

SELEÇÃO RECORRENTE EM MAMOEIRO: AVALIAÇÃO E  
CARACTERIZAÇÃO DE ATRIBUTOS RELACIONADOS A  
RESISTÊNCIA GENÉTICA À *Asperisporium caricae* E  
*Stagonosporopsis caricae*

**RAMON DE MORAES**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO -UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
FEVEREIRO - 2022

SELEÇÃO RECORRENTE EM MAMOEIRO, AVALIAÇÃO E  
CARACTERIZAÇÃO DE ATRIBUTOS RELACIONADOS A  
RESISTÊNCIA GENÉTICA À *Asperisporium caricae* E  
*Stagonosporopsis caricae*

**RAMON DE MORAES**

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

Orientador: Prof. Marcelo Vivas

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
FEVEREIRO– 2022

## FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

M827

Moraes, Ramon de.

Seleção recorrente em mamoeiro : Avaliação e caracterização de atributos relacionados a resistência genética a *Asperisporium caricae* e *Stagonosporopsis caricae* / Ramon de Moraes. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2022.

62 f. : il.

Bibliografia: 39 - 51.

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

1. Pinta-preta. 2. Mancha-de-phoma. 3. Melhoramento vegetal. 4. Mamocultura. 5. Modelos Mistos. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

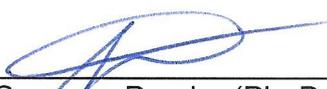
SELEÇÃO RECORRENTE EM MAMOEIRO, AVALIAÇÃO E  
CARACTERIZAÇÃO DE ATRIBUTOS RELACIONADOS A  
RESISTÊNCIA GENÉTICA A *Asperisporium caricae* E  
*Stagonosporopsis caricae*

**RAMON DE MORAES**

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

Aprovada em 24 de fevereiro de 2022

Comissão Examinadora

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

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Silvaldo Felipe da Silveira (D.Sc., Fitopatologia) - UENF

  
\_\_\_\_\_  
Hélio Costa (D.Sc., Fitopatologia) - INCAPER

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Marcelo Vivas (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF  
(Orientador)

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, por permitir que eu chegasse até aqui;

À UENF e FAPERJ, pelo suporte financeiro e pela infraestrutura para a realização do nosso trabalho;

Ao meu orientador, professor Marcelo Vivas, pelos ensinamentos, pela confiança e atenção na realização deste trabalho;

Aos meus familiares, em especial a minha mãe Selma e a minha avó Marta e ao meu irmão Romulo por acreditarem e torcerem sempre pelo meu sucesso;

A minha esposa Luana, pelo carinho, conselhos e companhia ao longo desta trajetória. E aos meus filhos Lucas e Miguel por me proporcionar tantos sorrisos e orgulhos;

Aos professores do LEAG e LMGV, em especial, aos meus conselheiros professores Rogério Daher e Messias Pereira pelas valiosas contribuições;

Aos colegas do LEAG pela amizade e pela agradável convivência durante este período de doutorado, Rafael, Yure, Derivaldo, Ana Kesia, Wanessa, Júlio, Helenilson e aos demais amigos que estão próximos ou distantes;

Ao secretário do LMGV, Daniel, pela atenção, dedicação e auxílio nos momentos burocráticos, também por todos os avisos de prazo que em incontáveis vezes estive a beira de perdê-los, obrigado por tudo;

E a todos que deram a sua contribuição para que este trabalho fosse realizado.

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

## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	vi
<b>ABSTRACT</b> .....	viii
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2. OBJETIVOS</b> .....	5
<b>3. REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	6
3.1. Botânica e Importância econômica.....	6
3.2. Diversidade Genética no mamoeiro. ....	8
3.3. Patógenos .....	9
3.4. Uso de agroquímicos indiscriminado e o controle de doenças.....	11
3.5. Melhoramento vegetal .....	12
3.6. Seleção recorrente e sua importância no melhoramento de plantas.....	13
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	16
4.1. Obtenção da população de trabalho.....	16
4.2. Condições experimentais .....	17
4.3. Características avaliadas.....	17
4.4. Metodologia dos modelos mistos .....	18
4.5. Caracterização da população .....	19
4.6. Critérios de seleção adotados .....	19
4.6.1 Seleção direta.....	19
4.6.2. Seleção simultânea de várias características (variáveis de doença) com base no índice de seleção.....	20

<b>5. RESULTADOS</b> .....	21
5.1. Análise de dissimilaridade genética.....	21
5.2. Componentes de variância e parâmetros genéticos.....	24
<b>6. DISCUSSÃO</b> .....	33
6.1 Análise de dissimilaridade genética.....	33
6.2 Componentes de variância e parâmetros genéticos.....	35
<b>7. CONCLUSÃO</b> .....	38
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	39

## RESUMO

MORAES, Ramon; D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, fevereiro de 2022. Seleção recorrente em mamoeiro: avaliação e caracterização de atributos relacionados a resistência genética à *Asperisporium caricae* e *Stagonosporopsis caricae*; Orientador: D.Sc. Marcelo Vivas. Conselheiros: D.Sc. Messias Gonzaga Pereira e D.Sc. Rogério Figueiredo Daher.

Na mamocultura, o principal entrave para a extensão de novas áreas de cultivo e o aumento da produtividade é devido a ocorrência de doenças fúngicas ou virais e a falta de cultivares comerciais mais resistentes. Perdas na produção da cultura tem reduzido a competitividade das lavouras. Diante disso, este trabalho teve como objetivo avaliar caracteres relacionados a ocorrência de *Asperisporium caricae* e *Stagonosporopsis caricae* em indivíduos do primeiro ciclo de seleção recorrente de famílias S1 do programa de melhoramento do mamoeiro denominado UCP-C0. A população utilizada neste estudo teve origem no cruzamento de indivíduos dioicos, femininos e detentores de um pool gênico para resistência à mancha-de-phoma e pinta-preta. Estes foram, cruzados com indivíduos elite detentores de um pool gênico para características de produção e qualidade de fruto. O experimento foi conduzido sem um delineamento experimental, contendo uma planta por parcela. Foram realizadas três medições em 255 indivíduos para cinco características de resistência a doença, sendo: quatro associadas à pinta-preta (incidência e severidade na folha e fruto) e uma associada à mancha-de-phoma (severidade na folha). Este trabalho contempla a avaliação e indicação dos indivíduos promissores

para etapas consecutivas. Para isto, estimou-se via análise de modelos mistos REML/BLUP o coeficiente de repetibilidade, os efeitos temporários e permanentes, bem como os ganhos genéticos diretos e combinados na população base da seleção recorrente de mamão. Os resultados indicam uma baixa repetibilidade para as características e que os ganhos obtidos a partir da utilização do índice de seleção combinada melhor ranqueiam os genótipos em comparação aos ganhos obtidos pela seleção direta. Neste trabalho, a população UCP-C0 também foi caracterizada via análise descritiva e, análise média de dissimilaridade pelo método UPGMA. Estimaram-se as médias fenotípicas dos indivíduos e estas foram utilizadas para o cálculo da distância euclidiana e na construção de dendrograma pelo método de construção ligação simples. Os resultados indicaram maiores amplitudes nos valores de mínima e máxima para todas as características exceto, para severidade de pinta-preta na folha, ainda assim, ementam a existência de variabilidade na população UCP-C0 quanto a resistência à *A. caricae* e *S. caricae*. Foram formados 20 grupos de genótipos quanto as características avaliadas, considerando a dissimilaridade dos indivíduos e aplicando o ponto de corte igual a coeficiente de correção cofenética (0,8). As estimativas de média indicam indivíduos com considerável nível de resistência para todas as cinco características estudadas, apontando um futuro promissor para a população em estudo.

