

**ESTUDOS DAS ANOMALIAS FLORAIS EM UMA POPULAÇÃO  
BASE DE SELEÇÃO RECORRENTE EM MAMOEIRO**

**NÁDIA FERNANDES MOREIRA**

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

**CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
FEVEREIRO – 2019**

ESTUDOS DAS ANOMALIAS FLORAIS EM UMA POPULAÇÃO  
BASE DE SELEÇÃO RECORRENTE EM MAMOEIRO

**NÁDIA FERNANDES MOREIRA**

“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”

Orientadora: Prof<sup>a</sup>. Telma Nair Santana Pereira

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
FEVEREIRO – 2019

## FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

M838

Moreira, Nádia Fernandes.

Estudos das anomalias florais em uma população base de seleção recorrente em mamoeiro / Nádia Fernandes Moreira. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2019.

77 f. : il.

Bibliografia: 50 - 64.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2019.

Orientadora: Telma Nair Santana Pereira.

1. Melhoramento Genético. 2. Seleção Recorrente. 3. Reversão Sexual. 4. Carpeloidia. 5. Carica papaya. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

ESTUDOS DAS ANOMALIAS FLORAIS EM UMA POPULAÇÃO  
BASE DE SELEÇÃO RECORRENTE EM MAMOEIRO

**NÁDIA FERNANDES MOREIRA**

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

Aprovada em 25 de fevereiro de 2019.

Comissão Examinadora:



---

Prof. Pedro Corrêa Damasceno Junior (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) – UFRRJ



---

Prof.ª Helaine Christine Cancele Ramos (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) – UENF



---

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



---

Prof.ª Telma Nair Santana Pereira (Ph. D., Plant Breeding) - UENF  
(Orientadora)

À minha mãe (Pai e Mãe) Sara, à minha irmã Bárbara e ao Lucas, pelo apoio e incentivo incondicional em cada etapa dessa conquista.

Dedico

***“Nunca deixe que lhe digam que não vale a pena  
acreditar no sonho que se tem  
Ou que seus planos nunca vão dar certo  
Ou que você nunca vai ser alguém  
Tem gente que machuca os outros  
Tem gente que não sabe amar  
Mas eu sei que um dia a gente aprende  
Se você quiser alguém em quem confiar  
Confie em si mesmo  
Quem acredita sempre alcança..” (Renato Russo)***

## **AGRADECIMENTO**

A Deus, por guiar meus caminhos todas as vezes que coloquei minha vida em suas mãos.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade e apoio para a minha qualificação;

A minha querida Mãe e à minha irmã, pelo imenso apoio e incentivo a cada conquista. As motivações foram o que me impulsionaram a chegar até este momento único na minha jornada acadêmica e, sem vocês, tenho certeza de que tudo seria mais árduo.

Ao Lucas, pelo carinho, dedicação, paciência e companheirismo durante toda esta etapa de aprendizagem, por nunca me deixar desistir.

À professora Telma Nair Santana Pereira, por me acolher no seu grupo há seis anos, pela orientação, pelos conselhos, pela paciência, pela confiança, e por estar comigo na concretização de mais este objetivo.

Aos docentes do LMGV, em especial, aos meus conselheiros professores Messias Gonzaga Pereira e Helaine Christine Cancela Ramos, e ao professor Alexandre Pio Viana pelas valiosas contribuições concedidas durante toda a realização do curso.

À empresa Caliman Agrícola, pelo apoio ao desenvolvimento desta pesquisa.

Ao grupo do mamão, pelo apoio na condução da pesquisa e pela amizade, Alinne, Diego, Julio, Renato, Tathianne.

À minha querida amiga, madrinha, irmã do coração, “Japa” Talitha Mayumi por estar sempre ao meu lado nos últimos nove anos, pela lealdade e amizade.

Ao José Daniel, secretário, pelo comprometimento que tem com cada aluno do programa.

Aos amigos da UENF, em especial, Camila, Elba, Jocarla, Lorraine, Larissa, Marcela e Eileen, pelo companheirismo.

Aos meus amigos da UFV e as HOMOGÊNEAS, amigas de infância, pela amizade dedicada, mesmo na distância do dia-a-dia.

Aos amigos que fiz em Campos, pelos momentos divertidos e pelo conforto nos difíceis.

Ao querido primo e professor João José, que hoje descansa ao lado do Pai Celestial, por ter me dando o suporte para alçar voos mais altos, desde o ensino médio, e por acreditar sempre em mim.

E a todos que acreditaram, comigo, que esse sonho se tornaria realidade.

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

## SUMÁRIO

RESUMO .....	viii
ABSTRACT .....	x
1. INTRODUÇÃO .....	1
2. OBJETIVOS .....	4
3. CAPÍTULOS .....	5
3.1. QUANTIFICAÇÃO DE ANOMALIAS FLORAIS EM POPULAÇÃO PROCEDENTE DE POLIMORFISMO SEXUAL VISANDO A SELEÇÃO RECORRENTE EM MAMOEIRO .....	5
3.1.1. INTRODUÇÃO .....	5
3.1.2. REVISÃO .....	7
3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS .....	15
3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	18
3.1.5. CONCLUSÃO .....	24
3.2. EMPREGO DO ÍNDICE DE SELEÇÃO EM GENÓTIPOS DE MAMOEIRO VISANDO A REDUÇÃO DE ANOMALIAS FLORAIS .....	26
3.2.1. INTRODUÇÃO .....	26
3.2.2. REVISÃO .....	27
3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS .....	32
3.3.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	34
3.3.5. CONCLUSÃO .....	36

3.3. VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE INDIVÍDUOS DA POPULAÇÃO BASE DO PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE DE MAMOEIRO UENF/CALIMAN.....	37
3.3.1. INTRODUÇÃO.....	37
3.3.2. REVISÃO .....	38
3.3.3. MATERIAL E MÉTODOS.....	44
3.3.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	46
3.3.5. CONCLUSÃO .....	49
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	50

## RESUMO

MOREIRA, Nádia Fernandes; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro 2019; Estudos das anomalias florais em uma população base de seleção recorrente em mamoeiro. Orientadora: Telma Nair Santana Pereira; Conselheiros: Messias Gonzaga Pereira e Helaine Christine Cancela Ramos.

O objetivo geral deste trabalho foi avaliar a população base UPC-C0 de mamoeiro quanto às anomalias florais. Três trabalhos derivados deste estudo serão aqui apresentados. O primeiro capítulo teve por objetivo estimar a porcentagem de frutos deformados e de esterilidade de verão; estimar o coeficiente de repetibilidade; a correlação entre as variáveis para anomalias florais, e raquear genótipos com menor incidência de frutos deformados e esterilidade de verão. Nas épocas avaliadas a esterilidade de verão foi a de maior porcentagem de ocorrência; foram ranqueados 30 genótipos com menor incidência de anomalias florais. A esterilidade de verão consiste no principal problema da cultura em termos de anomalias florais em mamoeiro; a correlação não significativa entre as características NFD/NFT + NSF (número de frutos deformados/ número de frutos totais + número de nó sem fruto) e NFS/NFT + NSF (número de nó sem fruto/ número de frutos totais + número de nó sem fruto), NFD/NFT + NSF (número de frutos deformados/ número de frutos totais + número de nó sem fruto) e NSF/SOM (número de nó sem fruto/soma das anomalias), NFS/NFT + NSF (número de nó sem fruto/ número de frutos totais + número de nó sem fruto) e NFD/SOM (número de frutos deformados/ soma das anomalias), indicam a independência entre as variáveis; das 254 progênes

avaliadas foi possível identificar 30 indivíduos com menor ocorrência de anomalias florais totais. No segundo trabalho, foi aplicado o índice fenotípico ponderado, para realizar a seleção combinada baseada em três características de fruto; assim, foram selecionados 30 indivíduos superiores para baixa incidência de frutos deformados e esterilidade de verão, bem como maior número frutos comerciais. O terceiro trabalho teve por objetivo avaliar por meio de características de frutos a diversidade genética da população base UCP-C0 do programa de Seleção Recorrente de mamoeiro UENF/Caliman. A análise dos dados revelou ampla variabilidade genética na população base UCP-C0, sendo possível identificar genótipos com menor frequência de anomalias florais e maior número de frutos comerciais.

## ABSTRACT

MOREIRA, Nádia Fernandes; D.Sc.; Universidade Estadual Norte Fluminense Darcy Ribeiro, February, 2019; Studies of floral anomalies in a base population of recurrent selection in papaya. Advisor: Telma Nair Santana Pereira; Committee members: Messias Gonzaga Pereira and Helaine Christine Cancela Ramos.

The general objective of this study was to evaluate the base population of the zero cycle of papaya recurrent selection for flower abnormalities. Three chapters derived from this study will be presented here. The objective of first study was to estimate the percentage of deformed fruits (carpelloid, pentandric, and bananoid) and summer sterility, to estimate the repeatability coefficients, and to estimate the correlation coefficients among the variables for flower abnormalities; and to select genotypes with the lowest incidence of deformed fruits and summer sterility based on total abnormality. Summer sterility had the highest percentage of occurrence in the evaluated periods (Summer, Fall and Winter). Based on the quantification of total abnormalities, the 30 genotypes with the lowest incidence of flower abnormalities were selected. Summer sterility is the main problem of the papaya crop in terms of flower abnormalities. The non-significant correlations among the traits: NDF/TNF+NFN (number of deformed fruits/ number of fruits + number of fruitless nodes) and NFS/TNF+NFN (number of fruitless nodes/ number of fruits + number of fruitless nodes); NDF/TNF+NFN and NFN/SUM (number of fruitless nodes/ sum of abnormalities); and NFS/TNF+NFN and NDF/SUM (number of deformed fruits /sum of abnormalities) indicate that the variables are independent

of each other. Of the 254 evaluated progenies, 30 were identified with lower occurrence of total flower abnormalities. In the second chapter, the weighted phenotypic index was applied to perform the combined selection based on three fruit characteristics; 30 superior individuals were selected for low incidence of deformed fruits and summer sterility, as well as for a great number of commercial fruits. The third chapter had as objective to evaluate the genetic diversity of the UCP-C0 base population by means of fruit characteristics. The analysis of the data revealed a great genetic variability in the UCP-C0 base population, being possible to identify genotypes with lower frequency of flower abnormalities and greater number of commercial fruits.

## 1. INTRODUÇÃO

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) é uma espécie trióica. Entretanto, em termos comerciais a grande maioria das cultivares, no Brasil, é constituída por plantas hermafroditas e femininas. As plantas hermafroditas são mais vulneráveis às anomalias florais, enquanto que as plantas femininas são estáveis. As anomalias florais são facilmente observadas em campo, as quais são facilmente identificadas pela deformação de frutos, no caso da carpeloidia, pentândria e frutos bananóides, e a esterilidade de verão ou reversão sexual, que se caracteriza pelo aborto do ovário ou ovário rudimentar da flor hermafrodita revertida para masculina. O aparecimento das anomalias florais reduz a produção de frutos consideravelmente, sendo um dos principais problemas do cultivo de mameiro (Damasceno Junior et. al., 2008).

Os genótipos que tendem a apresentar altas taxas de esterilidade de verão, carpeloidia e pentândria em algumas condições climáticas, são indesejáveis; assim, os programas de melhoramento do mamoeiro devem ter como um dos objetivos a seleção de genótipos com baixas taxas dessas anomalias (Couto & Nacif, 1999). Em processos de seleção admite-se plantas de mamoeiro com até 10% de flores estéreis de verão (Costa & Pacova, 2003) e 10% de frutos carpelóides (Dantas et al., 2002). No germoplasma de mamoeiro não há relato de materiais imunes à esterilidade de verão, ou seja, todos apresentam certa frequência dessa anomalia.

Em sendo uma frutífera, o mamoeiro apresenta um ciclo reprodutivo longo, o que torna seu melhoramento diferenciado de espécies anuais, proporcionando um incremento dos recursos financeiros e do tempo para o desenvolvimento de novas cultivares. A avaliação de genótipos em gerações iniciais das populações de programas de melhoramento de mamoeiro, consiste em uma alternativa para otimizar a velocidade de resultados para esses programas, proporcionando, dessa forma, aos melhoristas concentrarem esforços e recursos nos genótipos com maior potencial para o melhoramento de mamão.

O sucesso na identificação de genótipos promissores nas gerações iniciais depende da existência de variabilidade genética para as características de interesse ao melhoramento na população a ser avaliada. A hibridação em espécies autógamias vem sendo empregada com a finalidade de expor a variabilidade genética em populações segregantes, visando o desenvolvimento de linhagens endogâmicas que possam ser lançadas como variedade ou utilizadas em programas de obtenção de híbridos como genitoras.

No caso do mamoeiro, o desenvolvimento de linhagens e híbridos é possível devido ao modo de reprodução da espécie, já que as plantas hermafroditas podem ser autofecundadas sem sofrer depressão por endogamia (Dantas e Lima, 2001). Portanto, para a condução de um programa de melhoramento do mamoeiro, o melhorista pode aplicar métodos de melhoramento tanto para autógamias quanto para alógamas. Assim sendo, um dos métodos que vem sendo empregado no programa de melhoramento de mamoeiro da Universidade Estadual do Norte Fluminense é a seleção recorrente. Esse método consiste em um sistema designado a aumentar gradativamente a frequência de alelos favoráveis para uma característica quantitativa, através de repetidos ciclos de seleção e recombinação, mantendo assim a variabilidade genética da população em estudo (Hull, 1945). Em populações de milho comum, milho-pipoca, maracujazeiro, a seleção recorrente tem sido utilizado com eficiência (Rangel et al., 2011; Ribeiro et al., 2012; Freitas Júnior et al., 2013). Já em mamoeiro o uso da seleção recorrente é inédito com perspectiva de sucesso na obtenção de novos genótipos superiores.

Vivas et al. (2012) avaliando características associadas à resistência à pinta-preta e à mancha-de-phoma em 24 progênies de mamoeiro, obtidas de genótipos dioicos, obtiveram novas progênies, derivadas desses genótipos, que poderão constituir futuras populações, sendo a seleção recorrente uma alternativa

a ser adotada como método de melhoramento, no avanço de gerações e no desenvolvimento de novas linhagens de mamoeiro, resistentes à pinta-preta (*Asperisporium caricae*) e à mancha-de-phoma (*Stagonosporopsis carica*)

Por apresentar um ciclo reprodutivo longo, as características morfoagronômicas se expressam mais de uma vez em um mesmo indivíduo, o que faz necessário realizar avaliações repetidas sobre diferentes condições ambientais. Tais peculiaridades exigem elevado rigor e precisão nos métodos de seleção adotados (Cortes, 2017b).

A adoção do procedimento REML/BLUP nos programas de melhoramento de espécies frutíferas também tem contribuído para aumentar a eficiência na avaliação genética dos candidatos à seleção. Este procedimento refere-se à estimação dos componentes da variância pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e a estimação dos valores genéticos pelo melhor preditor linear não viciado (BLUP), proporcionando estimações e predições mais precisas de parâmetros e valores genéticos (Resende et al., 2006). A expectativa é que a combinação da fenotipagem baseada em imagens e o procedimento REML/BLUP permitam aumentar a eficiência dos programas de melhoramento genético do mamoeiro.

## 2. OBJETIVOS

### **Objetivo geral:**

Avaliar a população base UCP-C0 do programa de seleção recorrente de mamoeiro UENF/CALIMAN quanto as anomalias florais.

### **Os objetivos específicos:**

- a) Estimar a porcentagem de frutos deformados (carpelóides, pentâdricos e bananoides) e de esterilidade de verão sobre a produção de frutos e sobre as anomalias florais totais;
- b) Estimar o coeficiente de repetibilidade das variáveis para potencial produtivo e incidência das anomalias florais.
- c) Estimar a correlação entre as variáveis para anomalias florais;
- d) Ranquear genótipos com menor incidência de frutos deformados e esterilidade de verão;
- e) Realizar a seleção combinada na população base UCP-C0 para a característica de fruto;
- f) Avaliar por meio de anomalias florais a diversidade genética da população base UCP-C0.

### 3. CAPÍTULOS

#### 3.1. QUANTIFICAÇÃO DE ANOMALIAS FLORAIS EM POPULAÇÃO PROCEDENTE DE POLIMORFISMO SEXUAL VISANDO A SELEÇÃO RECORRENTE EM MAMOEIRO<sup>1</sup>

##### 3.1.1. INTRODUÇÃO

O mamoeiro é uma espécie trioica (planta estaminada ou masculina, planta hermafrodita e planta pistilada ou feminina) e diploide com  $2n=2x=18$  cromossomos (Damasceno Júnior et al., 2009b; Damasceno Júnior et al., 2010). Entretanto, em termos comerciais a grande maioria das lavouras nacionais é constituída por plantas hermafroditas. Dentre as três formas básicas de sexo que a espécie apresenta, a hermafrodita é mais vulnerável à reversão sexual, à carpeloidia e à pentandria (Damasceno Junior et al. 2008), enquanto que as plantas femininas são estáveis as anomalias florais.

