tate, R. F. (1961) Multivariate correlation models with mixed discrete and continuous variables. *The Annals of Mathematical Statistics* 32:448-465.
- Ortiz, R., Crossa, J., Franco, J., Sevilla, R., Burgueño, J. (2008) Classification of Peruvian highland maize races using plant traits. *Genetic Resources and Crop Evolution* 55:151-162.
- Paterniani, M.E.A.G.Z., Ferreira, E.A., Duarte A.P., Gallo P.B. (2010) Potential of maize top cross hybrids in the São Paulo state. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo* 9:163-176.
- Pereira, M.G., Poltronieri, T.P.S., Pereira, T.N.S., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Arêdes, F.A.S., Boechat, M.S.B., Venâncio, T.M., Azevedo, A.O.N., Cortes, D.F.M., Moreira, N.F., Bohry, D., Silveira, S.F., Vivas, M., Ferregueti, A.G. (2020). Twenty-two-year papaya breeding program: from breeding strategy establishment to cultivar development. *Functional Plant Breeding Journal* 1: 9-27.
- Pereira, M.G., Luz, L.N., Santa-Catarina, R., Ramos, H.C.C., Pereira, T.N.S., Barros, G.B.A., Ferregueti, G.A., Vivas, M., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Azevedo, A.O.N., Silveira, S.F., Oliveira, J.G., Viana, A.P. (2019a) 'UC10': a new early Formosa papaya cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 19:131-134.
- Pereira, M.G., Luz, L.N., Santa-Catarina, R., Ramos, H.C.C., Pereira, T.N.S., Barros, G.B.A., Ferregueti, G.A., Vivas, M., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Azevedo, A.O.N., Silveira, S.F., Oliveira, J.G., Viana, A.P. (2019b) 'UC14': a new papaya cultivar with intermediate fruit size. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 19:226-229.

- Poltronieri, T.P.S., Silveira, S.F., Vivas, M., Santa Catarina, R., Cortes, D.F.M., Azevedo, A.O.N., Pereira, M.G. (2017) Selecting black-spot resistant papaya genotypes derived from backcrossing and hybrids. *Genetics and Molecular Research* 16:1-11.
- Poltronieri, T.P.S., 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* 215:1-8.
- Quintal, S.S.R., Viana, A.P., Gonçalves, L.S.A., Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T. (2012) Divergência genética entre acessos de mamoeiro por meio de variáveis morfoagronômicas. *Ciências Agrárias* 33:131-142.
- 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* L.) progenies. *Genetics and Molecular Research* 11:1280-1295.
- Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Viana, A.P., Luz, L.N., Cardoso, D.L., Ferregueti, G.A. (2014) Combined selection in backcross population of papaya (*Carica papaya* L.) by the mixed model methodology. *American Journal of Plant Sciences* 5:973-2983.
- Resende, M.D.V. (2002) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975 p.
- Resende, M.D.V. de, Duarte, J.B. (2007) Precision and quality control in variety trials. *Pesquisa Agropecuária Tropical* 37:182–194.
- Rocha, R.B., Ramalho, A.R., Teixeira, A.L., Laviola, B.G., Silva, F.D., Militão, J.S. L.T. (2012) Eficiência da seleção para incremento do teor de óleo do pinhão-mansão. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 47:44-50.
- Rodrigues, W.P., Teodoro, P.E., Partelli, F.L., Barbosa, D.H. (2016) Assessment of genetic divergence among coffee genotypes by Ward-MLM procedure in association with mixed models. *Genetics and Molecular Research* 15: 2-7.



- Santa-Catarina, R., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C., Ferreguetti, G.A., Pereira, M.G. (2018) Image-based phenotyping of morpho-agronomic traits in papaya fruits (*Carica papaya* L. THB var.). *Australian Journal of Crop Science* 12:1750-1756.
- Santa-Catarina, R., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Poltronieri, T.P.S., Barros, G.B.A., Arêdes, F.A.S., Azevedo, A.O.N., Ramos, H.C.C., Pereira, M.G. (2019) Combining ability for fruit yield and quality in papaya recombinant inbred lines from the sexual conversion backcrossing. *Euphytica* 215: 54-164.
- Santa-Catarina, R. (2016) Capacidade combinatória, heterose de linhagens Endogâmicas recombinantes e análise de imagens digitais em mamoeiro (*Carica papaya* L.). Dissertação de Mestrado - Campos dos Goytacazes – RJ Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 70p.
- Santos, F.S., Amaral Júnior, A.T., Freitas Júnior, S. de P., Rangel, R.M., Pereira, M.G. (2007) Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. *Bragantia* 66:389-396.
- Serrano, L.A.L., Cattaneo, L.F. (2010) O Cultivo do mamoeiro no Brasil. *Revista Brasileira Fruticultura* 32:657–959.
- Silva, F.F., Pereira, M.G., Ramos, H.C.C., Damasceno Junior, P.C., Pereira, T.N.S., Gabriel, A.P.C., Viana, A.P., Ferreguetti, G.A. (2008) Selection and estimation of the genetic gain in segregating generations of papaya (*Carica papaya* L.). *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 8: 1-8.
- Silva, F.F., Pereira, M.G., Campos, W.F., Damasceno Júnior, P.C., Pereira, T.N.S., Souza Filho, G.A., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Ferreguetti, G.A. (2007a) DNA marker-assisted sex conversion in elite papaya genotype (*Carica papaya* L.). *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 7: 52-58.
- Silva, F.F., Pereira, M.G., Ramos, H.C.C., Damasceno Júnior, P.C., Pereira, T.N.S., Ide, C.D. (2007b) Genotypic correlations of morpho-agronomic traits in papaya and implications for genetic breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 7:345-352.