**Palavras-chave:** Pinta-preta; Mancha-de-phoma; Melhoramento vegetal; Mamocultura; Modelos mistos.

## ABSTRACT

MORAES, Ramon; D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, February 2022. Recurrent selection in papaya: evaluation and characterization of traits related to genetic resistance to *Asperisporium caricae* and *Stagonosporopsis caricae*; Advisor: D.Sc. Marcelo Vivas. Counselors: D.Sc. Messias Gonzaga Pereira and D.Sc. Rogério Figueiredo Daher.

In papaya crop, the main obstacle to increasing productivity and extension of cultivation areas is due to the occurrence of fungal or viral diseases and the lack of more resistant commercial cultivars. Losses in crop production have reduced the competitiveness of crops. Therefore, this study aimed to evaluate characters related to the occurrence of *Asperisporium caricae* and *Stagonosporopsis caricae* in individuals of the first cycle of recurrent selection of S1 families of the papaya breeding program called UCP-C0. The population used in this study originated from the crossing of dioecious, female individuals and holders of a gene pool for resistance to phoma spot and black spot. These were crossed with elite individuals holding a gene pool for production traits and fruit quality. The experiment was conducted without an experimental design, containing one plant per plot. Three measurements were performed on 255 individuals for five disease resistance traits, four associated with black spot (incidence and severity on the leaf and fruit) and one associated with phoma spot (severity on the leaf). This work contemplates the evaluation and indication of promising individuals for subsequent stages. For this, the repeatability coefficient, the temporary and permanent effects, as well as the

direct and combined genetic gains in the base population of the recurrent selection of papaya were estimated via analysis of mixed models REML/BLUP. The results indicate a low repeatability for the traits and that the gains obtained from the use of the combined selection index better rank the genotypes compared to the gains obtained by direct selection. In this thesis, the UCP-C0 was also characterized via descriptive analysis and, average analysis of dissimilarity by the UPGMA method. The phenotypic means of the individuals were estimated and to calculate the Euclidean distance and in the construction method. The results indicate greater amplitudes in the minimum and maximum values for all characteristics except for the severity of black spot on the leaf, even so, they suggest the existence of variability in the UCP-C0 population regarding resistance to *A. caricae* and *S. caricae*. Twenty linkage groups were formed regarding the evaluated characteristics, considering the dissimilarity of individuals and applying the cut-off point equal to the cophenetic correction coefficient (0.8). The mean estimates indicate individuals with considerable level of resistance for all five characteristics studied, pointing to a promising future for the population under study.

**Keywords:** Black spot; Phoma spot; Plant breeding; Papaya crop; Mixed models.

## 1. INTRODUÇÃO

O Brasil apresenta grande potencial para aumentar a produção de frutas frescas, setor este que emprega 6 milhões de empregos diretos, correspondendo a cerca de 27% da mão de obra agropecuária no país (Agroinsight, 2021). Dentre as espécies frutícolas, destaca-se o mamoeiro (*Carica papaya* L.), que em 2018, gerou US\$ 43 milhões de dólares em exportação, com um total de 37,9 mil toneladas de frutas exportadas (Kist et al., 2017). No ano de 2020, os estados: Espírito Santo (438,85 mil toneladas), Bahia (368,10 mil toneladas) e Ceará (152,55 mil toneladas) foram os maiores produtores, contribuindo com mais de 70% da produção nacional (IBGE, 2020).

Para uma produção de mamão rentável e de sucesso é necessária uma visão de ampliação da capacidade de produção com qualidade e sustentabilidade focados no cuidado com o meio ambiente, segurança alimentar e a responsabilidade social, além disso, um grande desafio é escapar das limitações de natureza fitossanitária (Amorim et al., 2016). Relata-se ainda que a restrita diversidade genética das lavouras comerciais quanto a atributos de resistência genética, aumenta a vulnerabilidade da cultura ao ataque de pragas e doenças como por exemplo, a pinta-preta (Moraes et al., 2011).

A pinta-preta *Asperisporium caricae* (Speg.) Maubl., é uma das doenças fúngicas mais importantes, causando redução na área fotossintética e consequentes danos à produção, além das lesões nos frutos inutilizá-los em pós-colheita (Oliveira et al., 2000; Souza et al., 2014). Frutos com sintomas de pinta-

preta na pós-colheita apodrecem durante o amadurecimento, em decorrência de antracnose e podridões secundárias, causadas respectivamente por *Colletotrichum* spp. *Stagonosporopsis caricae* (Sydow & P. Sydow) e outros (Oliveira, 2005; Liberato et al., 2007)

Rezende e Fancelli (1997), destacam a mancha-de-phoma causada por *Stagonosporopsis caricae*, como a segunda doença de pós-colheita de maior importância na cultura. A doença ocorre de maneira espontânea em pomares presente em todo o Brasil e o patógeno pode colonizar diferentes órgãos da planta. No estado do Espírito Santo há uma forte ocorrência nas folhas, o que facilita a disseminação do inóculo. Folhas com sintomas de mancha-de-phoma senescem precocemente expondo os frutos a alta radiação solar que geram escaldadura e deprecia seu valor comercial. Não há um produto comercial especificamente registrado para o controle desta doença no Brasil.

O aparecimento dos primeiros sintomas de mancha-de-phoma e pinta-preta indicam o início do controle da doença ainda no campo, o qual atualmente, se baseia na aplicação de fungicidas (Ritzinger et al., 2000; Rezende et al., 2016). No entanto, até o momento, para *S. caricae* não existe fungicida registrado no Brasil para seu controle. Para isto, o manejo integrado vem sendo utilizado, com medidas paliativas, tais como evitar ferimentos nos tecidos da planta e do fruto, que abrem porta-de-entrada a invasão pelo patógeno. Para o controle da pinta-preta são feitas pulverizações de fungicidas protetores e sistêmicos (Agrofit, 2022). O uso majoritário de pulverizações com fungicidas sistêmicos de ação sítio-específica, acarreta na seleção de isolados de fitopatógenos resistentes aos mesmos, provocando um ciclo de aumento de número e das doses aplicadas de fungicidas, além de danos indiretos, com a intoxicação de operários, contaminação ambiental e do produto colhido, aumento dos custos de produção e consequentemente a redução de receitas com a atividade (Lucas et al., 2015; Dorigan et al., 2019).

O desenvolvimento de cultivares resistentes a doenças é uma medida estratégica para a sustentação e aumento da competitividade do agronegócio mamoeiro, bem como seguir a tendência do mercado consciente quanto a segurança alimentar, tendo em vista a grande imposição dos mercados europeu e americano, tanto pela qualidade dos frutos quanto pela exigência de concentrações cada vez mais reduzidas de resíduos de pesticidas ou agroquímicos nos alimentos (Costa e Pacova, 2003).