A esterilidade de verão ou reversão sexual surge em condições de temperaturas elevadas, estresse hídrico e baixo níveis de nitrogênio e se caracteriza pela reversão de sexo da flor hermafrodita em masculina (Martelleto et

---

<sup>1</sup> Artigo publicado na Revista Bragantia v.78 n. 2, 2019.

al., 2011). Nas temperaturas de inverno, é comum, a ocorrência de pentandria, na qual os frutos são arredondados, com cinco sulcos longitudinais profundos, provocados pela fusão dos estames ao ovário (Arkle Junior e Nakasone, 1984). Em temperatura baixa ou amena, alto nível de umidade, deficiência de nitrogênio no solo e *déficit* hídrico é favorecida a carpeloidia, na qual a flor hermafrodita pode converter seus estames em estruturas semelhantes a carpelos (Couto e Nacif, 1999; Arkle Junior e Nakasone, 1984). A ocorrência de frutos “bananóides”, os quais têm seu formato e a cavidade ovariana alongada, podendo ser devido a uma polinização dessincronizada.

As anomalias florais refletem negativamente na produção de frutos comerciais, dessa forma, a disponibilidade de variedades que sejam menos sensíveis à influência da sazonalidade na expressão sexual é de grande importância para o cultivo do mamoeiro, pois diminuiria a flutuação da produção que ocorre durante o ano, permitindo ao produtor maior chance de êxito na exploração da cultura (Ramos et al., 2011).

O modo de reprodução do mamoeiro hermafrodita é autógamo com cleistogamia (Damasceno Júnior et al., 2009a); assim, o mesmo pode ser autofecundado sem expressiva depressão por endogamia, o que possibilita a obtenção de linhagens endogâmicas no desenvolvimento de variedades ou de híbridos (Dantas e Lima, 2001). Várias metodologias têm sido usadas no melhoramento da cultura como retrocruzamento visando a conversão sexual do genótipo Cariflora, do estado dioico para o ginodioico (Silva et al., 2007a).

Vivas et al. (2012) trabalhando com progênies oriundas de genótipos dioicos, cultivados por agricultores no sul do Estado do Espírito Santo, concluíram que há a possibilidade de seleção de novas progênies, originadas desses genótipos, para a constituição de futuras populações via seleção recorrente no avanço de gerações e no desenvolvimento de novas linhagens de mamoeiro, resistentes à pinta-preta e à mancha-de-phoma. A seleção recorrente é uma metodologia pouco empregada em mamoeiro, sendo promissora por visar o aumento da frequência e recombinação de alelos favoráveis mantendo a variabilidade genética na população.

Diante do exposto, esse estudo teve como objetivos: i) estimar a porcentagem de frutos deformados (carpelóides, pentâdricos e bananóides) e de esterilidade de verão, ii) estimar o coeficiente de repetibilidade, iii) estimar a

correlação entre as variáveis para anomalias florais, e iv) ranquear genótipos com menor incidência de frutos deformados e esterilidade de verão.

### 3.1.2. REVISÃO

#### 3.1.2.1. Aspectos gerais da cultura

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) pertence à família Caricaceae, gênero *Carica*. Esta família é formada por seis gêneros: *Vanconcellea*, *Jacaratia*, *Jarilla*, *Cylicomorpha*, *Horovitzia* e *Carica*, sendo *Carica* o de maior importância econômica (Badillo, 1971, 2000). Segundo Badillo (1993), o mamoeiro é originário do Sul do México e Norte da América Central, onde se encontra na forma dioica.

A determinação do sexo em mamoeiros é controlada geneticamente (Storey, 1953; Horovitz e Gimenez 1967; Lassoudière, 1968). O sexo das plantas só é indentificado fenotipicamente quando as plantas iniciam a floração, ou seja, aproximadamente cinco meses após a germinação (Marin e Gomes, 1987).

A herança do sexo foi inicialmente descrita como monogênica com três alelos determinando feminilidade ( $m$ ), masculinidade ( $M_1$ ) e hermafroditismo ( $M_2$ ), respectivamente (Holfmeyr 1938). Storey (1941) determinou que os indivíduos portadores dos genótipos  $mm$ ,  $M^1m$  e  $M^2m$ , são denominados ginoicos, androicos e ginoico-andromonoicos, respectivamente. As combinações dominantes  $M^1M^1$ ,  $M^1M^2$  e  $M^2M^2$  são letais zigóticos (Storey, 1953).

Ming et al. (2007), verificaram em estudos recentes de sequenciamento de DNA que a determinação do sexo no mamoeiro é por uma região ligada ao sexo que se comporta como um cromossomo sexual XY, e masculinidade versus hermafroditismo controlado por regiões macho-específicas no cromossomo Y, denominadas  $Y^h$  (HSY) em hermafroditas e MSY em masculinas. Assim, as combinações XX, XY,  $XY^h$  determinam plantas femininas, masculinas e hermafroditas, respectivamente

O modo de reprodução preferencial do mamoeiro hermafrodita é autógamo facultativo com cleistogamia (Damasceno Júnior et al., 2009a). De acordo com Dantas e Lima (2001) o mamoeiro pode ser autofecundado sem expressiva depressão por endogamia, sendo uma grande vantagem ao melhoramento por

permitir a obtenção de linhagens endogâmicas para desenvolvimento de variedades ou de híbridos.

### **3.1.2.2. Aspectos florais**

As flores do mamoeiro podem ser divididas, basicamente, em três tipos: flor hermafrodita, que caracteriza as plantas hermafroditas; flor estaminada, que caracteriza plantas masculinas; e flor pistilada, que caracteriza uma planta feminina típica (Couto e Nacif, 1999). Assim sendo, de acordo com Storey (1941), as classificações dióico-hermafrodita ou ainda, polígama, sejam a mais apropriadas, embora a espécie *C. papaya* seja descrita muitas vezes como dióica.

As plantas hermafroditas apresentam flores com pedúnculos curtos nas axilas foliares. São flores menores com as pétalas soldadas na base ou até quase a metade do seu comprimento. O órgão feminino é constituído de um ovário, geralmente alongado com variação piriforme a cilíndrico, com cinco estigmas em forma de leque, enquanto o masculino apresenta de cinco a dez estames funcionais, com anteras de cor amarela (Marin & Gomes, 1986).

As flores masculinas são distribuídas em uma inflorescência com pedúnculos longos, originadas nas axilas foliares localizadas na parte superior do mamoeiro. O órgão masculino é constituído por 10 estames funcionais, enquanto o feminino é muito rudimentar e geralmente não funcional, impedindo que as plantas produzam frutos (Marin & Gomes, 1986).

As flores femininas são isoladas em número de duas ou três, localizadas próximas do talo das folhas e são formadas em pedúnculos curtos e inseridas nas axilas foliares, possuem pétalas totalmente livres até a parte inferior da corola. O órgão feminino é composto de um ovário grande arredondado, afunilando-se para o ápice e apresentam cinco estigmas em formato de leque. Necessitam de grãos de pólen das flores masculinas ou hermafroditas para fecundação e formação de frutos, arredondados e ovalados, com cavidade interna, grande, em relação à espessura da polpa (Marin & Gomes, 1986).

### **3.1.2.4. Anomalias florais**

Os fatores ambientais exercem grande influência na cultura do mamoeiro, dos quais se destacam a temperatura e a umidade. Tanto as temperaturas altas, quanto as baixas podem causar danos em todas as fases de desenvolvimento do

mamoeiro, principalmente, na fase reprodutiva (Cerovic et al., 2000; Hedhly et al., 2003; Zinn et al., 2010). Dessa forma, podem ser encontradas nas populações de hermafroditas (ginóica-andromonóica) alterações florais como carpeloidia, pentandria e reversão sexual (Couto e Nacif, 1999).

No verão quando as altas temperaturas ocorrem com maior frequência, as flores hermafroditas podem apresentar o ovário abortado ou rudimentar, portanto, tais flores revertem para o sexo masculino não produzindo frutos. Esta alteração floral é conhecida como reversão sexual, “esterilidade de verão” ou esterilidade feminina; o estresse hídrico e baixos níveis de nitrogênio no solo também favorecem a reversão sexual. De acordo com Zinn et al. (2010) um único dia quente ou noite fria, próximo da fertilização pode ser danoso para o sucesso reprodutivo de muitas plantas.

A carpeloidia é um tipo de deformação floral provocada pela transformação dos estames em carpelos durante o primeiro período de desenvolvimento da flor, de modo que carpelos normais, juntamente com o ovário, são supressos em vários graus de desenvolvimento, dando origem a frutos deformados, conhecidos como “cara de gato”, e impróprios para a comercialização (Couto e Nacif, 1999). De acordo com Awada e Ikeda (1953), citados por Nakasone (1980), condições de alta umidade no solo, baixas temperaturas e excesso de nitrogênio no solo favorecem a produção de frutos carpelóides, sendo a temperatura o principal fator.

Além dessas duas anomalias florais devido às condições ambientais, também ocorre a pentandria, que consiste na redução do número de estames, de 10 para 5, onde estes formam sulcos de forma pronunciada na parede do ovário da flor, formando frutos deformados, sendo impróprios para a comercialização (Marin e Gomes, 1987; Couto e Nacif, 1999).

A incidência dessas anomalias florais caracteriza um dos principais problemas da cultura, no entanto, os melhoristas de mamoeiro buscam selecionar genótipos que apresentem uma frequência mínima (até 10%) de flores estéreis de verão (Costa & Pacova, 2003) e 10% de frutos carpelóides (Dantas et al., 2002).

### **3.1.2.5. Melhoramento Genético do Mamoeiro**

O mamoeiro é considerado como uma cultura de baixa variabilidade genética (Kim et al., 2002; Ma et al., 2004), o que dificulta a obtenção de cultivares. Ming et al. (2008) citam a preferência cultural e o isolamento geográfico como as causas

que desencadearam o processo de erosão genética, que resultou em baixa diversidade. A tendência é intensificar o uso de germoplasma das mais variadas fontes, buscando ampliar a base genética da cultura, através dos programas de melhoramento.

As cultivares “Golden” e “Tainung 01” são as mais cultivadas no Brasil, sendo as mesmas pertencentes ao grupo “Solo” e “Formosa”, respectivamente, o que contribui para uma restrita variabilidade genética nos campos de produção e favorecendo a vulnerabilidade da cultura ao ataque de pragas, doenças e variações edafoclimáticas. Dessa forma, a necessidade de fortalecimento dos programas de melhoramento que têm por objetivo ampliar a base genética da cultura, visando o desenvolvimento de genótipos superiores e com características desejáveis, satisfazendo as necessidades do mercado interno e externo, fica ainda mais evidente (Pérez, 2004)

Rodriguez (1998) afirma que, o aumento da base genética do mamoeiro tem grande relevância, devido proporcionar o aumento da possibilidade de obtenção de ganho genético por meio da seleção. Assim, a hibridação em programas de melhoramento tem sido utilizada para expor a variabilidade intraespecífica da cultura do mamoeiro, a partir da recombinação, permitindo a obtenção de novos materiais, que podem ser geneticamente superiores (Marin et al., 2006a, 2006b). Para tanto, a escolha dos genitores a serem utilizados na formação de progênes segregantes é uma etapa importante que exige critérios e grandes esforços dos melhoristas (Ramalho et al., 1993).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) estabeleceu, a partir de 1996, um programa de melhoramento genético do mamoeiro, em parceria com a Empresa Caliman Agrícola S.A., que tem como principal objetivo o desenvolvimento de cultivares capazes de contribuir substancialmente com o agronegócio do mamão no Brasil (Pereira et al., 2015). A UENF se encontra entre as três instituições responsáveis pela maioria das pesquisas desenvolvidas no melhoramento genético do mamoeiro, sendo as outras duas o Instituto Capixaba de Pesquisa e Extensão Rural (Incaper) e a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Mandioca e Fruticultura).

O programa de melhoramento do mamoeiro da UENF é composto por uma equipe multidisciplinar que atua nas áreas de melhoramento clássico, citogenética, genética molecular, fisiologia de pós-colheita, fitopatologia e bioinformática e mais

recentemente a fenômica, além de buscar contribuir na formação de profissionais, gerar e divulgar o conhecimento científico na forma de artigos publicados (Pereira et al., 2015). *A priori*, o grupo estabeleceu estratégias específicas para o melhoramento da cultura. Em se tratando dos aspectos reprodutivos, procurou-se conhecer o modo preferencial de polinização, considerando os dois grupos heteróticos, grupo Solo e grupo Formosa (Damasceno Junior et al., 2009a). Outros aspectos reprodutivos associados à gametogênese, ao cariógrama da espécie, também foram investigados (Damasceno Junior et al., 2009b; Damasceno Junior et al., 2010).

Dentre os vários trabalhos desenvolvidos pelo grupo da UENF, destaca-se o primeiro híbrido de mamão brasileiro recomendado aos produtores, denominado de “UENF/CALIMAN” – 01. Este híbrido tem mostrado superioridade em relação ao híbrido Tainung 01 do grupo Formosa, sendo uma alternativa para o cultivo do mamoeiro (Pereira et al., 2015).

O desenvolvimento de populações segregantes como estratégia para o melhoramento do mamoeiro também tem sido realizado pelo grupo da UENF. 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). Baseadas neste trabalho foram obtidas três gerações de retrocruzamento, das quais foram realizados vários estudos para condução de populações segregantes e desenvolvimento de linhagens superiores (Ramos et al., 2014a; Santa-Catarina, 2016; Barros et al., 2017), podendo ressaltar a obtenção de combinações híbridas altamente produtivas de fruto pequeno com elevado potencial de lançamento, para atender as demandas dos mercados interno e externo.

Vivas et al. (2010) avaliando a resistência da mancha-da-phoma em folhas, causada pelo fungo *Phomacaricae-papayae* (Tarr) Punith., identificaram os genótipos Americano, Waimanalo, Sekati, JS-12, Maradol, Maradol GL, Tailândia, Baixinho de Santa Amália e São Mateus, como possíveis portadores de alelos que tendem a contribuir para minimização de mancha-de-phoma em híbridos de mamoeiro.

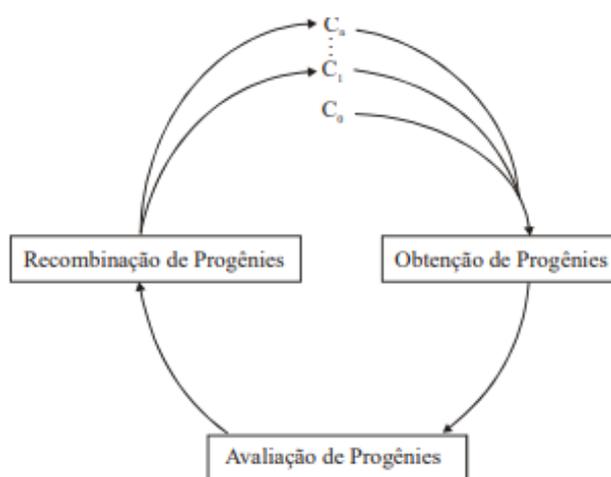
Oliveira et al. (2012), Pinto et al. (2013b) e Ramos et al. (2014) trabalharam com modelos mistos para selecionar indivíduos superiores, utilizando características morfoagronômicas, e obtiveram resultados satisfatórios. Vivas et al.

(2014) avaliaram a eficiência na seleção de genótipos resistentes a doenças foliares ocasionadas por fungo, por meio de um dialelo circulante, e também obtiveram sucesso.

Cortes et al. (2014) desenvolveram e validaram uma metodologia de análise e processamento de imagem digital, voltada para a fenotipagem de características morfológicas. Esta metodologia tem sido aplicada na fenotipagem das novas áreas experimentais aumentando a precisão e diminuindo o tempo de obtenção dos dados.

### 3.1.2.5. Seleção Recorrente

A seleção recorrente é um sistema cíclico designado a aumentar gradativamente a frequência de alelos favoráveis para uma característica quantitativa, através de repetidos ciclos de seleção, mantendo a variabilidade genética da população a níveis adequados para comportar ganhos genéticos nos ciclos seguintes, além de melhorar a expressão fenotípica da característica sob seleção (Hull, 1945). O método dispõe de três etapas: obtenção, avaliação e recombinação das progênes (Figura 1). Estas progênes são conduzidas de forma cíclica até que se atinjam níveis satisfatórios de frequência de alelos favoráveis na população (Hallauer et al., 2010).