- Silva, M.G.M., Viana, A.P. (2012) Alternativas de seleção em população de Maracujazeiro-Azedo sob Seleção Recorrente Intrapopulacional. *Revista Brasileira de Fruticultura* 34: 525-531.
- Silva, M.G.M., Viana, A.P., Amaral Junior, A.T., Goncalves, L.S.A., Reis R.V. (2012) Biometrics applied to intra-population improvement of the yellow passion fruit. *Revista Ciência Agronômica* 43:493-499.
- Silva, C.A., Nascimento, A.L., Ferreira, J.P., Schmildt, O., Malikouski, R.G., Alexandre, R.S., Ferregueti, G.A., Schmildt, E.R. (2017) Genetic diversity among papaya accessions. *African Journal of Agricultural Research* 12:2041-2048.
- Smith, H.F. (1936) A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7: 240-250.
- Vencovsky, R. (1987) Herança quantitativa. In: Paterniani E, Viégas GP. (Ed). Melhoramento e produção do milho. Campinas: Fundação Cargill, p. 137-214.
- Viana, E.S., Reis, R.C., Silva, S.C.S., Neves, T.T., Jesus, J.L. (2015) Avaliação físico-química e sensorial de frutos de genótipos melhorados de mamoeiro. *Pesquisa Agropecuária Tropical* 45:297-303.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Terra, C.E.P.S., Pereira, M.G. (2011) Testers for combining ability and selection of papaya hybrids resistant to fungal diseases. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 11:36-42.
- Vivas, M., Silveira, S.F. da., Cardoso, D.L., Pereira, M.G., Santos, P.H.D. dos., Ferregueti, G.A. (2012a) Capacidade combinatória e heterose para resistência a pinta-preta em mamoeiro por meio de análise dialélica. *Tropical Plant Pathology* 37:326–332.
- Vivas, M., Silveira, S.F. da., Cardoso, D.L., Pereira, M.G., Vivas, J.M.S., Ferregueti, G.A. (2012b) Capacidade combinatória em mamoeiro para resistência a oídio. *Bragantia* 71:455–459.

- Vivas, M., Silveira, S.F. da., Pereira, M.G., Cardoso, D.L., Ferreguetti, G.A. (2013) Análise dialélica em mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma. *Ciência Rural* 43:945–950.
- Vivas, M., Silveira, S.F. da., Cardoso, D.L., Amaral Júnior, A.T. do., Pereira, M.G. (2014) Heterose para resistência a mancha-de-phoma em híbridos de mamoeiro obtidos a partir de cruzamentos entre e dentro de grupos heteróticos. *Summa Phytopathologica* 40: 318–322.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Viana, A.P., Amaral, A.T., Cardoso, D.L., Pereira, M.G. (2014) Efficiency of circulant diallels via mixed models in the selection of papaya genotypes resistant to foliar fungal diseases. *Genetics and Molecular Research* 13: 4797-4804.
- Vivas, M., Cardoso, D.L., Ramos, H.C.C., Santos, P.H. D., Silveira, S. F., Moraes, R., Pereira, M.G. (2018) Genetic diversity between papaya lines and their correlation with heterosis in hybrids for disease resistance and morpho-agronomic traits. *Summa Phytopathologica* 44:110-115.
- Ward Junior, J.H. (1963) Hierarchical grouping to optimize na objective function. *Journal of the American Statistical Association* 58:236-244.
- Zielinski, A.A., Ávila, S., Ito, V., Nogueira, A., Wosiacki, G., Haminiuk, C.W. (2014) The association between chromaticity, phenolics, carotenoids, and in vitro antioxidant activity of frozen fruit pulp in Brazil: An application of chemometrics. *Journal of Food Science* 79:510–516.