O melhoramento de plantas torna-se uma provocação instigante diante do quadro que as principais características morfoagronômicas de interesse possuem uma forte influência ambiental, o que acarreta em uma difícil tomada de decisão quanto ao melhor método de melhoramento a ser utilizado. Tem-se que diferentes métodos experimentais, delineamentos genéticos e ferramentas sofisticadas estão sendo exploradas pelos programas de melhoramento para expandir a base genética e melhor explorar a variabilidade existente no gênero *Carica* (Serrano e Cattaneo 2010; Moreira et al., 2018; Pereira et al., 2019a).

No que tange o melhoramento para resistência à mancha-de-phoma e pinta-preta os trabalhos concentram-se em dois tipos de estudos: a) introdução, avaliação e evidenciação de acessos (Dianese et al., 2007; Vivas et al., 2010a; 2012b; Poltronieri et al., 2019); e b) avaliação de heterose e seleção de famílias ou híbridos superiores (Vivas et al., 2011; 2012a; 2013a,b,c; 2014a,b,c; 2015; 2016; 2017; Poltronieri et al., 2017; 2019; 2020; Moreira et al., 2018; Pirovani et al., 2018; Moraes et al., 2019).

Apesar dos trabalhos realizados, não existe registro comercial de material genético que disponha ou apresente resistência completa a tais doenças. A principal causa é a base genética estreita para características de resistência a doenças. Para contornar este problema, o mamoeiro dioico vem sendo explorado por apresentar base genética mais ampla e rusticidade, podendo conferir resistência à mancha-de-phoma e pinta-preta (Vivas et al., et al., 2010a; 2012b; 2013c; 2014 b; Moraes et al., 2019). Acredita-se que, a exploração do pool gênico para características de resistência a doenças em plantas dioicas pode contribuir para o melhoramento genético e conferir maior sustentabilidade a cultura do mamoeiro.

Baseado nessa premissa, no Brasil, um grupo de plantas dioicas juntamente com um grupo de genitores elites, parentais de híbridos registrados no Ministério de Agricultura Pecuária e Abastecimento, foram utilizadas para compor uma população de seleção recorrente (Moreira et al., 2019a; Santa-Catarina et al., 2020a,b). Essa população tem se mostrado promissora para seleção de genótipos com características agronômicas como: produtividade, firmeza de fruto, sólidos solúveis totais e frutos comerciais e resistência a doenças. A composição dessa população foi obtida pela mistura de dois pools gênicos, o que gerou indivíduos heterozigotos, impossibilitando a existência de repetição dos indivíduos em um

delineamento experimental. Tal formato deve-se dispor de formas de análise que suporte a ausência de repetição e que sejam precisas como, por exemplo, o modelo misto.

O modelo misto pode ser utilizado, tanto pela versatilidade da não obrigatoriedade de um delineamento experimental, quanto, pelo poder preditivo preciso e imparcial sobre respostas genéticas a partir de amostras da população. Ainda assim, o procedimento REML/BLUP é incipiente no melhoramento de mamoeiro (Pinto et al., 2013; Ramos et al., 2014; Cardoso et al., 2017; Moreira et al., 2018; Moreira et al., 2019b; Cortes et al., 2019; Santa-Catarina et al., 2020a,b) principalmente em se tratando de característica de resistência a doenças (Vivas et al., 2014; Moreira et al., 2018).

Neste contexto, o presente trabalho foi conduzido com o objetivo de caracterizar a população base do programa de seleção recorrente de famílias S0 (UCP-C0) quanto a resistência a pinta-preta e mancha-de-phoma e estudar o efeito da seleção direta e combinada, e, conseqüentemente indicar e selecionar genótipos. Para tanto, foram estimados os valores máximos, mínimos e as médias dos indivíduos, assim como, os parâmetros genéticos, o coeficiente de repetibilidade e os ganhos genéticos de seleção em diferentes alternativas para fins de melhoramento.

## **2. OBJETIVOS**

### **2.1. Objetivo geral**

Ampliar e conduzir a base genética do mamoeiro para características de resistência a doença, através da condução do programa de seleção recorrente utilizando uma população base como características para resistência a doenças, produção e qualidade de frutos.

### **2.2. Objetivos específicos**

Estudar a performance para resistência a pinta-preta e à mancha-de-phoma em população de seleção recorrente na cultura do mamoeiro;

Examinar o perfil da seleção de genótipos superiores via seleção direta e combinada;

Elaborar um índice de seleção em características relacionadas a resistência a pinta-preta e mancha-de-phoma para criar um ranking dos melhores genótipos;

Estimar a diversidade genética presente na população através da caracterização fenotípica dos genótipos;

Obter material genético que possa dar continuidade ao melhoramento nos anos futuros.

### 3. REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1. Botânica e Importância econômica

O mamoeiro pertence à família Caricaceae, e possui maior representatividade econômica dentre os outros cinco gêneros da família. Seu centro de origem se estende do norte da Amazônia até o sul do México. O conteúdo genético desta espécie *Carica papaya* L. está distribuído em 9 pares de cromossomos, 2N igual a 18. Destaca-se que está presente no cromossomo 'grupo de ligação um' o gene que determina as três diferentes possibilidades de tipos de flores que esta planta pode apresentar: i) as flores hermafroditas, que são as de interesse aos produtores por darem origem aos frutos tipo comercial, ii) as flores femininas, que são usadas pelos melhoristas de plantas em cruzamentos nos programas de melhoramento genético, e, iii) as flores masculinas, que são descartadas na maioria das vezes por não originar frutos (Storey 1941; Ming et al., 2007).

A espécie *C. papaya* se desenvolveu com diferentes variedades de acordo com os seus centros de origem, e, deste modo, apresenta variações de tamanho e peso entre seus frutos e coloração de polpa que pode ser vermelho até amarelada (Martins & Costa 2003, Santa-Catarina et al., 2021). Usualmente trata-se os frutos com peso 300 ~ 600 g e tamanho pequeno como pertencentes a um grupo de plantas denominados 'Solo'; e frutos com peso acima de 1.000 g e tamanho grande do grupo 'Formosa', cita-se uma tendência de que essa denominação de grupos heteróticos, com base em tamanho de frutos desapareça, visto que, frutos intermediários, já estão presentes no mercado consumidor (Pereira et al., 2018).

O mamoeiro tem como características ser uma planta de porte médio variando de 3 a 6 metros de altura, possui folhas grandes anexada por um longo pecíolo no tronco ereto, herbáceo e oco. Pode ser facilmente encontrado sendo cultivado em regiões de clima tropical e sub-tropical em cultivos protegidos, o seu desenvolvimento é satisfatório em locais com temperatura média anual de 25°C, com limites entre 21°C e 33°C, e precipitação pluviométrica de 1.500 mm anual bem distribuída (Martins e Costa 2003, Serrano e Cattaneo 2010). Além disso, apresenta grande densidade de plantas por hectare, com alta produtividade durante todo o ano, possui rápido desenvolvimento e é de fácil propagação (Trindade 2000).

Em termos de fruticultura global no ano de 2020, o Brasil produziu a terceira maior quantidade de frutas do mundo com um volume superior a 1,2 milhões de toneladas. Esta classificação coloca o país em destaque de produção de frutas, pois apenas o volume produzido pela Índia e República Dominicana foram maiores neste período. Ainda, em 2020, a área colhida de mamão no mundo foi de 475,727 mil hectares e uma produção de cerca de 14 milhões de toneladas, sendo a Índia, República Dominicana, Brasil, México e Indonésia representando o topo do ranking e responsáveis por mais de 75% da produção (FAOSTAT, 2022).