**Figura 1** - Representação esquemática da seleção recorrente (Borém, 2009).

Na seleção recorrente, o ganho por ciclo pode ser aumentado quando se aplica maior pressão de seleção, mediante a escolha de menor proporção de indivíduos ou famílias, para formação da nova geração, porém, pode produzir uma sensível redução da variabilidade genética, o que diminui a possibilidade de seleção em médio e longo prazo. Em se tratando de uma seleção amena, pode ocorrer um menor progresso por ciclo, mas os ganhos por períodos mais prolongados são mais garantidos, pois não se tem a minimização da variabilidade genética nos primeiros ciclos (Hull, 1945).

Em programas de seleção recorrente, normalmente são selecionados entre 10 a 30% das progênies avaliadas e, conseqüentemente, os efeitos da deriva genética podem ser elucidados, trazendo uma limitação ao melhoramento das populações e, também, alterando a variabilidade genética, comprometendo futuros ciclos de seleção (Freitas Júnior et al., 2013; Ribeiro et al., 2012).

A literatura reporta que o método tem sido utilizado e se mostrado eficiente no melhoramento de populações de milho comum, milho-pipoca e maracujazeiro (Ribeiro et al., 2012; Freitas Júnior et al., 2013). No melhoramento do mamoeiro a seleção recorrente é inédita em nível nacional e internacional com perspectiva de sucesso na obtenção de novos genótipos superiores.

### **3.1.2.6. Repetibilidade como ferramenta no melhoramento de fruteiras**

No melhoramento genético de fruteiras as características de interesse são expressas mais de uma vez em um mesmo indivíduo, gerando medidas repetidas no tempo ou no espaço. No mamoeiro, em tendo ciclo relativamente longo, nove meses entre o plantio e a primeira colheita, é comum dividir o período de produção de frutos em pelo menos três épocas, compreendidas a partir da frutificação aos 270, 360 e 450 dias após o plantio, quando os frutos são contados.

A avaliação genética em fruteiras deve basear-se em modelos estatísticos que considerem o efeito de ambiente permanente, bem como o parâmetro associado à correlação fenotípica entre medidas repetidas em um mesmo indivíduo, o qual é chamado de repetibilidade (Viana e Resende, 2014). A repetibilidade expressa a proporção de variância de medidas simples, que é causada pelas diferenças permanentes ou não, localizadas entre indivíduos, tanto genética como de ambiente (Falconer, 1987).

A capacidade de expressar a variância média de determinado número de medidas correspondentes às variações genotípicas, é um fator importante na repetibilidade, assim como, aquelas proporcionadas pelas alterações dos efeitos permanentes do ambiente, como a proporção da variância fenotípica total. Desta forma, o ganho em acurácia na estimação do valor fenotípico de uma característica, pode ser relacionado com a repetibilidade e com o número de medições (Falconer e Mackay, 1996). A repetibilidade difere bastante, de acordo com a natureza da característica, e também com as propriedades genéticas da população, e as condições de ambiente sob as quais os indivíduos são mantidos (Falconer, 1987).

A repetibilidade é de grande importância em programas de melhoramento de fruteiras, à medida que, permite estimar o número de medidas necessárias para selecionar genótipos superiores com maior eficiência, com economia de custos, tempo e mão de obra, além de permitir ao melhorista avaliar se os genótipos selecionados, visando determinada característica, irão manter sua superioridade indefinidamente (Cruz et al., 2014). A aplicação da análise de repetibilidade na descrição de genótipos de espécies perenes como laranja (Negreiros et al., 2008), dendê (Chia et al., 2009), bacuri (Silva et al., 2010), ameixa (Danner et al., 2010), pêssigo (Della Bruna et al., 2012), mamão (Luz et al., 2015; Cortes, 2017b).

### **3.1.2.7. REML/Blup no melhoramento de fruteiras**

O uso da metodologia de Modelos Mistos, também denominado REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada), tem auxiliado consideravelmente os programas de melhoramento do mamoeiro, a medida que, permite a predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos à seleção, propiciando uma seleção mais acurada (Resende et al., 2006). Esta metodologia proporciona flexibilidade de análises e permite contornar dificuldades causadas pelo desbalanceamento por perda de parcela, fato muito comum na cultura do mamoeiro.

O procedimento REML/BLUP tem sido aplicado a aceroleira (Paiva et al., 2007); cajueiro (Cavalcanti et al., 2007); cacauzeiro (Resende e Dias, 2000); citrus (Pompeu Júnior et al., 2012); coqueiro (Farias Neto et al., 2009); cupuaçuzeiro (Maia et al., 2011), macieira (Kouassi et al., 2009); mangueira (Hardner et al., 2012); maracujazeiro (Ferreira et al., 2016); e pessegueiro (Della Bruna et al., 2012). No mamoeiro, o procedimento REML/BLUP foi aplicado com sucesso no

melhoramento da cultura por Oliveira et al., 2012; Pinto et al., 2013; Ramos et al., 2014, Luz et al., 2015; Cortes, 2017b.

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

### **3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1.3.1. Material vegetal**

Foram avaliados 254 indivíduos da população base UCP-C0 do programa de seleção recorrente de famílias endogâmicas de mamoeiro. A UCP-C0 foi obtida a partir do cruzamento entre cinco progênies, advindas de uma população dióica, como genitoras femininas (M1, M2, M3, M4 e M5), resistente a pinta-preta (*Asperisporium caricae*) e a mancha-de-phoma (*Stagonosporopsis carica*), e uma mistura de pólen de cinco genótipos elites, UC-SS72-12, UC-JS12, UC-Sekati, UC-36/7 e UC-41/7, sendo quatro genótipos do grupo heterótico Formosa e um do grupo Solo.

#### **3.1.3.2. Local de condução do experimento**

O experimento foi conduzido na área experimental da empresa Caliman Agrícola S.A, localizada no município de Linhares, Espírito Santo, situada entre os paralelos 19° 06' e 19° 18' de latitude sul e entre os meridianos 39° 45' e 40° 10' de longitude oeste. O clima da região é do tipo Awi de Koppen (tropical úmido), com chuvas no verão e inverno seco, o relevo é plano formando platôs litorâneos.

No período de condução do experimento, a precipitação média foi de 0,08 mm, a temperatura média de 23,6°C e a umidade relativa média do ar de 73,82%, considerado um alto déficit hídrico na região durante o período de avaliação (INMET, 2017) (Tabela 1).

**Tabela 1.** Variáveis climáticas médias observadas nas épocas de avaliação em 2017, em Linhares / ES (INMET, 2017).

Época	T <sup>°m</sup>	UR	Ppm
Verão	26.49	70.74	0.06
Outono	24.45	75.40	0.11
Inverno	20.80	75.32	0.05
<b>Média</b>	<b>23.91</b>	<b>73.82</b>	<b>0.08</b>

Tm (°C): temperatura média; UR (%): umidade relativa média; Ppm (mm): precipitação média em milímetros.

As plantas foram transplantadas, em setembro de 2016, mantendo um espaçamento de 3,60 m entre fileira e de 1,50 m entre plantas na fileira, com três mudas por cova, sendo realizada a sexagem após três meses de transplante mantendo apenas as plantas hermafroditas. Os tratos culturais utilizados foram os mesmos empregados pela empresa Caliman Agrícola S/A nas lavouras comerciais e sistema de irrigação do tipo microaspersão.

### 3.1.3.3. Características avaliadas

A porcentagem de frutos pentândricos (%FP), carpelóides (%FC), bananóides (%FB) (Figura 1) e de nó sem frutos (%NSF), o qual infere a esterilidade de verão, foram inferidas



**Figura 1.** Frutos deformados de mamoeiro: a) Fruto bananóide; b) Fruto carpelóide; c) Fruto pentândrico. Linhares/ES, 2017.

As características foram avaliadas pela metodologia fenotípagem digital, validada e descrita por Cortes et al (2017a), utilizando uma câmera digital Sony DSCHX 300. Cada planta foi fotografada em duas posições diferentes, uma perpendicular à ela, considerando o eixo da fileira, e a outra considerando o lado

oposto da mesma planta utilizada na imagem. As imagens foram obtidas há uma distância de 2,5 m da linha da planta. Ambas as imagens foram usadas para estimar o número de frutos deformados total (NFD) e número de nó sem fruto (NSF), sendo analisadas com a ajuda do programa de processamento de imagem de domínio público *ImageJ* v1.50c, usando o plugin *Cell Counter*. Em cada planta fotografada, uma régua foi colocada como referência para facilitar a calibração, utilizando a escala do conjunto de funções do *software*.

O potencial produtivo do genótipo foi estimado a partir do número de frutos deformados (NFD) e o número de nós sem frutos (NSF) em relação à soma entre o número total de frutos, que é a soma do número de frutos deformados e comerciais, e número de nós sem frutos (NFT + NSF). A incidência das anormalidades florais foi estimada como NFD e NSF em relação à soma das anormalidades totais (SOM).

Três avaliações foram realizadas, a primeira aos seis meses após o transplântio, em março de 2017, a segunda aos nove meses, em junho de 2017, e a terceira aos doze meses, após o transplântio, em setembro de 2017, em que os frutos obtidos correspondem às estações de verão, outono e inverno, respectivamente.

### **Análise dos dados**

Após a coleta de dados das três épocas, as variáveis estimadas para potencial produtivo e incidência das anomalias, foram analisadas utilizando a metodologia dos modelos lineares mistos, mediante o procedimento REML (máxima verossimilhança restrita) para estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos, e pelo Blup (melhor preditor linear não viciado) para estimar os valores fenotípicos permanentes.

$$y = Xm + Wp + \varepsilon$$

Em que:

$y$  = é o vetor de observações;

$m$  = o vetor dos efeitos de medição (assumidos como fixos) somados à média geral;

$p$  = o vetor dos efeitos permanentes de plantas (efeitos genotípicos + efeitos de ambiente permanente, assumidos como aleatórios);

$\varepsilon$  = é o vetor dos resíduos (aleatórios).

$X$  e  $W$  = representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Este é um modelo básico de repetibilidade para experimentos sem delineamento experimental, sendo apropriado para as condições experimentais adotadas no estudo. O referido modelo foi analisado utilizando o software Selegen-REML/Blup conforme apresentado por Resende (2016).

Foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson entre as variáveis de anomalias, e suas significâncias, testados pelo t ( $p < 0,01$ ) no programa Genes (Cruz, 2014).

$$TA = [0.612 \times (V1 + V3) + 0.388 \times (V2 + V4)]$$

Onde:

$$V1 = \mu \%NFD/NFT + NSF$$

$$V2 = \mu \%NSF/NFT + NSF$$

$$V3 = \mu \%NFD/SOM$$

$$V4 = \mu \%NSF/SOM$$

### 3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com o observado nas três épocas avaliadas, a anormalidade de maior incidência, em termos percentuais médios, foi a esterilidade de verão, inferida pelo número de nós sem frutos (NSF) (Tabela 2). Tal como observado nos trabalhos de Damasceno Júnior et al. (2008) e Silva et al. (2007b), que concluíram que há um aumento na esterilidade de verão entre dezembro e março nos meses com temperaturas mais altas, e nos meses com temperaturas mais amenas, julho, agosto e setembro, houve um aumento acentuado de carpelódia e pentandria.

A época de menor incidência de esterilidade de verão foi o inverno, inferindo que houve uma menor reversão sexual durante o esse período, corroborando com o encontrado por Damasceno Júnior et al. (2008), no qual avaliando o comportamento floral em híbridos e genótipos elite de mamoeiro, concluíram que o número de flores hermafroditas foi mais influenciado por fatores ambientais do que por fatores genéticos no verão, de acordo com os coeficientes de determinação genotípicos ( $H^2$ ) estimados ( $H^2 = 30,72\%$ ), enquanto que o número de flores masculinas mostrou-se mais influenciado por fatores genéticos do que ambientais

nas duas épocas avaliadas, inverno e verão. Assim sendo, sugeriram que a seleção de plantas com maiores taxas de NFH e menores taxas de NFM fosse realizada no inverno, podendo afirmar que as flutuações ambientais são responsáveis pela variação no número de flores hermafroditas perfeitas.

Durante as épocas de avaliação foram observados também frutos com formato alongados, os quais tiveram uma maior deposição de sementes na parte basal da parede ovariana, se assemelhando a forma de uma banana, assim os frutos são conhecidos como bananóides. No entanto, a porcentagem de frutos bananóides foi maior no inverno (Tabela 2), que são dados referentes aos meses de junho, julho e agosto, o que pode ser devido ao déficit hídrico nesse período e a pouca deposição de grão de pólen no estigma da flor.

Em se tratando dos frutos carpelóides, o outono foi a época de maior ocorrência, corroborando com o estudo de Arkle Junior et al. (1984) no qual observaram que nas condições ambientais do Havaí, a maior incidência de carpeloidia ocorreu no outono e no inverno, quando as temperaturas são mais amenas.

Tamaki et al. (2011) analisaram as variações sazonais na frequência de anomalias florais, produção de frutos, capacidade de germinação de pólen, e na função reprodutiva dos pistilos e concluíram que a esterilidade de verão e os frutos deformados ocorreram em temperaturas altas (25,6 a 30,5°C) e baixas (16,9 a 18,1°C), respectivamente. O mesmo resultado foi encontrado no presente trabalho, em que a esterilidade de verão ocorreu em maior intensidade a temperatura de 26,49°C, a 20,8°C houve maior frequência de frutos deformados, principalmente pentândria.

A porcentagem média de frutos pentândricos, foi maior no inverno, corroborando com o trabalho de Damasceno Junior et al. (2008), no qual, embora não tenha sido observada diferença significativa entre as duas épocas, na primavera apresentou maior média, indicando aumento nas taxas de carpeloidia e pentandria durante os meses mais frios do ano.

**Tabela 2.** Porcentagem de frutos pentândricos (%FP), de carpelóides (%FC) e de bananóides (%FB) e nó sem frutos (%NSF) em relação às médias das três épocas de avaliação. Linhares/ES, 2017.

<b>ÉPOCA</b>	<b>%FP</b>	<b>%FC</b>	<b>%FB</b>	<b>%NSF</b>
<b>Verão</b>	6,14	7,44	13,26	73,16
<b>Outono</b>	20,11	11,23	27,87	40,79
<b>Inverno</b>	44,62	5,31	35,16	14,90
<b>Média</b>	23,63	7,99	25,43	42,95

A variância ambiental temporária (Vet) representou a maior proporção de variância fenotípica individual (Vf) para as quatro características. O Vet representa a variação ambiental temporária associada aos efeitos ambientais efêmeros manifestados em cada mensuração, consideradas as avaliações realizadas, como os efeitos das flutuações climáticas de ano para ano e suas interações com os efeitos da planta (Viana e Resende 2014) (Tabela 3).

Os coeficientes de repetibilidade individual ( $\rho$ ) foram de baixa magnitude ( $0,10 \leq \rho \leq 0,29$ ) para NFD / NFT + NSF, NDF / SOM e NSF / SOM e intermediário (0,42) para % NSF / NFT + NSF. O coeficiente de repetibilidade baseado na média dos três períodos de avaliação ( $\rho_m$ ) exibiu baixa magnitude para NFD / NFT + NSF (0,26), sugerindo a necessidade de maior número de medidas repetidas para aumentar ganhos na precisão da estimativa real do valor genético dos indivíduos. Para NSF / NFT + NSF, NFD / SOM e NSF / SOM,  $\rho_m$  foi intermediário ( $0,30 \leq \rho_m \leq 0,60$ ), proporcionando certa regularidade entre as medidas e evidências de efeitos ambientais aleatórios na expressão dessa característica (Resende, 2002).

Cruz et al. (2014) afirmaram que a repetibilidade varia com a natureza da característica, com as propriedades genéticas da população e com as condições de ambiente sob as quais os indivíduos são mantidos. Assim sendo, no presente estudo, a baixa magnitude pode ser explicada devido à população ser constituída por plantas que se encontram segregando para as características avaliadas, de natureza quantitativa, podendo ser muito influenciadas pelas condições ambientais que afetam os indivíduos, resultando em uma variação na expressão desses caracteres de uma época de avaliação para outra.

Luz et al. (2015) realizando oito medidas para avaliar características morfoagronômicas em híbridos de mamoeiro, estimaram coeficientes de repetibilidade por quatro métodos, e obtiveram, para número de frutos comerciais, resultados variando de 0,41 a 0,69, os quais são considerados de magnitude

intermediária e elevada, respectivamente, sendo essa característica influenciada diretamente por frutos deformados e esterilidade de verão na produção final. As diferentes magnitudes para o coeficiente de repetibilidade encontradas por Luz et al. (2015) e no presente podem ser devido a natureza da característica, e também à estrutura genética dos genótipos avaliados nos dois estudos. Desta forma, híbridos triplos são mais uniformes geneticamente do que indivíduos de população segregante, haja vista a existência de uma maior heterogeneidade genética.

Por outro lado, Cortes (2017b), avaliando também características morfoagronômicas em indivíduos de uma população segregante  $F_2$  de mamoeiro, obteve para número de frutos comerciais repetibilidade com magnitudes consideradas baixas ( $0,12 \leq \rho \leq 0,29$ ), corroborando com os resultados encontrados para as três das características avaliadas (NFD/NFT+NSF, NFD/SOM e NSF/SOM) que se remetem a frutos deformados, podendo ser explicado pela natureza da estrutura genética da população segregante em ambos os estudos.

Os valores encontrados para acurácia da seleção baseada na média de  $m$  medidas repetidas ( $A_{cm}$ ) variaram de 0,51 a 0,74 (Tabela 2), sendo as características de magnitudes medianas. Este parâmetro expressa a correlação entre o valor genotípico real dos genótipos e aquele predito a partir das informações obtidas dos experimentos de campo, sendo mais alto quanto menores forem os desvios absolutos entre esses valores. De acordo com Resende (2007), o ideal é que os valores de acurácia sejam superiores a 0,7, pois altas acurácias indicam que a precisão da seleção praticada nas progênies será alta.

Com base nas médias calculadas via REML para as variáveis analisadas na população segregante, a variável que obteve a maior média foi a NFD / SOM (61,20). Portanto a deformação dos frutos foi a anormalidade de maior relevância nos três períodos estudados (verão, outono e inverno). Este resultado difere do encontrado por Damasceno Junior et al. (2008), no qual concluíram que a esterilidade do verão teve maior influência na redução da produção, também com base na média encontrada no verão e na primavera, porém avaliaram o comportamento floral dos híbridos de mamão, enquanto no presente estudo avaliou-se frutos.

As variáveis NFD / NFT + NSF e NSF / NFT + NSF; NFD / NFT + NSF e NSF / SOM; e NSF / NFT + NSF e NFD / SOM apresentaram correlações não significativas (Tabela 4), o que sugere que sejam variáveis independentes, ou seja,

elas podem ser usados simultaneamente para reduzir a ocorrência de anormalidades florais. Além disso, podemos inferir que, possivelmente, não são governadas por genes pleiotrópicos ou ligados, o que poderia minimizar a eficiência de reduzir tanto o número de nós sem frutos quanto os frutos deformados na população. Já Damasceno Junior et al. (2018) obtiveram uma correlação negativa e significativa entre a esterilidade de verão (NSF) e o número de frutos de carpelóides (NFC), o que poderia ocasionar problemas de seleção, uma vez que indivíduos com menor incidência de NSF podem produzir mais frutos de carpelóides.

**Tabela 3.** Estimativas de repetibilidade para o potencial produtivo dos fenótipos e anomalias florais, avaliados via REML em população base da seleção recorrente de mamoeiro. Linhares/ES, 2017.

<b>Características</b>	<b>Vfp</b>	<b>Vet</b>	<b>Vf</b>	<b>P</b>	<b>pm</b>	<b>Acm</b>	<b>Média</b>
<b>NFD/NFT+NSF</b>	14,66	125,69	140,35	0,10	0,26	0,51	30,35
<b>NSF/NFT+NSF</b>	120,31	167,74	288,05	0,42	0,42	0,83	24,21
<b>NFD/SOM</b>	83,79	207,85	291,63	0,29	0,55	0,74	61,20
<b>NSF/SOM</b>	83,79	207,85	291,64	0,29	0,55	0,74	38,80

Vp: variância fenotípica permanente entre plantas; Vet: variância de ambiente temporário; Vf: variância fenotípica individual; p= repetibilidade individual; pm= repetibilidade da média de m medidas repetidas; Acm: acurácia da seleção baseada na média de m medidas repetidas; Média geral do experimento.

Para NFD/NFT + NSF e NFD/SOM, foi obtido uma correlação positiva e significativa, ou seja, quanto maior for NFD em relação ao potencial produtivo (NFT + NSF), maior será o NFD em relação a ocorrência das anomalias (SOM), sendo diretamente proporcional (Tabela 4).

Houve também uma correlação positiva significativa entre NSF / NFT + NSF e NSF / SOM, indicando que a incidência de esterilidade de verão na população estudada está diretamente ligada ao potencial produtivo da planta, o que é esperado, já que ocorre o aborto da flor e não será produzido fruto, formando o nó sem frutos (Tabela 4).

Na análise das variáveis NFD/ SOM e NSF / SOM, foi encontrada uma correlação negativa significativa, inferindo que são variáveis inversamente

proporcionais, ou seja, não seria possível minimizar a incidência de NFD e NSF ao mesmo tempo, pois quanto menor a NFD, maior o NSF (Tabela 4).

**Tabela 4.** Estimativa dos coeficientes de correlação de Pearson para as diferentes variáveis. Linhares/ES, 2017.

Variáveis	NFD/NFT + NSF	NFS/NFT + NSF	NFD/SOM	NSF/SOM
<b>NFD/NFT + NSF</b>	1	0,066	0,511**	0,028
<b>NFS/NFT + NSF</b>		1	- 0,145	0,313**
<b>NFD/SOM</b>			1	- 0,369**
<b>NSF/SOM</b>				1

NFD/NFT + NSF=Número de frutos deformados/número de frutos totais somados a nó sem fruto; NFS/NFT + NSF= Nó sem fruto/número de frutos totais somados a nó sem fruto; NFD/SOM= Número de frutos deformados/soma das anomalias; NSF/SOM= Nó sem fruto/soma das anomalias; \*\*: Significativo a 1% de probabilidade pelo teste t.

No presente estudo foi possível observar genótipos que apresentaram maior estabilidade às flutuações de temperatura durante os três períodos de avaliação, corroborando com o encontrado por Silva et al. (2007b), trabalhando com expressão sexual em populações segregantes de mamão (Tabela 5).

Com base nas anormalidades totais (AT), foram selecionados 30 indivíduos superiores para as características avaliadas na população segregante. A seleção de genótipos com ocorrência mínima de frutos deformados e a esterilidade do verão devem ser um dos objetivos dos programas de melhoramento do mamoeiro (Tabela 5).

**Tabela 5.** Ranqueamento de 30 indivíduos, de acordo com as anomalias totais (AT). Linhares/ES, 2017.

PROG	$\mu$ % NDF/ NFT+ NWF	$\mu$ % NSF / NFT+ NSF	$\mu$ %NFD/ SOM	$\mu$ %NSF/ SOM	AT
<b>137</b>	14.59	10.37	10.42	22.92	28.22
<b>224</b>	13.52	14.50	10.42	22.92	29.17
<b>88</b>	8.98	25.40	9.52	23.81	30.42
<b>227</b>	11.25	25.39	16.67	16.67	33.41
<b>134</b>	16.47	31.15	11.90	21.43	37.77
<b>203</b>	25.61	10.74	25.81	7.53	38.56
<b>228</b>	30.93	17.96	5.56	27.78	40.07
<b>159</b>	9.96	8.54	29.80	36.86	41.95
<b>198</b>	7.79	17.64	26.19	40.48	43.35
<b>138</b>	11.87	12.37	26.86	39.81	43.94
<b>232</b>	34.20	20.98	16.67	16.67	45.73

Tabela 5. Cont.

PROG	$\mu$ % NDF/ NFT+ NWF	$\mu$ % NSF / NFT+ NSF	$\mu$ %NFD/ SOM	$\mu$ %NSF/ SOM	AT
230	9.48	24.16	22.96	43.70	46.19
226	9.30	16.24	38.26	28.41	46.43
29	9.85	12.37	46.73	19.94	47.16
48	14.08	15.61	32.58	34.09	47.84
229	11.73	16.05	38.63	28.03	47.93
80	17.41	18.40	21.67	45.00	48.51
76	15.94	16.78	30.51	36.15	48.97
140	17.28	10.36	38.62	28.04	49.11
142	18.80	14.04	28.63	38.04	49.24
11	12.17	20.38	37.78	28.89	49.68
193	15.84	21.00	27.27	39.39	49.81
233	18.11	18.55	28.21	38.46	50.46
209	13.49	24.53	32.86	33.81	51.00
202	17.41	25.30	23.02	43.65	51.49
169	19.34	15.69	34.44	32.22	51.50
205	18.15	13.70	41.08	25.59	51.49
34	18.93	15.71	37.11	29.55	51.86
75	20.63	24.58	19.44	47.22	52.38
225	14.44	25.00	41.08	25.59	53.61

$\mu$ NFD/NFT + NSF= Média do número de frutos deformados/ número de frutos totais somados a nó sem fruto;  $\mu$ NFS/NFT + NSF= Média do número de nó sem fruto/número de frutos totais somados a nó sem fruto;  $\mu$ NFD/SOM= Média do número de frutos deformados/soma das anomalias;  $\mu$ NSF/SOM= Média de nó sem fruto/soma das anomalias.

A classificação dos indivíduos comprova a existência de variabilidade na população segregante, um dos principais objetivos do melhoramento do mamão é aumentar a base genética da cultura, visando ao desenvolvimento de genótipos superiores e, dentre outras características morfo-agronômicas desejáveis, uma incidência reduzida de frutos deformados e esterilidade de verão, satisfazendo as necessidades do mercado interno e externo.

### 3.1.5. CONCLUSÃO

A esterilidade de verão, o principal problema no cultivo do mamoeiro, foi a anormalidade floral de maior incidência na população base em estudo nas épocas de avaliação. Os coeficientes de repetibilidade variaram de baixos a intermediários,

devido à natureza quantitativa das características avaliadas, que são altamente influenciadas pelo ambiente. As correlações não significativas entre as características NFD / NFT + NSF e NSF / NFT + NSF; NFD / NFT + NSF e NSF / SOM; e NSF / NFT + NSF e NFD / SOM indicam que as variáveis são independentes, ou seja, genótipos com baixa incidência de esterilidade de verão, não tendem a uma alta produção de frutos deformados. Dos 254 indivíduos avaliadas, 30 foram identificadas por apresentarem menor ocorrência de anormalidades florais totais, o qual é um dos interesses dos programas de melhoramento de mamão, juntamente com o elevado potencial agrônômico para produção e resistência a doenças.

## **3.2. EMPREGO DO ÍNDICE DE SELEÇÃO EM GENÓTIPOS DE MAMOEIRO VISANDO A REDUÇÃO DE ANOMALIAS FLORAIS**

### **3.2.1. INTRODUÇÃO**

A seleção de genótipos superiores depende da existência de variabilidade genética na população de trabalho e da resposta favorável simultânea para diversas características de importância agronômica, sendo a metodologia do índice de seleção a mais apropriada. Nas gerações segregantes derivadas de hibridações entre genitores contrastantes é possível selecionar linhagens superiores.

Segundo Allard (1971), são de grande importância o conhecimento do germoplasma, a variabilidade genética disponível na população de trabalho e o potencial agronômico dos genótipos. Desta forma, pode-se empregar um processo seletivo que proporcione ganhos genéticos expressivos, de maneira que o melhoramento genético se torne viável.

Smith (1936) e Hazel (1943) propuseram inicialmente a aplicação do índice de seleção como finalidade a selecionar vários caracteres simultaneamente. Geralmente, esses índices são construídos a partir de estimativas de parâmetros genéticos e médias fenotípicas obtidas pelo método de análise de variância (Pedrozo et al., 2009).

A exploração da variabilidade genética existente no gênero *Carica* pode revelar recursos genéticos relevantes, os quais contribuirão para o

desenvolvimento de novas variedades para o aumento da competitividade e da sustentabilidade no sistema de produção da cultura (Dantas e Lima, 2001).

O melhoramento genético pode contribuir efetivamente para aumentar a disponibilidade de híbridos no mercado nacional, com menor custo de aquisição de sementes, maior produtividade, melhoria na qualidade e no aspecto do mamão, permitindo a obtenção de um produto final de melhor qualidade, com características físico-químicas e sensoriais superiores, com redução dos custos de produção e garantia de maior competitividade (Oliveira et al., 2012).

O presente trabalho teve por objetivo realizar a seleção combinada na população base UCP-C0 do programa de seleção recorrente de mamoeiro UENF/CALIMAN, visando gerar uma única variável que permita selecionar os 30 genótipos superiores para a característica de fruto.

### 3.2.2. REVISÃO

#### 3.2.2.1. Índices de seleção no melhoramento de plantas

A seleção consiste em uma ferramenta de grande importância, pois a obtenção de genótipos superiores passa pela seleção e recombinação de famílias e indivíduos (Martins et al., 2006). Para obtenção de genótipos consideráveis superiores de fato, é necessário que o material vegetal selecionado reúna, simultaneamente, diversos atributos favoráveis, os quais lhe confira rendimento comparativamente mais elevado aos já disponíveis no mercado, satisfazendo as exigências tanto do consumidor quanto do produtor. Para tanto, uma forma de alcançar o êxito em um programa de melhoramento é por meio da seleção simultânea de um conjunto de caracteres de relevância econômica.

As alternativas de seleção de diversos caracteres se agrupam em três metodologias: Método de *Tandem*, Método dos níveis independentes de eliminação e Método do índice de seleção (Bernardo, 2010). O método de *Tandem* é baseado na seleção de uma característica por vez, ignorando o efeito indireto dessa seleção sobre as demais, até que a principal característica considerada atinja o nível desejado. Só a partir daí que outra característica passa a ser considerada no processo de seleção. Esse método tem a desvantagem de reduzir a eficiência em

selecionar indivíduos/progênes superiores se os caracteres de interesse forem correlacionados e os pesos econômicos e as variâncias fenotípicas dos caracteres forem diferentes. Além disso, é um procedimento muito demorado e de eficiência duvidosa (Ramalho et al., 2012). O Método dos níveis independentes de eliminação consiste em determinar níveis mínimos e máximos para cada característica, de maneira que a seleção seja realizada entre os indivíduos/progênes, cujo desempenho se enquadre entre o desejado e o limite previamente estabelecido (Ramalho et al., 2012). No que diz respeito aos índices de seleção, são dados como combinações lineares que permitem a seleção para vários caracteres simultaneamente, ocasionando o melhoramento das populações para o seu conjunto de características (Garcia e Souza Júnior, 1999).

Na literatura se tem dois grupos de índices de seleção, os denominados como paramétricos e os como não-paramétricos. Os índices paramétricos requerem a estimação dos parâmetros: covariância, variâncias genéticas e fenotípicas, e de pesos econômicos relativos aos vários caracteres de acordo com sua relevância na seleção, pré-estabelecidos. Como exemplos desses índices têm: os índices de Pesek e Baker (1969) e Smith et al. (1981). Já para os índices não-paramétricos, não é necessário que se estime os parâmetros requeridos no paramétrico, podendo, dessa maneira, serem aplicados, tanto a amostras aleatórias, quanto fixas. Assim, tais índices podem ser utilizados, tanto para avanço de gerações segregantes como nas fases finais dos programas de melhoramento na comparação de cultivares ou pré-cultivares, as quais precisam ser comparadas com rigor estatístico. Tendo como exemplo: Elston (1963), Schwarzbach, citado por Wricke e Weber (1986) e Mulamba e Mock (1978) (Garcia e Souza Júnior, 1999, Lessa et al., 2010; Cruz et al., 2014).

O primeiro índice de seleção, conhecido como índice clássico, proposto por Hazel (1943) e Smith (1939) para ser utilizado em animais. Este índice consiste numa combinação linear dos valores fenotípicos dos vários caracteres de interesse. Estima-se esse índice de seleção ( $I$ ), a partir da seguinte equação:

$$I_{SH(i)} = \sum_{k=1}^n w_k \bar{y}_{ik} = w_1 \bar{y}_{i1} + w_2 \bar{y}_{i2} + \dots + w_n \bar{y}_{in}$$

Onde:

$I_{SH(i)}$ : valor do índice associado ao indivíduo/progênie  $i$ ;

$w_k$ : coeficiente de ponderação ou peso para o caráter  $k$ ;

$\bar{y}_{in}$ : média fenotípica ajustada do indivíduo/progênie  $i$  relativo ao caráter  $k$ .

Neste método a dificuldade de aplicação se encontra na obtenção dos valores de  $w_k$ . Os pesos são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice de seleção e a combinação linear dos valores genéticos ponderados por pesos econômicos (Cruz & Carneiro, 2006). O estimador dos  $w_k$  na forma matricial é dado por:

$$w = F^{-1} \times G \times u$$

Onde:

$w$ : vetor  $n \times 1$  dos valores de  $w_k$ ;

$F^{-1}$ : inversa da matriz  $n \times n$  das variâncias e covariâncias fenotípicas médias entre caracteres dois a dois associada aos indivíduos/progênie;

$G$ : matriz das variâncias e covariâncias genéticas entre caracteres dois a dois;

$u$ : vetor  $n \times 1$  de pesos econômicos ( $uk$ ) associados aos caracteres.