O Brasil, responde com 8,4% da produção mundial que movimentaram um total de pouco mais de 1 milhão de reais, segundo estimativas do IBGE para o ano de 2019 (Beling et al., 2021). Em termos de exportação o Brasil escoou 40,25 mil toneladas da fruta fresca, para os principais destinos: Alemanha (27,98%), Portugal (21,55%), Espanha (13,51%), Holanda (12,5%) e Reino Unido (10,67%) (Tridge/FAO, 2021).

No Brasil, os estados do Espírito Santo e da Bahia representam 68,28% da produção nacional com 403,28 390,07 mil toneladas de frutos, produzidos em 2019, respectivamente. Os demais estados produtores, em conjunto, Ceará, Rio Grande do Norte e Minas Gerais, respondem por 24% da produção nacional, com 297.832 ton, dados de 2019 (IBGE/PAM 2019).

O mamão foi a nona fruta fresca mais produzida pelo Brasil, com o percentual em relação ao volume total de frutas de 2,84%, correspondendo a US\$ 43 milhões de dólares (IBGE/PAM 2019, TRIDGE/FAO, 2021). Ademais, pela necessidade de renovação dos pomares, pode-se ressaltar a função social da cultura no Brasil, cuja produção absorve mão de obra regularmente durante o ano todo e gera um emprego  $ha^{-1}.ano^{-1}$  em média (Oliveira, 1994, Silva et al., 2004).

Os empregos gerados vão além da cadeia primária, uma vez que as aplicações da atividade da mamocultura também se encontram no meio da indústria de cosméticos e alimentos, podem ser citados o tratamento de pele e a produção de papaína direcionada como amaciante de carne vermelha (Ming et al., 2008, 2012). A fruta pode também ser consumida da forma “*in natura*” ou em constituição de sucos e vitaminas, geleias, compotas e doces etc.

### **3.2. Diversidade Genética no mamoeiro.**

As diferenças genéticas no mamoeiro são notáveis e podem ser melhor exploradas em todo o mundo. Há pelo menos seis décadas, Storey (1953), relatou a existência de variabilidade genética na cultura, com características aproveitáveis para o melhoramento genético. No Brasil a sustentação da variabilidade das lavouras vem sendo mantidas principalmente por três instituições: UENF/Caliman, INCAPER e EMBRAPA. Todas elas obtiveram resultados com vantagens funcional e prática para características que externam ou não a formação de grupos heteróticos sejam elas morfoagronômicas tais como: altura de planta, diâmetro de caule, tamanho de fruto, coloração da pele ou polpa do fruto, anomalias florais, entre outras, ou de qualidade como: firmeza de fruto, brix e sólidos solúveis.

Determinadas características foram priorizadas no processo de melhoramento do mamoeiro como, por exemplo: ausência de ramificações laterais ou anomalias florais, alta produtividade, frutificação precoce, peso de fruto, cor da polpa etc. Algumas características morfoagronômicas, com auxílio de técnicas avançadas de melhoramento, foram selecionadas e estão presentes em materiais genéticos comerciais recentemente lançados e disponíveis no mercado. No entanto, as características relacionadas a resistência a doenças ainda são insipientes e os campos de produção, ainda amargam perdas no pré-plantio, durante o cultivo e na pós-colheita, devido a epidemias severas de doenças virais e fúngicas, principalmente (Vivas et al., 2013d, 2014c; Santos et al., 2017).

Tais fatores constituem limitações sanitárias em plantios comerciais de mamoeiro. Mesmo adotando-se medidas legais de erradicação, tais como o rouging ou eliminação de plantas acometidas por viroses, ex. *Papaya ringspot vírus* (PRSV-P), *Papaya meleira vírus* (PMev), *Papaya letal yellowing vírus* (PLYV), em algumas regiões a cultura do mamoeiro ainda é deslocada para escapar de epidemias recorrentes. Isto também é válido para doenças fúngicas da cultura, tais

como: *Phytophthora* e *Rhizoctonia*. Algumas das razões para a transição dessas lavouras é a permanência de inóculo fúngico em restos culturais à espera de uma safra para outra, a ausência de cultivares resistentes e o sobre domínio de poucas variedades que são sucessivamente plantadas, evidenciando, assim, o indispensável desenvolvimento de novas cultivares.

Para obtenção de novas cultivares é necessário dispor de variabilidade genética entre ou dentro de grupos heteróticos (Faleiro et al., 2011). As instituições que dispõe de um banco de germoplasma ou populações segregantes exercem uma função fundamental de identificar, caracterizar os genótipos mais divergentes e sua organização. Estes programas de melhoramento ao fazerem estudos da variabilidade genética disponível, são capazes de determinar a distância genética entre os genótipos e desenvolver linhagens endogâmicas superiores ou genitoras de novos híbridos (Cruz et al., 2014).

A distância genética pode ser determinada por observações fenotípicas ou moleculares e analisadas por meio de diferentes métodos da análise multivariada. A escolha do método depende da precisão desejada pela equipe de pesquisa, de como os dados foram obtidos e da facilidade da análise (Cruz et al., 2014).

Para inferir sobre a diversidade genética, destaca-se o método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) por se tratar de uma técnica que utiliza as médias não ponderadas das medidas de dissimilaridade, evitando, assim caracterizar a dissimilaridade por valores externos (máximo e mínimo) entre os genótipos listados (Cruz et al., 2014).

As medidas de dissimilaridade são amplamente utilizadas em estudos de diversidade. O presente trabalho propõe a estimação da diversidade genética na população base de seleção recorrente de mamoeiro (UCP-C0) sem um arranjo experimental. A distância euclidiana média pode ser obtida por meio das observações individuais dos genótipos, sem a necessidade de experimento que envolvem delineamentos experimentais (Cruz et al., 2012).

### **3.3. Patógenos**

As doenças que acometem o mamoeiro e seus diferentes estádios de desenvolvimento do mamoeiro são responsáveis pela grande dificuldade no cultivo desta fruta em todo território nacional. São comumente encontradas doenças na cultura de origem fúngica e viral. Destaca-se, como doenças provocadas por fungos

com ampla ocorrência nos cultivos em todo o globo a pinta-preta (*Asperisporium caricae* (Speg.) Maubl.) e a mancha-de-phoma (*Stagonosporopsis caricae* (Sydow & P. Sudow) (Rezende e Martins 2005, Santos Filho et al., 2007, Oliveira et al., 2000).

Sob condições climáticas favoráveis e na ausência de controle a doença pode provocar perdas maiores que 50% das folhas da planta (Liberato e Zambolim, 2002)

O aparecimento de sintomas do *A. caricae* nas folhas causa lesões circulares de coloração preta ou esbranquiçadas quando há presença de sinais na parte inferior da folha, enquanto na área correspondente a lesão na parte superior apresenta coloração pardo clara circundadas por um halo amarelo, que posteriormente veem a converter-se a necróticas, estas manchas são de tamanho pequeno, porém em uma situação de alta infestação as lesões podem coalescer, mas mantendo muitas das vezes o aspecto que confere o nome comum da doença 'Pinta-preta' (Rezende e Martins 2005). No fruto a doença não chega a alcançar a polpa sendo as lesões restritas a camada delgada da casca e conferem um aspecto áspero ao tato, que resultam na depreciação do valor comercial e ainda favorece a infecção por patógenos pós-colheita (Liberato et al., 2007; Ventura et al., 2003).