No índice proposto por Hazel (1943) e Smith (1939) a eficiência do está associada à obtenção de estimativas reais de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas de caracteres distintos. Outro fator importante é a questão do peso econômico atribuído a cada caráter (Ramalho et al., 2012). Uma vez estabelecido o índice, o interesse é quantificar o ganho de seleção em cada caráter avaliado e, ou, no conjunto. O ganho esperado para o caráter  $j$ , quando a seleção é praticada sobre o índice, é expresso por:

$$\Delta g_{(ji)} = DS_{(ji)} h_j^2$$

Onde:

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

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

$h_j^2$ : herdabilidade do caráter  $j$ .

A teoria básica apresentada por Smith (1936) e Hazel (1943) tem o índice de seleção como um caráter adicional que, quando utilizado para a seleção, possibilita maximizar os ganhos simultaneamente em todos os caracteres avaliados. Entretanto, esse índice apresenta duas grandes limitações, a primeira é que o ganho genético para um determinado caráter não pode ser particularizado, uma vez que a função de maximização é derivada sem nenhuma restrição; a segunda é que podem ocorrer respostas indesejáveis nos caracteres individuais dentro do agregado fenotípico, principalmente quando esses caracteres são geneticamente correlacionados com caracteres que têm valores econômicos altos, alta herdabilidade ou alta variância genética (Cruz & Carneiro, 2006). A fim de extinguir essas limitações, foram desenvolvidos outros índices de seleção, como o índice base ( $I_w$ ) proposto por Willians (1962) considera apenas os pesos econômicos associados aos caracteres, em uma combinação linear de seus valores fenotípicos médios (Resende, 2007; Cruz & Carneiro, 2006)

### **3.2.2.2. Índice de seleção em populações segregantes**

Em programas de melhoramento de plantas, a seleção de genótipos baseada em apenas uma característica geralmente não é a melhor alternativa, uma vez que o valor genético dos genótipos está estreitamente relacionado a várias características de interesse. Com isso, para a obtenção de cultivares superiores, é necessário que o genótipo selecionado reúna, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis que satisfaçam as exigências dos pesquisadores, produtores e consumidores (Cruz & Carneiro, 2006).

De acordo com Borém (2001), o índice de seleção consiste em uma função linear dos valores fenotípicos de diferentes características, sendo que cada uma é ponderada por um coeficiente. A importância do índice de seleção se dá, uma vez que, permitem a avaliação de todas as informações disponíveis, atribuem diferentes pesos aos caracteres estudados e valorizam caracteres julgados de maior importância pelo pesquisador (Cruz et al., 2014).

Cruz et al. (2014) afirmam que, a possibilidade de predição dos ganhos obtidos por uma estratégia de seleção é uma das principais contribuições da genética quantitativa. A partir destas informações, é possível orientar de forma mais eficiente um programa de melhoramento, predizer o sucesso do modelo seletivo

adotado e decidir, com base científica, por técnicas alternativas que possam ser mais precisas.

Várias técnicas de seleção já foram utilizadas no mamoeiro com diferentes resultados. Ramos et al. (2014) desenvolveram estratégias de seleção combinada para as principais características agrônômicas em populações derivadas de três gerações de retrocruzamentos (RC1, RC2 e RC3), levando em consideração tanto o valor fenotípico como o valor genético obtido pela metodologia dos modelos lineares mistos, via procedimento REML/BLUP, para identificação das melhores famílias.

Vivas et al. (2013) utilizando diferentes índices de seleção para agregar várias formas de avaliar a resistência de genótipos de mamoeiro a pinta-preta, observaram que o uso do índice, além de permitir a seleção das melhores progênes, oferece maior robustez, pois são agregadas as diferentes formas de avaliação da doença em um único índice.

Pinto et al. (2013), utilizando a técnica REML/BLUP na seleção de plantas, relataram que a associação entre valores genotípicos individuais e índice de seleção foi eficiente para selecionar progênes e plantas acima da média da população original. Ide et al. (2009) utilizou a seleção simultânea em híbridos de mamoeiro que agregassem alelos favoráveis a características da planta (altura, diâmetro do caule) e do fruto (número/planta, tamanho, peso, firmeza da polpa e da casca, teor de sólidos solúveis).

Silva et al. (2007b), ao estimar o ganho genético em uma população segregante de mamoeiro por meio da seleção combinada, verificaram ganhos satisfatórios em todos os tratamentos para a característica produção. Ao comparar diferentes estratégias para estimação do ganho genético, os autores verificaram que para alguns tratamentos segregantes a seleção direta para a produção de frutos comerciais foi tão efetiva quanto a seleção combinando seis característica simultaneamente.

De acordo com Oliveira et al. (2012) a variabilidade genética disponível nas populações segregantes de mamoeiro pode ser explorada para selecionar linhagens superiores, o que confere grande importância para os programas de melhoramento genético.

Segundo Vencovsky (1987) a estrutura genética da população avaliada pode inferir sobre o ganho genético, a medida que, quanto mais heterogênea, maiores

são as chances de ganho com a seleção, haja vista que este se baseia em diferenças genéticas.

### **3.2.2.3. Uso de seleção combinada**

A seleção baseada em uma única característica pode acontecer de forma direta em que se selecionam os indivíduos superiores para determinada característica em análise, e a indireta a qual consiste na seleção de características de alta herdabilidade e fácil mensuração, correlacionados com a principal, quando esta apresenta baixa herdabilidade ou é de difícil mensuração (Falconer, 1987).

No que diz respeito à seleção combinada tem-se uma alternativa de seleção, na qual se identificam genótipos superiores não apenas através de informações do indivíduo, mas também de sua família. Porém, a seleção, quando baseada em uma única característica, pode acarretar mudanças indesejáveis em outros caracteres importantes, devido à associação entre eles. No entanto, para que um material genético seja efetivamente dado como superior é necessário que este reúna simultaneamente uma série de características favoráveis, devido a isso um processo de melhoramento genético deve visar diversos atributos (Cruz & Carneiro, 2006).

## **3.2.3. MATERIAL E MÉTODOS**

### **3.2.3.1. Material vegetal**

Foram avaliados 254 indivíduos da população base UCP-C0 do programa de seleção recorrente de famílias endogâmicas de mamoeiro. A UCP-C0 foi obtida a partir do cruzamento entre cinco progênies, advindas de uma população dióica, como genitoras femininas (M1, M2, M3, M4 e M5), resistente a pinta-preta (*Asperisporium caricae*) e a mancha-de-phoma (*Stagonosporopsis carica*), e uma mistura de pólen de cinco genótipos elites, UC-SS72-12, UC-JS12, UC-Sekati, UC-36/7 e UC-41/7, sendo quatro genótipos do grupo heterótico Formosa e um do grupo Solo.

### **3.2.3.2. Local de condução do experimento**

O experimento foi conduzido na área experimental da empresa Caliman Agrícola S.A, localizada no município de Linhares, Espírito Santo, situada entre os paralelos 19° 06' e 19° 18' de latitude sul e entre os meridianos 39° 45' e 40° 10' de longitude oeste. O clima da região é do tipo Awi de Koppen (tropical úmido), com chuvas no verão e inverno seco, o relevo é plano formando platôs litorâneos.

No período de condução do experimento, a precipitação média foi de 0,08 mm, a temperatura média de 23,6°C e a umidade relativa média do ar de 73,82%, considerado um alto déficit hídrico na região durante o período de avaliação (INMET, 2017).

### 3.2.3.3. Características avaliadas

Três características foram mensuradas e utilizadas para selecionar indivíduos superiores aos seis meses após o transplântio, em março de 2017, aos nove meses, em junho de 2017, e aos doze meses, após o transplântio, em setembro de 2017. As características avaliadas foram: i) Número de nó sem fruto (NSF); ii) Número de frutos deformados; iii) Número de frutos comerciais (NFCo).

### 3.2.3.4. Índice de seleção

Foi realizada a seleção combinada dos 30 indivíduos superiores utilizando o Índice Fenotípico Padronizado (IF2) desenvolvido para a seleção de progênies no mamoeiro conforme Silva et al. (2008) e Ramos et al. (2014a), Consiste em um índice paramétrico que associa pesos às médias padronizadas das características em seleção, sendo utilizados no presente estudo, os valores fenotípicos. O estimador do índice expresso por:

$$IF2 = (VFt_1 \times p_1) + (VFt_2 \times p_2) + \dots + (VFt_n \times p_n)$$

Em que:

VFt = valores fenotípicos padronizados utilizando a seguinte equação:

$$\frac{(Xg - \bar{X}g)}{S\bar{X}g}, \text{ onde } Xg \text{ é o valor mensurado no indivíduo para a variável } x, \bar{X}g$$

é a média geral da variável, e  $S\bar{X}g$  é o desvio padrão.

p = peso agrônômico estabelecido para cada variável

Para três características estabelecendo-se pesos associados aos valores agrônômicos, como descritos a seguir: NSF (-100), NFD(-50), NFCo(100), os quais

correspondem ao número de nó sem fruto, número de frutos deformados, número de frutos comerciais, respectivamente. Os pesos foram definidos pela necessidade de acentuar ou reduzir os valores para as características em seleção. Os procedimentos necessários para construção dos índices de seleção foram realizados pelo Microsoft office Excel 2013.

### 3.3.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O índice mostrou-se coerente ao selecionar os indivíduos baseados em todas as características avaliadas, o que o qualifica como estratégia adequada a ser empregada na seleção de materiais genéticos superiores que apresentam valores satisfatórios tanto para minimização das anomalias florais e quando para produção (Tabela 1). Dessa forma, estão apresentados os resultados obtidos para esterilidade de verão, número de frutos deformados e número de frutos comerciais devido a sua importância para o melhoramento genético da cultura.

O indivíduo UCPC015-29 se sobressaiu aos demais pela seleção combinada, a partir da aplicação do índice. Quanto à esterilidade de verão o indivíduo UCPC015-51 apresentou menor número de nó sem fruto (4). O indivíduo UCPC015-182 se destacou por apresentar menor incidência de frutos deformados. Em relação ao número de frutos comerciais o indivíduo UCPC015-223 foi o mais produtivo (81).

Com base no ranque do índice foi realizada a seleção combinada de 30 indivíduos superiores para as características avaliadas. A eficiência do índice utilizado na seleção, portanto, é um caráter inerente à população avaliada e às condições experimentais estabelecidas no presente trabalho. Diante destes resultados, demonstra-se o considerável potencial genético que podem apresentar populações segregantes para desenvolver linhagens superiores para as características de interesse no melhoramento genético do mamoeiro. O índice indicado na última coluna se refere ao valor total do somatório das 3 características avaliadas.

Silva et al. (2006), ao compararem diferentes estratégias para estimação do ganho genético, verificaram que para alguns tratamentos segregantes a seleção

direta para a produção de frutos comerciais foi tão efetiva quanto a seleção combinando seis características simultaneamente.

De acordo com a Tabela 1, também foi possível se verificar um maior incremento na média com a seleção dos indivíduos superiores, a partir do índice aplicado, no número de frutos comerciais (NFCo), e uma diminuição na média de número de frutos deformados e da esterilidade de verão, inferida pelo número de nó sem frutos (NSF). O menor diferencial de seleção (DS) foi NSF (-6.78), sendo importante ressaltar que o sinal do DS indica se a seleção foi favorável ou não ao desejado pelo melhorista. Tais resultados são altamente relevantes para o melhoramento do mamão, considerando que um dos principais problemas da cultura consiste na ocorrência de anomalias florais.

**Tabela 1.** Ranqueamento de 30 genótipos e incremento da média da população base UCP-C0 através do índice de seleção para três características de importância no melhoramento do mamoeiro, Linhares/ES, 2017.

<b>GEN</b>	<b>NSF</b>	<b>NFD</b>	<b>NFCo</b>	<b>Índice IF2</b>
<b>UCPC015-29</b>	7.00	16.00	69.00	353.02
<b>UCPC015-166</b>	5.00	30.00	68.00	316.72
<b>UCPC015-183</b>	7.00	29.00	69.00	297.81
<b>UCPC015-162</b>	15.00	18.00	81.00	295.86
<b>UCPC015-222</b>	11.00	25.00	73.00	279.48
<b>UCPC015-36</b>	7.00	25.00	61.00	270.88
<b>UCPC015-175</b>	12.00	22.00	71.00	266.92
<b>UCPC015-209</b>	13.00	11.00	63.00	255.40
<b>UCPC015-38</b>	11.00	21.00	65.00	252.55
<b>UCPC015-141</b>	15.00	22.00	76.00	251.42
<b>UCPC015-182</b>	7.00	32.00	62.00	246.64
<b>UCPC015-47</b>	6.00	27.00	55.00	243.76
<b>UCPC015-94</b>	8.00	24.00	56.00	233.35
<b>UCPC015-53</b>	18.00	20.00	78.00	227.93
<b>UCPC015-186</b>	13.00	25.00	68.00	223.39
<b>UCPC015-79</b>	11.00	20.00	56.00	207.38
<b>UCPC015-69</b>	8.00	18.00	46.00	203.93
<b>UCPC015-200</b>	19.00	20.00	76.00	202.63
<b>UCPC015-240</b>	20.00	19.00	77.00	198.05
<b>UCPC015-223</b>	6.00	25.00	43.00	186.37
<b>UCPC015-33</b>	8.00	20.00	44.00	184.46
<b>UCPC015-144</b>	8.00	36.00	55.00	176.90
<b>UCPC015-18</b>	10.00	35.00	59.00	174.47
<b>UCPC015-51</b>	4.00	25.00	35.00	171.09
<b>UCPC015-188</b>	13.00	26.00	59.00	169.73

**Tabela 1. Cont.**

<b>GEN</b>	<b>NSF</b>	<b>NFD</b>	<b>NFCo</b>	<b>Índice IF2</b>
<b>UCPC015-140</b>	9.00	14.00	39.00	168.17
<b>UCPC015-61</b>	13.00	23.00	55.00	160.51
<b>UCPC015-197</b>	11.00	22.00	49.00	160.46
<b>UCPC015-145</b>	14.00	29.00	62.00	159.14
<b>UCPC015-16</b>	9.00	37.00	55.00	158.33
<b>Xs</b>	10.60	23.87	60.83	-
<b>X0</b>	17.38	25.78	39.34	-
<b>Ds</b>	-6.78	-1.91	21.50	-

GEN=genótipo; NSF= número de nó sem fruto; NFD= número de frutos deformados; NFCo= número de frutos comerciais; UCPC015= UENF Caliman population ciclo zero 15 (ano do cruzamento); IF2= índice fenotípico ponderado; X0= média inicial; Xs= nova média; Ds= desvio de seleção.

Resultados favoráveis têm sido encontrados usando este índice para selecionar genótipos promissores no programa de melhoramento genético de mamoeiro da Universidade Estadual Norte Fluminense Darcy Ribeiro (Silva et al., 2008; Pinto et al., 2013; Ramos et al., 2014a, Cortes, 2017b).

### 3.3.5. CONCLUSÃO

O índice de seleção favoreceu a seleção combinada de 30 indivíduos para três das principais características de interesse no melhoramento do mamoeiro, indicando o potencial genético no desenvolvimento de linhagens e/ou híbridos superiores com características relacionadas a produção, esterilidade de verão e frutos deformados, os quais englobam frutos pentândricos, carpelóides e bananoides. Dentre os indivíduos selecionados, o UCPC015-29 foi o que mais se destacou pela a seleção combinada.

### **3.3. VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE INDIVÍDUOS DA POPULAÇÃO BASE DO PROGRAMA DE SELEÇÃO RECORRENTE DE MAMOEIRO UENF/CALIMAN**

#### **3.3.1. INTRODUÇÃO**

O mamoeiro tem grande destaque econômico na fruticultura das regiões tropicais e subtropicais do mundo, sendo fortemente conhecido por seus benefícios nutricionais e medicinais. O Brasil no cenário internacional é considerado o segundo maior produtor, alcançando em 2014 uma produção de 1,6 milhões de toneladas, representando 12,7% da produção mundial (FAOSTAT, 2017).

O maior mercado importador do mamão brasileiro é o europeu, representado, principalmente, pelos países baixos, Portugal, Espanha, Reino Unido e Alemanha, seguido dos Estados Unidos (Carvalho et al., 2017).

Um programa de melhoramento genético, em fruteiras como o mamoeiro, envolve diversas etapas de implantação e execução de experimentos para a seleção de genótipos superiores, o que demanda mão de obra, recursos financeiros, além do fator tempo como um grande entrave para os melhoristas. No que diz respeito as fruteiras, a possibilidade de avaliar o desempenho das progênes *per se* em gerações iniciais de endogamia, é altamente relevante para os programas de melhoramento, devido permitir ao melhorista concentrar esforços e recursos nas combinações com maior potencial de melhoramento. Diante disso, a adoção de métodos de seleção adequados com uma elevada eficiência

experimental, tende a ocasionar a seleção de indivíduos superiores nas gerações iniciais.