A pinta-preta possui uma maior ocorrência dentro das lavouras nos períodos chuvosos, com umidade relativa acima de 80%. Neste período os sintomas são intensificados devido ao modo de disseminação e sobrevivência do patógeno, além da ocorrência de forte queda dos frutos que servem como fonte de inóculo (Suzuki et al., 2007; Adkaram e Wijapala, 1995).

A mancha-de-phoma é considerada a segunda doença mais importante em pós-colheita de frutos de mamão no Brasil (Rezende e Francelli 1997). O fungo mostra sintomas em todos os órgãos da planta acima do solo, e aparecem de forma variada em cada órgão, porém as perdas ocorrem significativamente nos frutos em pós-colheita, que após o aparecimento dos sintomas também é conhecido como podridão-peduncular (Mattos et al., 1994, Rezende e Martins, 2005).

Na folha a mancha-de-phoma coloniza principalmente as margens de folhas totalmente desenvolvidas as quais surgem manchas claras na superfície inferior e posteriormente tornam-se aparente na face superior. As manchas claras convertem-se em lesões necróticas e crescem atingindo 3 a 5 cm de diâmetro, o que acaba comprometendo grande porção da área foliar. No centro destas lesões

necróticas não raramente há a formação de anéis concêntricos constituídos dos picnídios (estruturas de frutificação) que produzem conídios que são disseminados por água na forma de respingos e as folhas doentes com lesões ativas constituem a principal fonte de inóculo secundário nas lavouras (Oliveira et al., 2000; Michereff e Barros, 2001; Liberato e Zambolim, 2002; Rezende e Martins, 2005).

A chuva e o vento são os principais disseminadores dos conídios, que permanecem sobre a superfície do tecido da planta até a ocorrência de uma injúria que favorece a infecção da planta pelo patógeno. Nos frutos, após a infecção, torna-se visível lesões com margens translúcidas marrons que se desenvolvem para uma podridão escura, firme e seca, permeando o pedúnculo e o fruto. Lesões escuras deprimidas, encharcadas e irregulares podem ocorrer em todo o fruto. Nas folhas, sob condições climáticas favoráveis e na ausência de controle, a doença pode provocar perdas de 100% das folhas (Rezende e Fancelli, 1997; Michereff e Barros, 2001).

### **3.4. Uso de agroquímicos indiscriminado e o controle de doenças**

Existe uma forte exigência do consumidor pela qualidade do produto final. Sobretudo, na uniformidade, tamanho, boa aparência, características organolépticas, segurança alimentar e proteção ao meio ambiente (Farias e Martins, 2002). Porém, a principal estratégia utilizada no Brasil para atender a estas exigências, é lançar mão do uso do modelo químico-dependente de agrotóxicos, criando em muitos casos situações de vulnerabilidade ocupacional, social, ambiental e sanitária (Carneiro et al., 2015). O pior cenário pode acontecer quando em alguns casos, este modelo resulta em trabalho degradante ou/e escravo, podendo resultar em acidentes de trabalho, intoxicações humanas, cânceres, malformação fetal em gestantes, contaminação do solo, ar, água e etc. (Pignat 2007 ; Carneiro et al., 2012).

A principal forma de controle recomendado da pinta-preta é através da pulverização de fungicidas ou retirada das folhas com sintomas, no entanto estas práticas se tornam custosas tanto ao produtor quanto para a planta, visto que os sintomas do fungo são facilmente encontrados em grande parte das folhas maduras durante todo o ano (Suziki et al., 2007, Oliveira,2009). Outras medidas de controle pesquisadas envolvem o controle biológico ou a indução de resistência (Moraes, 1992).

Para a mancha-de-phoma, não há o registro ou recomendação de produtos químicos comerciais capazes de controlar ou reduzir a ocorrência deste patógeno nas lavouras comerciais (MAPA – AGROFIT, 2022). É citado por Suzuki et al. (2007), que o controle cultural através da remoção de folhas senescentes e doentes durante a frutificação gera uma redução de mais de 20% na incidência de podridão-peduncular em pós-colheita.

A Produção Integrada de Frutas (PIF) pode ser uma estratégia para redução do uso indiscriminado de pesticidas, pois impõe a eliminação do uso de produtos mais perigosos à saúde humana ou mais prejudiciais ao meio ambiente, e ao mesmo tempo fomenta boas práticas de manejo agrícola com aplicação de tecnologias alternativas, o que coloca o produtor em melhor condição de competição no comércio mundial (Farias e Martins 2002).

Contudo, a utilização de genótipos resistentes é a forma mais eficiente e desejada para o controle de doenças em pomares comerciais de mamão (Vivas et al., 2012a).

### **3.5. Melhoramento vegetal**

Em uma forma mais resumida, Borém (1998), define o melhoramento de plantas como sendo, a arte e a ciência que propõe à alteração gênica das plantas buscando transformá-las para beneficiar o homem.

O melhoramento genético de plantas tem sido dirigido com algumas metas específicas, porém seu objetivo geral é a elevação do valor econômico das espécies. Em geral, o objetivo do melhorista é desenvolver genótipos com maior produtividade (Borém, 1998), e sempre que disponível inserir resistência horizontal, às principais pragas (Arie, 2019). Na fruticultura, pode-se destacar uma grande evolução nas lavouras decorrente do aumento da área de cultivo, da disponibilidade de novas tecnologias, do incremento da capacidade produtiva, da possibilidade de exportação e principalmente de um mercado extremamente exigente quanto a qualidade do fruto (Lima et al., 2001).

O melhoramento genético do mamoeiro no Brasil era inexistente até a década de 60 e as lavouras eram compostas por mamoeiros dioicos também chamados de mamoeiros comuns e uma das principais características eram a presença de frutos grandes, arredondados e plantas com ramificações laterais que surgiam no tronco no longo do ciclo da cultura. Em 1976/77 houve a introdução de

cultivares do grupo “Solo” e de híbridos do grupo “Formosa” e durante quatro décadas, apenas cerca de dez variedades e um híbrido dominaram as áreas de cultivo de mamão no país (Marin et al., 2018), as cultivares introduzidas não se atentaram para atributos de resistência a doenças. Desta maneira, a estreita base genética da cultura preeminente até um passado recente confere uma restrita variabilidade genética nos campos de produção e o cultivo fica suscetível ao ataque de pragas e doenças (Donadio e Zaccaro, 2021), além do que, as variedades do grupo ‘Solo’ têm apresentado problemas de segregação tanto para qualidade da polpa quanto para formato do fruto.

Focados no fortalecimento do mercado interno e externo, os programas de melhoramento genético têm como um dos objetivos ampliar a base genética da cultura, inclinado para o desenvolvimento de genótipos superiores, e contribuir para uma menor dependência em relação ao mercado externo, de maneira especial em relação à obtenção de híbridos (Pérez, 2004, Marin et al., 2018).

O primeiro híbrido de mamão brasileiro recomendado aos produtores, foi produzido pela UENF/Calimam e tem mostrado superioridade em relação ao híbrido “Tainung 01” do grupo Formosa, sendo uma alternativa para o cultivo do mamoeiro em diferentes regiões do país e também em outros países pela exportação de suas sementes (Pereira et al., 2018). Em 2018, o grupo UENF/Calimam registrou oito novos híbridos no Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento – MAPA, pertencentes ao grupo Solo, com destino principal para mercados internacionais.

Hoje no Brasil, destacam-se três instituições que possuem programas de melhoramento de mamoeiro que registram e disponibilizam para o plantio aos produtores mais de 60 variedades entre cultivares e híbridos. Porém, nenhuma dessas são resistentes à pinta-preta ou mancha-de-phoma (MAPA, 2022).

### **3.6. Seleção recorrente e sua importância no melhoramento de plantas**

O grande desafio do melhorista de plantas é lidar com a forte influência do ambiente na maioria dos caracteres morfoagronômicos que são de natureza quantitativa, ou seja, são controlados por muitos genes. Outro fator limitante ao melhoramento de plantas é a necessidade de trabalhar simultaneamente com várias características, acompanhado à presença de alelos de interesse em genitores diferentes. De acordo com o que foi dito, torna-se impossível em apenas

um cruzamento, acumular e selecionar os alelos favoráveis, sem considerar, ainda, efeitos de epistasia e dominância.

A seleção recorrente é assim chamada, por possibilitar a seleção várias vezes de cruzamentos em série, buscando-se a cada seleção as características de maior interesse dos progenitores elite, somado as características dos genitores doadores das características desejáveis no melhoramento. Sendo assim, a metodologia mostra-se como boa alternativa para se obter sucesso nos programas de melhoramento genético (Bernardo, 2002, Ramalho et al., 2012).

Hull (1945), citou pela primeira vez o termo “seleção recorrente”, referindo-se a um método de melhoramento cíclico, com objetivo de estimar a capacidade combinatória de linhagens de milho. Este método pode ser utilizado em cruzamentos de espécies alógamas e autógamias, porém devido a facilidade, é tradicionalmente mais empregada nos programas de melhoramento de espécies alógamas (Ramalho et al., 2012). Com o passar do tempo e avanços nos estudos envolvendo este método de melhoramento, foram propostas estratégias de seleção assim como, uma separação por grupos genealógicos, sempre regidos pelas etapas cíclicas que caracterizam o método. Estes pontos serão expostos a seguir.

Quanto a estratégia de realização do método de seleção recorrente, esta possui duas principais diferenças:

i) Seleção baseada em populações estruturadas em progênies. Nesta situação leva-se em consideração a informação do genótipo avaliando-se sua progênie, onde pode-se obter ganhos eficientes para caracteres quantitativos e qualitativos;

ii) e a seleção baseada no fenótipo ou massal. Avalia-se a planta *per se* e os ganhos para caracteres quantitativos ou de baixa herdabilidade não são eficientes por se basear apenas no fenótipo das plantas constituintes da população (Fehr, 1993, Hallauer et al., 2010, Ramalho et al., 2012).

Segundo Paterniani e Miranda Filho (1987), o método de seleção recorrente pode ser dividido em dois grupos:

i) intrapopulacional, com alvo no melhoramento do desempenho *per se* da população; e

ii) interpopulacional, em que, além do melhoramento do desempenho das populações envolvidas, tem-se como alvo principal o melhoramento do híbrido resultado dos cruzamentos entre as populações.

O processo cíclico do método de seleção recorrente, pode ser dividido então em três etapas: i) a obtenção de progênies, ii) avaliação, iii) seleção e recombinação das melhores plantas, ou seja, os materiais com características de interesse ao programa são selecionados e recombinados para gerar uma nova população. Neste método o processo de enriquecimento da categoria elite faz-se através do aumento da frequência dos alelos favoráveis a cada ciclo e em repetir os mesmos procedimentos com conseqüente deslocamento da média de cada caráter no sentido desejado (Gerald, 1997, Hallauer et al., 2010).

Trabalhos que envolvem seleção recorrente na cultura do mamoeiro são escassos, Moreira et al. (2017), citam que é possível explorar ganhos intrapopulacionais, e que, selecionar entre e dentro de famílias de meios-irmãos pode fornecer maiores ganhos quando comparada à seleção baseada em médias de progênies, devido à variabilidade dentro da progênie e ao coeficiente de variação individual.

Pereira e Santa-Catarina (2021) citam o método de seleção recorrente como uma estratégia eficiente de obtenção de novas cultivares de mamoeiro. Os mesmos autores destacam o ineditismo do uso da técnica para o melhoramento do mamoeiro e a importância da composição da população base no sucesso do método, para possibilidade de diferentes opções para a formação de novas populações segregantes.

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1. Obtenção da população de trabalho

O material estudado foi procedente da população-base do programa de seleção recorrente de mamão denominada UCP-C0 (UENF Caliman População Ciclo 0) (Santa-Catarina et al., 2020a). Para a obtenção da UCP-C0 foram empregadas cinco progênies de meios irmãos utilizados como genitor feminino, consideradas mais resistentes às doenças pinta-preta e mancha-de-phoma: STA-22 (3), STA-05 (5), STA-17 (6), STA-02 (6) e STA-04 (5), (Vivas et al., 2012a, 2013a, 2014). Cinco progênies andromônicas (hermafroditas) foram usadas como doadoras de pólen por serem genitoras de híbridos já registrados no MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, denominadas: SS-72/12, JS-12, Sekati, UC-36/7 e UC-41/7, (Pereira et al., 2019 a, b, c).

Para polinizar as plantas femininas, uma mistura de pólen das plantas andromônicas foi preparada a partir de flores em fase próxima a antese. Foram coletadas 50 flores de plantas hermafroditas de cada genitor elite para compor o “mix”, totalizando 250 flores. O pólen foi retirado das flores e colocado em tubo Eppendorf de 2 ml para formar o “mix” de pólen. Os botões florais das plantas femininas foram polinizados com pincel de pelo fino. Após polinização, as flores foram protegidas com saco de papel medindo 13,5 x 19,5 cm, para evitar contaminação de pólen indesejável do ar. Apenas plantas femininas da população dioica foram utilizadas, as quais receberam pólen das plantas hermafroditas. Neste momento houve a conversão sexual através da substituição do cromossomo Y (masculino) pelo cromossomo sexual  $Y^h$  (hermafrodita) (Ming et al., 2007). De cada fruto obtido foram coletadas quantidades iguais de sementes só então, estas foram

agrupadas para formar a população base de mamão UCP-C0. Essas sementes foram semeadas em tubetes e as mudas conduzidas em casa de vegetação e aclimatadas por cerca de 30 dias. Posterior a aclimação, as mudas foram transplantadas na área experimental.

#### 4.2. Condições experimentais

As mudas foram transplantadas para a área experimental, com espaçamento de 1,5m x 3,6m, utilizando três mudas por cova. O transplante ocorreu no mês de setembro do ano de 2016. A sexagem das plantas ocorreu aproximadamente aos 90 dias após o transplante, onde, foram eliminadas as plantas femininas deixando apenas uma planta hermafrodita por cova, que foi considerada a parcela de mensuração. As avaliações ocorreram em junho, setembro e dezembro de 2017. As práticas culturais foram realizadas conforme a recomendação para a cultura e orientadas pela empresa CALIMAN agrícola S.A.