A hibridação vem sendo uma estratégia amplamente adotada, tanto em alógamas quanto em autógamas, para expor a variabilidade genética em populações segregantes, a partir da recombinação entre indivíduos contrastantes, podendo proporcionar a seleção de genótipos superiores e aumentar a base genética da cultura. Assim sendo, a variabilidade genética disponível pode ser quantificada por meio de análises de diversidade, com a finalidade de auxiliar a identificação desses genótipos superiores e distantes geneticamente, para compor as próximas gerações de melhoramento. A distância genética pode ser mensurada a partir de características morfoagronômicas, morfológicas e moleculares, e estimada por vários métodos multivariados, tais como análise de componentes principais, variáveis canônicas e métodos aglomerativos (Kim e Ward, 1997; Bered et al., 2002).

Diante do exposto o presente trabalho teve como objetivo avaliar por meio de características morfoagronômicas a diversidade genética da população base UCP-C0 do programa de Seleção Recorrente UENF/Caliman.

### **3.3.2. REVISÃO**

#### **3.3.2.1 Divergência Genética e Variabilidade Genética**

A variabilidade genética é considerada como sendo a capacidade de uma espécie, de uma população ou de uma progênie expressar diferentes fenótipos (Ramalho et al., 2000), enquanto a divergência genética pode ser medida entre indivíduos, progênies, populações, espécies, cultivares ou qualquer outro tipo de unidade amostral e corresponde a diferenças nas frequências alélicas entre as unidades consideradas. Portanto, a variabilidade genética está diretamente relacionada com a divergência, uma vez que a amplitude da variabilidade em uma população segregante é função da divergência genética entre os pais envolvidos (Falconer, 1987).

Estudos sobre divergência genética são de grande relevância em trabalhos relacionados à conservação genética e a manutenção de bancos de germoplasma

(Paula, 2007). Dessa maneira, a identificação de acessos semelhantes em populações naturais e, ou bancos de germoplasma, pela análise de divergência, direcionam estudos de coleta de sementes e descarte de materiais redundantes (Martinello et al., 2002; Pereira et al., 2003).

Grande parte das espécies exploradas agronomicamente teve sua diversidade restringida devido à domesticação e ao melhoramento genético de plantas. A diversidade genética é considerada reduzida em cultivares de espécies autógamias devido ao seu modo de reprodução, bem como a sua domesticação fora do centro de origem, onde um número limitado de material vegetal foi levado pelos exploradores e serviram como a base genética das cultivares atuais (Saavedra & Spoor, 2002).

O conhecimento da diversidade genética é importante para programas de melhoramento, a medida que cruzamentos envolvendo genitores geneticamente divergentes são os mais eficientes na obtenção de híbridos com maior efeito heterótico na progênie e maior variabilidade genética nas gerações segregantes (Falconer, 1987). Essa divergência pode ser avaliada a partir de uma série de marcadores morfológicos, fisiológicos, citológicos, proteicos, bioquímicos e moleculares (Amaral Júnior & Thiébaud, 1999).

As diversas informações de cada acesso ou cultivar são expressas em medidas de dissimilaridade, as quais demonstram a diversidade em relação ao conjunto de acessos (Cruz & Carneiro, 2006).

Durante algum tempo a maioria dos trabalhos sobre divergência genética utilizava apenas análises individuais para cada tipo de variável, nos últimos anos as análises considerando variáveis distintas também vem ganhando relevância. Os resultados expressam que a análise conjunta, de certo modo, permite uma melhor compreensão do fenômeno biológico quando comparada com as análises individuais (Ledo & Gonçalves, 2012).

### **3.3.2.2 Estimativas da Diversidade Genética**

De acordo com Shimoya et al. (2002), a avaliação da divergência genética é efetuada por diversos métodos que levam em consideração as características agrônomicas, fisiológicas, genéticas e morfológicas. Isso fornece informações para a identificação de genitores que, quando cruzados, aumentam as chances de produzirem genótipos superiores nas gerações segregantes. No entanto, o

conhecimento sobre a diversidade e relação genética entre materiais melhorados, é um dos objetivos em programas de melhoramento (Mohammadi & Prasanna, 2003).

Para análise de diversidade genética muitos métodos são disponibilizados. Entre estes, os mais utilizados são: a análise por componentes principais, quando os dados são obtidos de experimentos sem repetições; a análise por variáveis canônicas, quando os dados são obtidos de experimentos com repetições e, por último, os métodos de agrupamento, cuja aplicação depende da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada (Cruz & Regazzi, 1997), como, por exemplo, a distância euclidiana. Esta pode ser estimada tomando-se por base dados sem repetições, como é o caso de dados oriundos do banco ativo de germoplasma, tornando-se viável a sua aplicação (Carvalho et al., 2003).

A análise multivariada, para estudos de divergência genética, tem sido empregada tanto para características expressas por variáveis quantitativas quanto qualitativas, as quais são comumente utilizadas em caracterizações/avaliações em bancos de germoplasma. A qual se refere às análises estatísticas que utilizam, simultaneamente, todas as variáveis ou características do conjunto de dados obtidos.

### **3.3.2.3 Medidas de Dissimilaridade**

As medidas de dissimilaridade são importantes em estudos de diversidade genética, pois identificam genitores possíveis de serem utilizados em programas de melhoramento. As medidas de dissimilaridade são diferentes para cada grupo de variáveis: quantitativas, binárias e multicategóricas. Porém, serão abordadas apenas as medidas de dissimilaridade obtidas por variáveis quantitativas e multicategóricas (BARROSO, 2010).

### **3.3.2.3 Distância Euclidiana Média**

A distância euclidiana média vem sendo aplicada como uma alternativa à distância euclidiana, pois o valor desta sempre aumenta com o acréscimo do número de características consideradas na análise, fazendo com que essa distância elimine o efeito do número de variáveis ao utilizar a matriz diagonal. A diferença da distância Euclidiana Média para a de Mahalanobis está na matriz de

variâncias e covariâncias que é substituída pela matriz diagonal do inverso do número de variáveis.

#### **3.3.2.4 Análise de Agrupamento**

De acordo com Mingoti (2005), a análise de agrupamentos também é conhecida como Análise de Conglomerados, Análise de Classificação ou *Cluster Analysis*, e seu objetivo é agrupar os elementos da amostra ou população, sendo que os elementos de um mesmo grupo são homogêneos entre si, no que se refere às variáveis que neles foram medidas. Porém, entre grupos são heterogêneos em relação a estas mesmas variáveis.

Hair et al. (2005) afirmam que a Análise de Agrupamentos visa, principalmente, posicionar as observações homogêneas em grupos, estabelecendo, assim, uma estrutura para os dados. Dessa maneira, algumas questões básicas que devem ser consideradas durante a análise devem ser abordadas. Quando o número de genótipos é relativamente alto, torna-se praticamente inviável o reconhecimento dos grupos que apresentam semelhanças a partir da matriz de dissimilaridade.

O uso de técnicas de agrupamento, no entanto, é possível se classificar os genótipos em diversos grupos de forma que haja homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre eles, seguindo o critério de similaridade ou de dissimilaridade (Cruz & Carneiro, 2006).

A primeira decisão na análise se refere à medida de similaridade que deve ser instituída, para que se estabeleça a associação de dois objetos baseada nas variáveis da 'variável estatística de agrupamento'. Hair et. al (2005) define a 'variável estatística de agrupamento' como "o conjunto das variáveis que representam as características usadas para comparar objetos na análise de agrupamentos".

Segundo Mingoti (2005), é de suma necessidade determinar, à priori, a medida de similaridade que será adotada para se proceder ao agrupamento de elementos. Para isto, para análise de variáveis qualitativas e quantitativas, existem medidas apropriadas. Para variáveis quantitativas as medidas apropriadas também são conhecidas de dissimilaridade, as quais inferem que, quanto menores os seus valores, mais similares serão os indivíduos comparados. A formação do agrupamento do método hierárquico a ser empregado é o próximo passo da

análise, e posteriormente se tem à escolha do número de agrupamentos. Quando o número de agrupamento diminui, a homogeneidade dentro dos grupos necessariamente diminui, devido a isto, é necessário que exista um equilíbrio entre definir a estrutura mais básica com o nível de similaridade dentro dos agrupamentos (Hair, 2005).

Os métodos de agrupamento utilizados para análise da diversidade podem ser classificados como métodos hierárquicos e técnicas de projeção. Sendo que, métodos hierárquicos, métodos hierárquicos gerais e aglomerativo são mais comumente empregados na análise da diversidade genética em espécies vegetais (Mohammadi e Prasanna, 2003).

### **3.3.2.5 Métodos de Agrupamento Hierárquicos**

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja formado o diagrama de árvore ou o dendrograma, nos quais o maior interesse está na “árvore” bem como nas suas ramificações, e não no número ótimo de grupos. As delimitações podem ser estabelecidas por um exame visual do dendrograma, em que se avaliam pontos de alta mudança de nível, tomando-os em geral como delimitadores do número de genótipos para determinado grupo (Cruz & Carneiro, 2006).

Os métodos de agrupamentos hierárquicos mais comuns e disponíveis na grande maioria dos softwares estatísticos são: os métodos de ligação simples (single linkage); de ligação completa (complete linkage); UPGMA - (Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages); do centróide (centroid method) e de Ward (Mingoti, 2005).

As técnicas hierárquicas são as mais difundidas (Siegmond et al., 2004) apresentando duas etapas, a primeira consiste na estimação de uma medida de similaridade ou dissimilaridade entre os indivíduos e a segunda, na adoção de uma técnica de formação de grupos (Santana & Malinovski, 2002).

### **3.3.2.6 Método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method Using Arithmetic Averages*).**

No método hierárquico das medidas da dissimilaridade ponderada (UPGMA) as médias são utilizadas ao invés de valores extremos. Dessa forma, nesse método, a matriz de distâncias é atualizada calculando-se a média das distâncias

entre os indivíduos de dois grupos. Além disso, o UPGMA é o mais utilizado em diversidade, e o mais vantajoso por considerar médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, o que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os genótipos (Cruz & Carneiro, 2006).

### **3.3.2.2 Diversidade genética no mamoeiro**

Nos campos de produção comercial de mamão, existe uma variabilidade genética restrita, sendo constituídos basicamente pelas variedades: 'Sunrise Solo', 'Golden', 'Golden THB' e os híbrido 'Tainung' e 'UENF/Caliman-01', reforçando dessa forma a necessidade de desenvolvimento de novas cultivares. De acordo com Cruz et. al. (2014), 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. No entanto, estudos com o objetivo de analisar a diversidade genética nas populações são de grande importância para esses programas.

As medidas de dissimilaridade, em estudos de diversidade são essenciais em avaliações de bancos de germoplasma para entendimento da organização dos acessos e eliminação de duplicatas, também na escolha de genitores divergentes, que proporcionem populações segregantes com ampla variabilidade genética (Cruz et al., 2014).

A avaliação da divergência genética entre acessos do Banco de germoplasma UENF/Caliman determinada a partir de características morfoagronômicas, apresentou expressiva variabilidade genética utilizando redes neurais artificiais (Barbosa et al., 2011) e análises multivariadas (Quintal et al., 2012). De acordo Quintal et al. (2012) observaram que houve maior variação morfoagronômica nos acessos do grupo Formosa em comparação com grupo Solo.

Em populações segregantes de mamoeiro, também foram conduzidos estudos de diversidade genética, visando 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, e verificaram expressiva variabilidade genética entre as progênies para todas as características avaliadas, com exceção da produção. Cortes (2017b) como objetivo de estimar a distância genética entre indivíduos de uma população  $F_2$  segregante, verificou a existência

de variabilidade genética nessa população com a formação de 21 grupos, sendo que as características que apresentaram maior contribuição à divergência genética foram altura da planta, comprimento do fruto e diâmetro do caule, podendo ser utilizadas em estudos de diversidade genética para discriminação dos indivíduos da população F<sub>2</sub> avaliada.

A distância genética pode ser determinada a partir de características morfoagronômicas, morfológicas e moleculares por meio da análise multivariada (Kim e Ward, 1997; Bered et al., 2002). Em sendo 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 as 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 pesquisador, da facilidade da análise e da forma como os dados são obtidos (Cruz et al., 2014).

### **3.3.3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.3.3.1. Material vegetal**

Foram avaliados 250 indivíduos da população base UCP-C0 do programa de seleção recorrente de famílias endogâmicas de mamoeiro. A UCP-C0 foi obtida a partir do cruzamento entre cinco progênes, advindas de uma população dióica, como genitoras femininas (M1, M2, M3, M4 e M5), resistente a pinta-preta (*Asperisporium caricae*) e a mancha-de-phoma (*Stagonosporopsis carica*), e uma mistura de pólen de cinco genótipos elites, UC-SS72-12, UC-JS12, UC-Sekati, UC-36/7 e UC-41/7, sendo quatro genótipos do grupo heterótico Formosa e um do grupo Solo.

#### **3.3.3.2. Local de condução do experimento**

O experimento foi conduzido na área experimental da empresa Caliman Agrícola S.A, localizada no município de Linhares, Espírito Santo, situada entre os paralelos 19° 06' e 19° 18' de latitude sul e entre os meridianos 39° 45' e 40° 10' de longitude oeste. O clima da região é do tipo Awi de Köppen (tropical úmido), com chuvas no verão e inverno seco, o relevo é plano formando platôs litorâneos. No período de condução do experimento, a precipitação média foi de 0,08 mm, a temperatura média de 23,6°C e a umidade relativa média do ar de 73,82%, considerado um alto déficit hídrico na região durante o período de avaliação (INMET, 2017).

As plantas foram transplantadas, em setembro de 2016, mantendo um espaçamento de 3,60 m entre fileira e de 1,50 m entre plantas na fileira, com três mudas por cova, sendo realizada a sexagem após três meses de transplante mantendo apenas as plantas hermafroditas. Os tratos culturais utilizados foram os mesmos empregados pela empresa Caliman Agrícola S/A nas lavouras comerciais e sistema de irrigação do tipo microaspersão.

### **3.3.3.3. Características avaliadas**

Três avaliações foram realizadas, a primeira aos seis meses após o transplante, em março de 2017, a segunda aos nove meses, em junho de 2017, e a terceira aos doze meses, após o transplante, em setembro de 2017.

Foram avaliados o número de frutos bananoides (NFB), número de frutos pentândricos (NFP), número de frutos carpelóides (NFC), número de nó sem fruto (NSF) e número de frutos comerciais (NFCo), referente ao somatório das três épocas de avaliação. Para tal foi utilizado a metodologia de fenotipagem digital, validada e descrita por Cortes et al (2017a), utilizando uma câmera digital Sony DSCHX 300. As imagens obtidas foram analisadas com a ajuda do programa de processamento de imagem de domínio público *ImageJ* v1.50c, usando o plugin *Cell Counter*.

A estimativa da divergência genética foi realizada empregando como método de dissimilaridade a distância Euclidiana média padronizada, pelo qual foi obtida a matriz de distância genética (MDG). Com a MDG foi realizado o agrupamento hierárquico pelo método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean). O ajuste entre a MDG e a matriz de agrupamento foi realizado por meio do

coeficiente de correlação coofenética (CCC). Também foi estimada a contribuição relativa das características para diversidade genética proposta por Singh (1981).

A matriz de distância genética (MDG), o CCC e a contribuição relativa foram estimados utilizando o programa Genes (Cruz, 2014). Os agrupamentos hierárquicos foram realizados com auxílio do programa MEGA versão 7 (Kumar et al., 2016).