A área experimental foi localizada nas coordenadas 19° 23' S latitude, 40° 04' O longitude e 33 m altitude acima do nível do mar, em Linhares, ES, na fazenda Santa Terezinha, na empresa Caliman Agrícola S.A. Durante o experimento houve um volume de precipitação de 1366 mm e as médias diárias de velocidade do vento, temperatura do ar e umidade relativa do ar foram: 2.94 m.s<sup>-1</sup>, 24.4 °C, 73.15%, respectivamente, dados obtidos pela estação meteorológica de Linhares – ES, INMET (Figura 1). O clima da região é classificado como tipo AWi (tropical úmido), com verão chuvoso e inverno seco (Alvares et al., 2013).

Destaca-se que, em função da avaliação individual da população inicial, não foi empregado delineamento experimental, sendo as análises realizadas através da modelagem mista, e será descrita no subitem 'metodologia dos modelos mistos'.

#### 4.3. Características avaliadas

As características avaliadas foram: Incidência de pinta-preta na folha (IPFFO): calculada pela relação do número de folhas com sintomas de pinta-preta e do número de folhas totais da planta, segundo a fórmula:  $IPFFO = \left( \frac{N^{\circ} \text{ de folhas com pinta-preta}}{N^{\circ} \text{ de folhas totais}} \right) * 100$ . Incidência de pinta-preta no fruto (IPFFR): calculada pela relação do número de frutos com sintomas de pinta-preta e do número de frutos totais da planta, segundo a fórmula:  $IPFFR =$

$\left(\frac{N^{\circ} \text{ de frutos com pinta-preta}}{N^{\circ} \text{ de frutos totais}}\right) * 100$ ; Severidade de mancha-de-phoma na folha (SMPFO): observada na folha posterior à folha cujo pecíolo detinha a primeira inflorescência recém-aberta; Severidade de pinta-preta na folha (SPPFO): observada na folha cujo pecíolo detinha a primeira inflorescência recém-aberta; Severidade de pinta-preta no fruto (SPPFR): observada nos frutos de estágio 0 (ponto de colheita).

Os valores de severidade de pinta-preta na folha foram estimados com auxílio de escala diagramática adotada por Vivas et al. (2011) com os valores de área lesionada de 0,2; 1,6; 3,5; 5,4; 7,6 e 12,8%. A severidade de pinta-preta no fruto foi estimada com os frutos no estágio 0 de maturação, com o auxílio de escala diagramática proposta por Vivas et al. (2010), com percentagens de área superficial lesionada de 0,1; 0,3; 0,6; 1,2; 2,5; 5,0; 10,0 e 20,0%. Os valores de severidade de mancha-de-phoma foram estimados com auxílio de escala diagramática descrita por Terra et al. (2008), com os valores de área lesionada de 1; 2; 4; 8; 16 e 32%.

#### 4.4. Metodologia dos modelos mistos

Foram estimados os seguintes componentes de variância (REML individual) e parâmetros genéticos associados à repetibilidade:  $\sigma_{fp}^2$ : variação fenotípica permanente entre plantas (variação genotípica + variação ambiental permanente entre as medidas);  $\sigma_{et}^2$ : variação ambiental temporária;  $\sigma_f^2$ : variação fenotípica individual ( $\sigma_{fp}^2 + \sigma_{et}^2$ );  $r$ : repetibilidade individual  $\left(\frac{\sigma_{fp}^2}{\sigma_{fp}^2 + \sigma_{et}^2}\right)$ ;  $rm$ : repetibilidade da média de  $m$  medições repetidas  $\left(\frac{\sigma_p^2}{\sigma_{fp}^2 + \frac{\sigma_{et}^2}{3}}\right)$ ;  $Acm$ : precisão com base na média de  $m$  medições repetidas  $(\sqrt{rm})$  e  $MG$ : média geral do experimento. Para estimar os Blup's, utilizou-se o seguinte modelo:  $Y = Xm + Wp + e$ . Em que:  $y$  é o vetor de observação;  $m$  é o vetor de efeito de medição (assumido como fixo) adicionado à média geral;  $p$  é o vetor de efeito permanente da planta (efeitos genotípicos + efeitos ambientais permanentes e temporários assumidos aleatoriamente); e  $e$  o vetor residual (aleatório) (Resende, 2016). Este é o modelo básico de repetibilidade empregado para experimentos sem delineamento experimental. A aplicação do modelo se justifica uma vez que na UCP-C0 cada planta é um indivíduo diferente, não sendo possível utilizar delineamento experimental.

#### 4.5. Caracterização da população

Para todas as características fenotípicas, foram estimados a média, as amplitudes a partir dos valores máximo e mínimo, obteve-se a matriz de dissimilaridade genética através da distância média euclidiana e calculou-se o coeficiente de correlação cofenético (CCC).

O dendrograma foi obtido pelo método de ligação média entre os grupos (UPGMA). Na sequência, foi utilizado o método de Mojena para o estabelecimento dos grupos e assumiu-se a constante  $k$  igual ao valor do CCC (Mojena, 1977). O método de ligação média propõe um procedimento de cálculo com base nas distâncias no dendrograma ou no tamanho relativo dos níveis de fusão. A utilização de um critério estatístico permite selecionar o número de grupos sem a necessidade de conhecimento prévio da conformação dos grupos. O método resume-se satisfazer à inequação  $\alpha_j > \theta_k$ , sendo que  $\alpha_j$  é o valor de distâncias dos níveis de fusão correspondentes ao estágio  $j$  ( $j=1, 2, \dots, n$ ) e  $\theta_k$  é o valor referencial de corte, expresso por  $\theta_k = \bar{\alpha} + k\sigma_{\alpha}$ , em que  $\bar{\alpha}$  e  $\sigma_{\alpha}$  são, respectivamente, as estimativas não viesadas da média e do desvio-padrão dos valores de  $\alpha$ , sendo  $k$  uma constante.

A análise estatística foi feita no software R, utilizando os pacotes Circlize e Ecodist (R Development Core Team, 2018).

#### 4.6. Critérios de seleção adotados

##### 4.6.1 Seleção direta

Na seleção direta, 30 indivíduos (11,7%) superiores (com menores valores das variáveis de doença), foram classificados e o ganho de seleção foi estimado pela fórmula:

$G_s = (D_s * r_m)$ , sendo  $D_s$  o diferencial de seleção expresso por:  $D_s = (\bar{X}_s - \bar{X}_0)$ , que foi calculado através da diferença entre a média da população  $X_0$ , estimada através da média geral do experimento e o valor médio dos indivíduos selecionados  $X_s$ , e,  $r_m$ : repetibilidade média, que fornece o limite superior dos coeficientes de herdabilidade (Viana e Resende, 2014).

Para auxiliar a visualização dos indivíduos na seleção direta foi utilizado o diagrama de Venn como ferramenta de agrupamento dos genótipos. Os 30 indivíduos superiores para cada uma das características avaliadas foram plotados

no diagrama de Venn com o auxílio do pacote “vennDiagram”, disponível no software estatístico R.