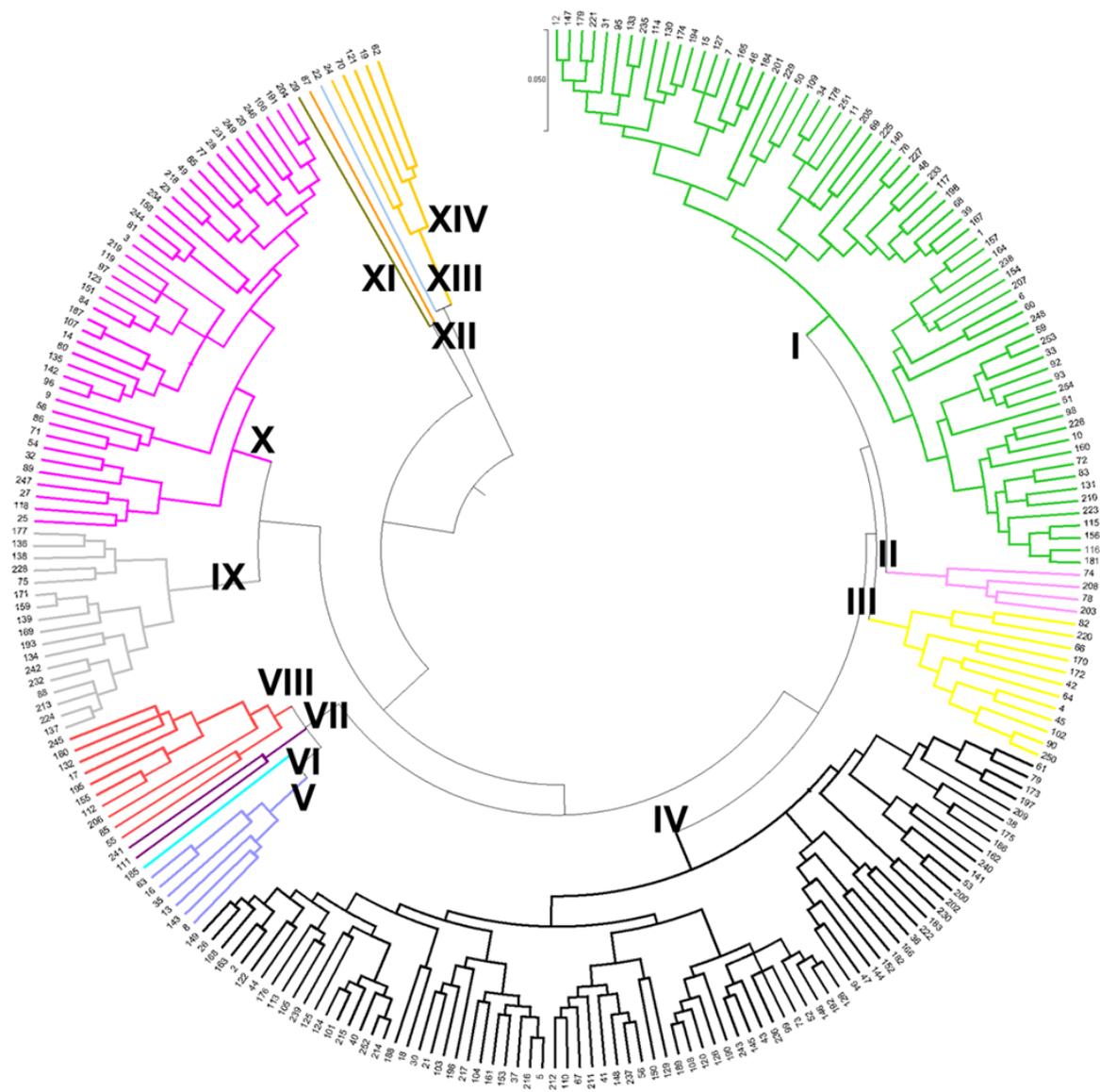
### 3.3.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A distância genética média entre indivíduos foi 0,23, a distância máxima foi verificada entre os indivíduos 22 e 138 ( $d=0,66$ ), e a mínima, entre os indivíduos 210 e 248 ( $d=0,02$ ). Os resultados obtidos neste trabalho são diferentes dos obtidos em estudos de divergência no mamoeiro baseados em características morfoagronômicas, haja vista os resultados encontrados por Ramos et al (2012), realizando estudos em progênies de mamoeiro derivadas de retrocruzamento revelaram uma distância genética média de 0,35 entre as progênies.

Cortes (2017b) analisando uma população segregante  $F_2$ , originada por um cruzamento biparental entre genitores do mesmo grupo heterótico, Formosa, obteve a distância genética média entre indivíduos de 0,19, a distância média máxima, próxima aos encontrado no presente estudo que foi de 0,23. Contudo, a distância genética média baixa estimada no presente trabalho pode ser explicada pela constituição genética da população base UCP-C0, que apesar de ser considerada de base genética ampla, por apresentar o máximo de desequilíbrio de ligação, dispõe de quatro dos cinco genitores elites masculino do mesmo grupo heterótico, o Formosa.

De acordo com a análise de agrupamento foi possível verificar a formação de 14 grupos, com um corte na distância de 0,23 (distância genética média) dos quais três reuniram um número maior de indivíduos (Grupos I, IV e X) (Figura 1). Os grupos IX e XIII foram os mais divergentes para as características da população avaliada. O grupo I apresentou em média o menor número de nó sem fruto (13,90). O grupo IV se destaca por apresentar em média o maior número de frutos comerciais (59,19). O grupo IX apresenta em média o menor número de frutos

deformados, que corresponde a frutos pentândricos (3,12), carpelóides (2,06) e bananóides (3,88). O grupo X apresentou em média maior número de nó sem fruto.



**Figura 1.** Dendrograma obtido pelo UPGMA baseada em 250 indivíduos da população base (C0) do programa de Seleção Recorrente de Mamoeiro, utilizando a Distância Euclidiana Média Padronizada para analisar características de frutos deformados e esterilidade de verão (CCC = 0,71).

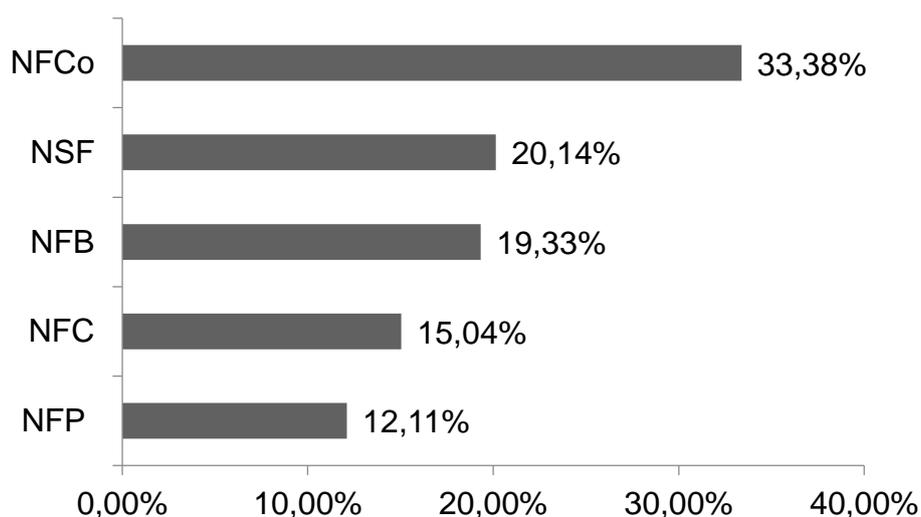
Um importante fator a ser considerado na análise de grupamentos é sua consistência e adequação aos dados. A correlação cofenética é uma análise que estabelece uma correlação entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma gerado a partir dela. Assim, o coeficiente de correlação cofenético (CCC) pode ser

empregado para aumentar a confiabilidade das conclusões frente à interpretação dos dendrogramas (Sokal; Rohlf, 1962).

A característica que proporcionou maior contribuição relativa para a diversidade genética foi número de frutos comerciais com 33,38% seguido de número de nó sem fruto, o qual infere a esterilidade de verão com 20,14%, e número de frutos carpeloides 19,33% (Figura 2). Este resultado contrasta com o encontrado por Cortes (2017b), em que a característica de frutos deformados não contribuiu para divergência genética na população F<sub>2</sub> avaliada em seu estudo.

Azevedo et al. (2018) analisando população de mamoeiro na geração F<sub>4</sub>, através da avaliação de características agrônômicas e de qualidade de frutos, número de frutos comerciais e nó sem fruto não contribuíram para a para divergência, tendo o peso médio de frutos como a característica de maior contribuição. Sabe-se que o número de frutos comerciais e o peso médio de frutos se relacionam com a produtividade, por isso a importância da contribuição desses.

Portanto, ter conhecimento da importância relativa de cada característica analisada para a estimação da divergência genética tem grande relevância prática nos programas de melhoramento à medida que se pode descartar variáveis com menor contribuição, favorecendo a otimização do tempo, e até mesmo redução de custos e mão de obra.



**Figura 2.** Contribuição genética relativa das características avaliadas em indivíduos da população base UCP-C0 do programa de seleção recorrente de mamoeiro, estimada pela metodologia proposta por Singh (1981). NFCo: número de frutos; NSF: número de nó sem fruto; NFB: número de frutos bananóides; NFC: número de frutos carpelóides; NFP: número de frutos pentândricos.

### 3.3.5. CONCLUSÃO

A análise dos dados revelou ampla variabilidade genética na população base UCP-C0, sendo possível identificar genótipos com menor frequência de esterilidade de verão, bem como frutos deformados, e maior número de frutos comerciais, os quais constituem os grupos I, IV e IX, respectivamente, passíveis de serem trabalhadas no programa de melhoramento genético de mamão. As características avaliadas que apresentaram maior contribuição à divergência genética foram número de frutos, número de nó sem fruto, e número de frutos carpeloides, podendo ser utilizadas em estudos de diversidade genética para discriminação dos indivíduos de populações segregantes.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Allard, R.W. (1971) Princípios do melhoramento genético de plantas, 2º Ed. São Paulo: Edgar Blucher, 381p.
- Amaral Júnior, A. T.; Thiébaud, J. T. L. (1999) Análise Miltvariada na avaliação da diversidade genética em recursos genéticos vegetais. Apostila: CCTA – UENF. p. 55.
- Arkle, Jr. T. D.; Nakasone, H. Y. (1984) Floral differentiation in the hermaphroditic papaya. HortScience, v.19, p.832-834.
- Awada, M., Ikeda, W. Effects of moisture on yield and sex expression of the papaya plants (*Carica papaya* L.) (1953). Honolulu: University of Hawaii. 4p. (University of Hawaii, Progress Notes, 97).
- Azevedo, A. O. N.; Poltronieri, T. P. S.; Santa-Catarina, R.; Cortes, D. F. M.; Vettorazzi, J. C. F.; Moreira, N.F.; Ramos, H. C. C.; Aredes, F. A. S.; Pereira, M. G. (2018). Diversidade genética entre linhagens recombinadas de mamoeiro In: Simpósio Do Papaya Brasileiro. Anais... Produção e Sustentabilidade Hídrica, Vitória - ES.

- Badillo, V.M (2000). *Carica L. vs Vasconcella St.Hil. (Caricaceae): con la rehabilitación de este último. Ernstia.10:74-79.*
- Badillo, V.M. (1971). *Monografía de la familia Caricaceae. Maracay - Venezuela: Editorial Nuestra América C.A., 221p.*
- 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.*
- Barroso, N. C. (2010) *Categorização de dados quantitativos para estudos de diversidade genética. Dissertação de Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria, Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais – Brasil. Dezembro, p. 99.*
- 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.*
- Bernardo, R. (2010). *Breeding for quantitative traits in plants. 2ed. Woodburdy: Stemma Press, 400p.*
- Borém, A. (2001) *Melhoramento de plantas. Viçosa: UFV, 547p.*
- Carvalho, C. de., Kist, B.B., Santos, C.E. dos., Treichel, M., Filter, C.F. (2017) *Anuário Brasileiro de Fruticultura 2017. Santa Cruz do Sul: Editora Gazeta Santa Cruz, 88p.*
- Carvalho, S.I.C.; Bianchetti, L.B.; Bustamante, P.G.; Silva, D.B. (2003). *Catálogo de germoplasma de pimentas e pimentões (Capsicum spp.) da Embrapa Hortaliças. Brasília: Embrapa Hortaliças. 49 p.*

- Cavalcanti, J.J.V.; Resende, M.D.V.; Crisóstomo, J.R.; Barros, L.M.; Paiva, J.R. (2007). Genetic control of quantitative traits and hybrid breeding strategies for cashew improvement. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 7: 186-195.
- Cerovic, R.; Rizic, D.; Micic, N. (2000) Viability of plum ovule at different temperatures. *Annual Applied Biology*, Lannham, v. 137, p. 53-59.
- Chia, G.S., Lopes, R., Cunha, R.N.V., Rocha, R.N.C., Lopes, M.T.G. (2009) Repetibilidade da producao de cachos de hibridos interespecificos entre o caiaue e o dendezeiro. *Acta Amazônica*, Manaus, 39(2):249-254.
- Cortes, D. F. M.; Catarina, R. S.; Barros, G. B. De A.; Arêdes, F. A. S.; Silveira, S. F. Da; Ferregueti, G. A.; Ramos, H. C. C.; Viana, A. P.; Pereira, M. G. (2017a) Model-assisted phenotyping by digital images in papaya breeding program. *Sci. agric. Piracicaba - SP*: v. 74, n. 4, p. 294-302.
- Cortes, D. F. M. (2017b) Desenvolvimento de linhagens de mamoeiro assistido por imagens digitais. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes - RJ. 159p.
- Costa, A.F.S; Pacova, B.E.V. (2003) Caracterização de cultivares, estratégias e perspectivas do melhoramento genético do mamoeiro, In Martins DS; Costa AFS (eds.) *A cultura do mamão: tecnologia e produção*. INCAPER, Vitória, p. 59-102.
- Couto, F. A. D.; Nacif, S. R. (1999) Hibridação em mamão. In: Borém, A. (org.) *Hibridação artificial de plantas. Crop plants*. (Eds.) Moore, P.H., Nilno, R. Urbana, USA. Viçosa, MG: UFV, p. 307-329.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2006) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2.ed. Viçosa: UFV, 586p.

- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2014) Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético. UFV, Imprensa Universitária. Viçosa, MG, v. 2, p. 668.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J. (1997) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genéticos. Viçosa. UFV, 390p.
- Damasceno Junior, P. C.; Pereira, T. N. S.; Pereira, M. G. (2018) Estimation of genetic parameters for flower anomalies in papaya. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. v.18, p: 9-15.
- Damasceno Junior, P.C.; Pereira, T.N.S.; Pereira, M.G.; Silva, F.F.; Souza, M.M.; Nicoli, R.G. (2009a) Preferential reproduction mode of hermaphrodite papaya plant (*Carica papaya* L; *Caricaceae*). *Revista Brasileira de Fruticultura*, v.31 (1), p. 182-189.
- Damasceno Junior, P. C., Costa, F.R., Pereira, T.N.S., Neto, M.F., Pereira, M.G. (2009b). Karyotype determination in three *Caricaceae* espécies em phasizing the cultivated form (*Carica papaya* L.). *Caryologia*. 62:10-15.
- Damasceno Júnior, 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 não verão e primavera. *Ceres*, v. 55, p. 310-316.
- Danner, M.A.; Raseira, M.C.B.; Sasso, S.A.Z.; Citadin, I.; Scariot, S. (2010). Repetibilidade de peso de fruto e de duração de ciclo em ameixeira e pessegueiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília. 45(8): 872-878.
- Dantas, J. L. L.; Dantas, A. C. V. L.; Lima, J. F. (2002). Mamoeiro. In: Bruckner, C. H (Ed.) *Melhoramento de fruteiras tropicais*. Viçosa, UFV. p. 422.
- Dantas, J.L.L.; Lima, J.F. (2001) Seleção e recomendação de variedades de mamoeiro: avaliação de linhagens e híbridos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, v.3, p. 617-621.

- Della Bruna, E.; Moreto, A.L.; Dalbó, M.A. (2012). Uso do coeficiente de repetibilidade na seleção de clones de pessegueiro para o litoral sul de Santa Catarina. *Revista Brasileira de Fruticultura*. 34(1): 206-215.
- Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. (1996). *Introduction to quantitative genetics*. 4th ed. Essex (UK): Longmans Green, Harlow. 480 p.
- Falconer, D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Tradução de M.A. Silva e J.C. Silva. Viçosa: UFV, Impr. Uni., 279p.
- Farias Neto, J. T.; Lins, P. M. P.; Resende, M. D. V.; Muller, A. A. (2009). Seleção genética em progênies híbridas de coqueiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*. 31(1): 190-196.
- Ferreira, R. T.; Viana, A. P.; Silva, F. H. L.; Santos, E. A.; Santos, J. O. (2016). Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. *Revista Brasileira de Fruticultura*. 38(1): 158-166.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations [FAO]. (2017). FAOSTAT. Disponível em: <<http://faostat.fao.org.in>> [Acessado em novembro 25, 2018].
- Garcia, A. A. F; Souza Júnior, C. L. (1999). Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares Bragantia, 58: 253-267.
- Hair, J. F.; Anderson, R. E.; Tatham, R. L.; Black, W. C. (2005) *Análise Multivariada de Dados*. Ed Bookman, Porto Alegre, p. 593.
- Hallauer, A.R.; Carena, M.J.; Filho, J.B.M. (2010). Means and variances. In: Hallauer, A.R.; Carena, M.J.; Filho, J.B.M., eds, *Quantitative Genetics in Maize Breeding*. Springer, New York, USA. 33-68p.
- Hardner, C.M.; Bally, I.S.E.; Wright, C.L. (2012). Prediction of breeding values for average fruit weight in mango using a multivariate individual mixed model. *Euphytica*. 186:463–477.

- Hazel, L. N. (1943). The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetic* 28: 476-490.
- Hedhly, A., Hormaza, J. I., Herrero, M., (2003). The effect of temperature on stigma receptivity in sweet cherry (*Prunus avium* L.). *Plant Cell Environment*, Logan, v. 26, p. 1673-1680.
- Horovitz, S.; Giménez, H. (1967) Cruzamientos interespecificos e intergenéricos em caricaceas y sus implicaciones fitotécnicas. *Agronomia Tropical*, 17: 323–43.
- Hull, F.H. (1945). Recurrent selection and specific combining ability in corn. *Journal Am. 590 Agron., Madison*, 37:134–145.
- Ide, C.D., Pereira, M.G., Viana, A.P., Pereira, T.N.S. (2009). Use of testers for combining ability and selection of papaya hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa. 1: 60-66.
- INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA - INMET. Banco de dados meteorológicos para ensino e pesquisa. Disponível em: <<http://www.inmet.gov.br/>>. Acessado em setembro 2017
- Johnson, R.A., Wickern, D.W. (1988). *Applied multivariate statistical analysis*. Englewood Cliffs, Prentice Hall. 607p.
- 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.
- Kim, M. S.; Moore, P. H.; Zee, F.; Fitch, M. M. M. Steiger, D.; Manshardt, R.; Paull, R.; Drew, R.; Sekioka, T.; Ming, R. (2002) Genetic diversity of *Carica papaya* as revealed by AFLP markers. *Genome*, 45: 503-512.
- Kouassi A.B., Durel, C.E, Costa, F., Tartarini, S., van de Weg, E., Evans, K., Fernandez-Fernandez, F., Govan, C., Boudichevskaja, A., Dunemann, F., Antofie, A., Lateur, M., Stankiewicz-Kosyl, M., Soska, A., Tomala, K.,

- Lewandowski, M., Rutkovski, K., Zurawicz, E., Guerra, W., Laurens, F. (2009). Estimation of genetic parameters and prediction of breeding values for apple fruit-quality traits using pedigreed plant material in Europe. *Tree Genetics and Genomes* 5:659–672.
- Kumar, S.; Stecher, G.; Tamura, K. (2016). MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0. *Molecular Biology and Evolution*.
- Lassoudière, A. (1968) Le papayer: description et génétique. *Fruits*, 23:585-596.
- Ledo, C. A da S.; Gonçalves, L.S.A. (2012) Novas abordagens multivariadas em experimentação com fruteiras. XXII Congresso Brasileiro de Fruticultura. Bento Gonçalves, RS.
- Lessa, L.S.; Ledo, C.A.S.; Santos, V.S.; Silva, S.O.; Peixoto, C.P. (2010) Seleção de híbridos diploides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos. *Bragantia*, 69: 525-534.
- Luz, L. N.; Pereira, M. G.; Barros, F. B.; Barros, G. B.; Fereguetti, G. A. (2015). Novos híbridos de mamoeiro avaliados nas condições de cultivo tradicional e no semiárido brasileiro. *Revista Brasileira de Fruticultura*. 37 (1): 159-171.
- Ma, H.; Moore, P. H.; Liu, Z.; Kim, M. S.; Yu, Q.; Fitch, M. M. M. (2004) Highdensity linkage mapping revealed suppression of recombination loco in papaya. *Genetics*, 166: 419-436.
- Maia, M.C.C.; Resende, M.D.V.; Oliveira, L.C. de; Álvares, V. de S.; Maciel, V.T.; Lima, A.C. de. (2011). Seleção de clones experimentais de cupuaçu para características agroindustriais via modelos mistos. *Revista Agro@ambiente online*. 5: 35- 43.
- Marin, S. L. D.; Gomes, J. A. (1987) Sexagem do mamoeiro e sua aplicação no desbaste de plantas. 2 ed., Vitória, ES: EMCAPA,. 20p. (EMCAPA. Circular Técnica 11).

- 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*, Viçosa, 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*, Piracicaba, 6: 540-546.
- Martelleto, L.A.P.; Ribeiro, R.L.D.; Sudomartelleto, M.; Vasconcelos, M.A.S.; Pereira, M.B. (2011) Expressão da esterilidade feminina e da carpeloidia em mamoeiro sob diferentes ambientes de cultivo protegido. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, v. 33, n. 4, p. 1185- 1193.
- Martinello, G. E.; Leal, N. R.; Júnior, A. T. A.; Pereira, M. G.; Daher, R. F. (2002) Divergência genética em acessos de quiabeiro com base em marcadores morfológicos. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.20, n.1, p.52-58.
- Martins, I. S.; Martins, R. C. C.; Daniel dos Santos Pinho, D. S. (2006). Alternativas de índices de seleção em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. *Cerne*, 12: 287-291.
- Ming, R., Yu, Q., Bias, A., Chen, C., Na, J., Moore, P.H. (2008) Genomics of papaya, a common source of vitamins in the tropics. In: *Genomics of tropical crop plants*. (Eds.) Moore, P.H., Nilno, R. Urbana, USA.
- Ming, R.; Yu, Q., Moore, P.H. (2007). Sex determination in papaya. *Seminars in Cell & Developmental Biology* 18: 401–408.
- Mingoti, S. A. (2007) *Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada*. Belo Horizonte: UFMG, p. 295.
- Mohammadi, S. A.; Prasanna, B. M. (2003) Analysis of genetic diversity in crop plants – Salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43: 1235-1248.

- Nakasone, H. Y. (1980) Melhoramento de mamão no Havaí. In: Simpósio Brasileiro sobre a Cultura do Mamão, 1. Jaboticabal, SP. Anais: Jaboticabal, SP: FCAV/UNESP, p. 275-287.
- Negreiros, J.R. da S.; Neto, R. de C.A.; Miqueloni, D.P.; Lessa, L.S. (2014). Estimativas de repetibilidade para caracteres de qualidade de frutos de laranja-doce. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília. 49 (1):40- 48.
- Oliveira, E. J.; Filho, G. A. F.; Freitas, J. P. X.; Dantas, J. L. L.; Resende, M. D. V. (2012). Plant selection in F2 segregating populations of papaya from comercial hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 12: 191-198.
- Paiva, J.R., Cordeiro, E.R., Corrêa, M.C.M. and Resende, M.C.V. (2007). Acerola Plant Selection and Breeding Value Prediction in Second Selection Cycle Progenies. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. 7:125-132.
- Paula. R. C. (2007) Repetibilidade e divergência genética entre matrizes de *Pterogyne nitens* Tul. (Fabaceae – Caesalpinioideae) por caracteres biométricos de frutos e de sementes e parâmetros da qualidade fisiológica de sementes. 128 p. Tese (Livre-Docência em Silvicultura) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.
- Pedrozo, C. A.; Benites, F. R. G.; Barbosa, M. H. P.; Resende, M. D. V.; Silva, F. L. (2009) Efficiency of selection indexes using the REML/BLUP procedure in sugarcane breeding. *Scientia Agraria*, 10:31-36.
- Pereira, F. H. F.; Puiatti, M.; Miranda, G. V.; Silva, D. J. H.; Finger, F. L. (2003) Divergência genética entre acessos de taro utilizando caracteres qualitativos de inflorescência. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.21, n.3, p.520-524.
- Pereira, M. G., Ferregueti, G. A., Pereira, T. N. S., Ramos, H. C. C., Cortes, D. F. M., Santa-Catarina, R., Luz, L. N., Barros, G. B. A., Arêdes, F. A. S., Boechat, M. S. B., Silveira, S. F., & Oliveira, J. G. (2015) Melhoramento Genético do

Mamoeiro: Programa UENF/CALIMAN. In: David dos Santos Martins. (Org.). VI Simpósio do Papaya Brasileiro. 1ed.Vitória, ES: DCM/Incaper, v. 6, p. 01-41.

Pérez, E.G. (2004). Melhoramento do mamoeiro. Toda fruta. Disponível em: <<http://www.todafruta.com.br/todafruta/mostraconteudo.asp?conteudo=6062>>. Acesso em outubro/2018.

Pešek, J., Baker, R.J (1969) Desired improvement in relation to selection indices. Canadian Journal of Plant Science, 49:803-804.

Pinto, F.D. O.; Da Luz, L.N.; Pereira, M.G.; Cardoso, D. L.; Ramos, H. C. C. (2013). Mixed model for combining selection in segregate progeny of papaya. Revista Brasileira de Ciências Agrárias. 8 (2): 211-217.

Pompeu Junior, J.; Blumer, S.; Resende, M. D. V. (2013). Avaliação genética de seleções e híbridos de limões cravo, volkameriano e rugoso como porta-enxertos para laranjeiras Valência na presença da morte súbita dos citros. Revista Brasileira de Fruticultura. 35(1): 199-209.

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. Semina: Ciências Agrárias. 33 (1): 131-142.

Ramalho, M.A.P.; Abreu, A.F.B.; Santos, J.D.; Nunes, J.A.R. (2012). Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: UFLA, 522p.

Ramalho, M. A. P., Santos, J. B. (2000) Genética na agropecuária. Lavras-MG: UFLA, p. 472.

Ramalho, M.A.P., Santos, J.B.Dos., Zimmermann, M.J.de.O. (1993) Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: Ed. da UFG, p.93-135.

- 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(2): 1280-1295.
- Ramos, H. C. C.; Pereira, M. G.; Viana, A. P.; Luz, L. N.; Cardoso, D. L.; Ferreguetti, G. A. (2014a). Combined Selection in Backcross Population of Papaya (*Carica papaya* L.) by the Mixed Model Methodology. *American Journal of Plant Sciences* (5): 2973-2983.
- Ramos, H. C. C.; Pereira, M. G.; Pereira, T. S. N.; Barros, G. B. A.; Ferreguetti, G. A. (2014b). Characterization of genetic-molecular variability of papaya population based on microsatellite markers. *Genetic and Molecular Research*. 13 (4): 10367-10381.
- Ramos, H. C. C.; Pereira, M. G.; Silva, F. F.; Viana, A. P.; Ferreguetti, G. A. (2011) Seasonal and genetic influences on sex expression in a backcrossed segregating papaya population. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. v.11, p: 97-105.
- Rangel, R.M., Amaral Júnior, A.T. do., Gonçalves, L.S., Freitas Júnior, S. de. P., Candido, L.S. (2011) Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. *Revista Ciência Agronômica*, 42(2):473-481.
- Resende, M. D. V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. v.16(4), p: 330-339.
- Resende, M. D. V.; Duarte, J. B. (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v.37(3), p. 182-194.
- Resende, M. D.V.; Thompson, R.; Welham, S.J. (2006). Multivariate spatial statistical analysis of longitudinal data in perennial crops. *Revista de matemática e estatística* 24 (1): 147–69.

- Resende, M.D.V. (2002) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, p: 975.
- Resende, M.D.V.; Dias, L.A.S. (2000). Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de parâmetros genéticos e predição de valores genéticos e aditivos e genotípicos em espécies frutíferas. Revista Brasileira de Fruticultura. 22(1): 44-52.
- Rodríguez, R.E.S. (1998) Estimativa dos parâmetros genéticos e de resposta à seleção na população de arroz irrigado CNA1. Dissertação (Mestrado) Goiânia-GO, Universidade Federal de Goiás, UFG; 87p.
- Saavedra G; Spoor W. (2002) Genetic base broadening in autogamous crops: *Lycopersicon esculentum* Mill. As a model. Managing Plant Genetic Diversity. 443: p. 291-299.
- Santa-Catarina, R. Capacidade combinatória, heterose de linhagens Endogâmicas recombinantes e análise de imagens digitais em mamoeiro (*Carica papaya* L.). (2016). Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF. Campos dos Goytacazes – RJ, 2016, 70p. (Dissertação de Mestrado).
- Santana, C. M.; Malinovski, J. R. (2002) Uso da análise multivariada no estudo de fatores humanos em operadores de motosserra, Cerne, v. 8, n. 2, p. 101-107.
- Shimoya, A.; Cruz, C.D.; Ferreira, R.P.; Pereira, A.V.; Carneiro, P.C.S. (2002) Divergência genética de acessos de um banco de germoplasma de capim elefante. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.37, n.7, p.971-980.
- Siegmund, K.D.; Laird, P.W.; Laird-Offringa, I.A. (2004) A comparison of cluster analysis methods using DNA methylation data. Bioinformatics, v. 20, n.12, p.1896-1904.

- Silva, C. A.; Nascimento, A. L.; Ferreira, J. P.; Schmildt, O.; Malikouski, R. G.; Alexandre, R. S.; Schmildt, E. R. (2017) Genetic diversity among papaya accessions. *African Journal of Agricultural Research*. v.12, n.23, p. 2041-2048.
- Silva, R. G.; Moura, M. C. L. C.; Arnhold, E.; Cruz, D. C. (2010). Repetibilidade e correlação fenotípicas de caracteres do fruto de bacuri no estado do Maranhão. *Acta Scientiarum Agronomy*. 31:587-591.
- Silva, F. F.; Pereira, M. G.; Ramos, H. C. C.; Damasceno Júnior, P. C.; Pereira, T. N. S.; Gabriel, A. P. C.; Viana, A. P.; Ferregueti, G. A. (2008) Selection and estimation of the genetic gain in segregating generations of papaya (*Carica papaya* L.), *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 8, p. 1-8.
- Silva, F. F.; Pereira, M. G.; Damasceno Júnior, P. C.; Pereira, T. N. S.; Viana, A. P.; Daher, R. F.; Ramos, H. C. C.; Ferregueti, G. A. (2007) Evaluation of the sexual expression in segregation BC1 papaya population, *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.7, p.16-23.
- 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., Ferregueti, G.A. (2007a) DNA marker-assisted sex conversion in elite papaya genotype (*Carica papaya* L.). *Crop Breeding and Applied Biotechnology*. v.7, p: 52-58.
- Singh, D. (1981).The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding*. 41: 237-245.
- Smith, H.F.A. (1936). Discriminant function for plant selection. *Annal sof Eugenics*, 7:240-250.
- Sokal, R.R.; Rohlf, F.J. (1962). The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*. 11: 33-40.
- Storey, W.B. (1953). Genetics of the papaya.*Journal of Heredity*, 44 (2): 70-78.

- Storey, W.B. (1941). The botany and sex relationships of the papaya. In: Papaya production in the Hawaiian Islands. Hawaii Agricultural Experiment Station, Bulletin 87: 5-22.
- Tamaki, M.; Urasaki, N.; Sunakawa, Y.; Motomura, K.; Adaniya, S. 2011. Seasonal variations in pollen germination ability, reproductive function of pistils, and seeds and fruit yield in papaya (*Carica papaya* L.) in Okinawa. J Japan Soc Hort Sci. v.80, p:156–163.
- Venkovsky, R. (1987) Herança quantitativa. In: Paterniani E, Viegas GP (Ed.) Melhoramento e produção do milho. Campinas : Fundação Cargill, p.135-214.
- Viana, A.P, Resende, M.D.V. (2014). Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras. 1. ed. Rio de Janeiro: Interciência, 296p.
- Vivas M; Silveira S.F.; Vivas J.M.S; Pereira M.G. 2012. Patometria, parâmetros genéticos e 676 reação de progênies de mamoeiro à pinta preta. *Bragantia*, v.71, p: 235-238.
- Vivas, M., Silveira, S.F. Da., Terra, C.E.P.D.S., Pereira, M.G. (2010) Reação de germoplasma e híbridos de mamoeiro à mancha-de-phoma (*Phoma caricae-papayae*) em condições de campo. *Trop Plant Pathol* 35: 323–328.
- Vivas, M.; Silveira, S.F.; Amaral Júnior, A.T.; Cardoso, D.L.; Pereira, M.G. (2013). Herança da resistência do mamoeiro a doenças fúngicas com base em análise dialélica de Hayman. *Bragantia*. 72 (4): 332-337.
- Vivas, M.; Silveira, S.F.; Amaral Júnior, A.T.; Cardoso, D.L.; Pereira, M.G. (2013). Herança da resistência do mamoeiro a doenças fúngicas com base em análise dialélica de Hayman. *Bragantia*. 72 (4): 332-337.
- Willians, J.S. (1962) The evaluation of a selection index. *Biometrics*, 18:375-393.

Zinn, K. E.; Tunc-Ozdemir, M.; Harper, J. M. F. (2010) Temperature stress and plant sexual reproduction: uncovering the weakest links. *Journal of Experimental Botany*, Oxford, v. 61, p. 1959-1968.