#### **4.6.2. Seleção simultânea de várias características (variáveis de doença) com base no índice de seleção**

Para selecionar os indivíduos considerando simultaneamente várias características, foi utilizado o índice de seleção combinada (ISC). Esse índice associa pesos às médias padronizadas das características selecionadas, conforme a seguinte equação:

$$\sum_{i=1}^n (Fp_i * p_i), \text{ onde:}$$

$Fp_i$  é o valor fenotípico permanente padronizado da característica  $i$ , e  $p_i$  é o peso econômico atribuído à característica  $i$ .

Os pesos atribuídos para as 5 características foram: SMPFO (200), SPPFR (200), SPPFO (100), IPPFR (200) e IPPFO (100). Estes pesos foram estabelecidos com base na importância relativa dada arbitrariamente a cada característica, de acordo com o conhecimento dos melhoristas do programa de melhoramento de mamão da UENF / CALIMAN. Como na população estudada cada planta é um indivíduo diferente, pesos maiores (200) foram atribuídos às características de maior importância relacionadas à qualidade fitossanitária do fruto (SPPFR, IPPFR), sendo que o peso (200) para a característica SMPFO foi por tentativa e erro, objetivando maximizar os ganhos para todas as características. Para estimar o ISC, foi utilizado o software Selegen REML / BLUP.

Para cada característica, os valores fenotípicos permanentes foram obtidos para cada indivíduo, e estes foram padronizados conforme a equação:

$$Fp_i = \left( \frac{X_i - \bar{X}}{\sigma} \right), \text{ em que } Fp_i \text{ é o valor fenotípico padronizado;}$$

$X_i$  é o valor para o indivíduo;

$\bar{x}$  é a média geral de todos os indivíduos;

$\sigma$  é o desvio-padrão da distribuição. Após padronização, os valores fenotípicos permanentes foram multiplicados pelos pesos retirados do índice acima mencionado. Os indivíduos com a menor soma total de todas as características (valor final do ISC) foram considerados superiores.

## 5. RESULTADOS

### 5.1. Análise de dissimilaridade genética

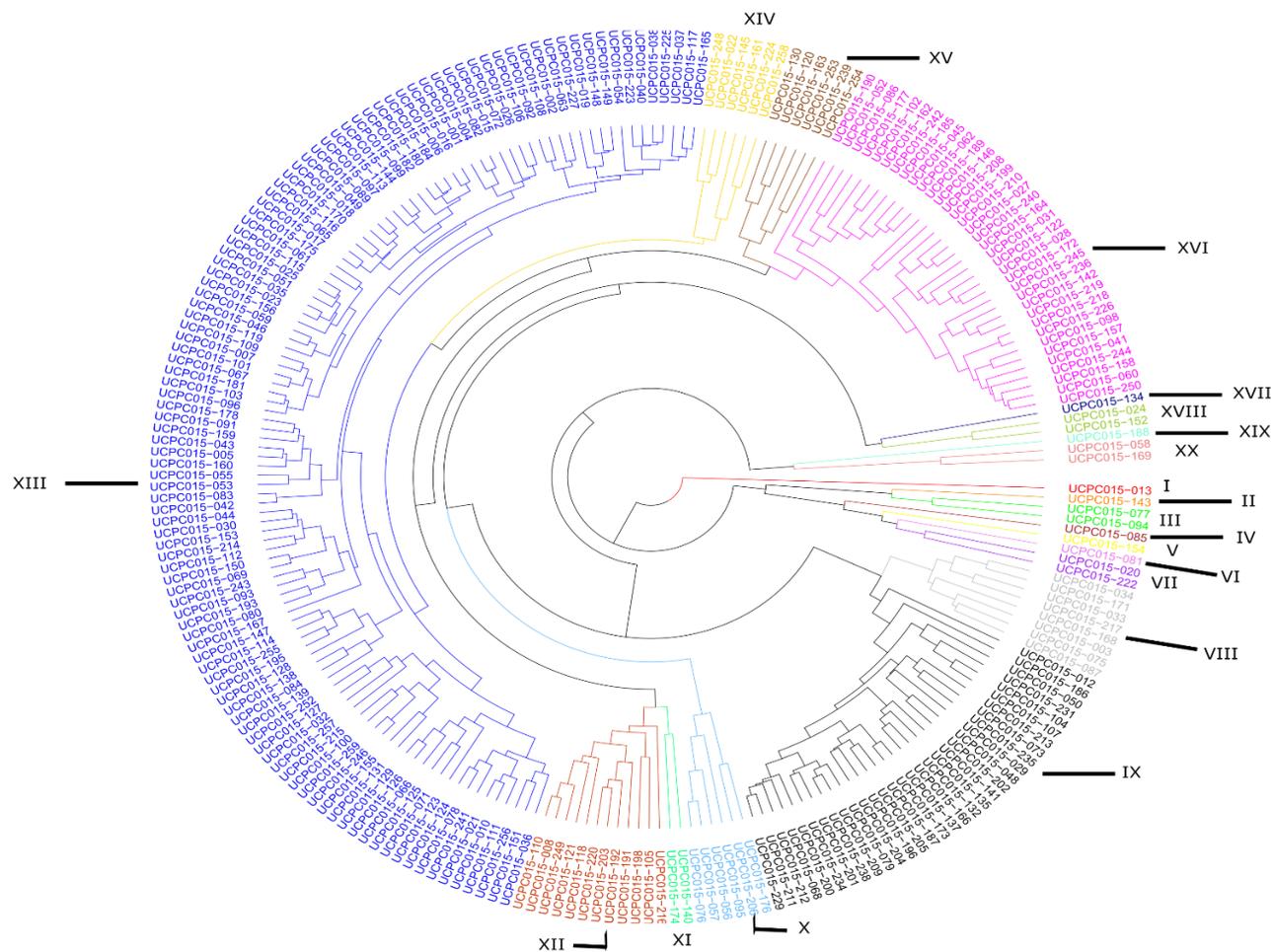
Foram encontrados valores mínimo, máximo e médio, respectivamente, para cada característica: SMPFO (0,15; 16,67; 2,57), SPPFR (0,03; 6,00; 0,69), SPPFO (0,07; 1,40; 0,16), IPPFR (6,12; 66,66; 35,75), IPPFO (50,38; 87,06; 68,22), com base nos dados de cada planta da população.

Para a característica SPPFO observou-se uma pequena magnitude na variação dos valores, no entanto o valor mínimo de 0,07 está próximo da severidade almejada em um genótipo resistente.

O dendrograma obtido pela análise de agrupamento dos 234 genótipos pelo método UPGMA, com base nas distâncias euclidianas médias está representado na figura 1, e foram formados 20 grupos considerando todas as características.

As médias de cada grupo foram utilizadas para representar o grau de resistência presente na população, e com isso, será apresentado os grupos que reúnem os indivíduos de interesse para o programa devido à resistência encontrada de cada característica figura 2.

Para a característica SMPFO observou-se a variação de 0,15 para o grupo XVII a 16,67 para o grupo V. Os grupos que reúnem os indivíduos promissores quanto a resistência à mancha-de-phoma são: I, VIII, IX, X, XI, XII, XIII, XIV, XV, XVI, XVII, XVIII, XIX e XX, os grupos III, IV e VI apresentam resistência moderada e os grupos que reúnem os indivíduos com maior suscetibilidade a mancha-de-phoma são os grupos II, V e VII.



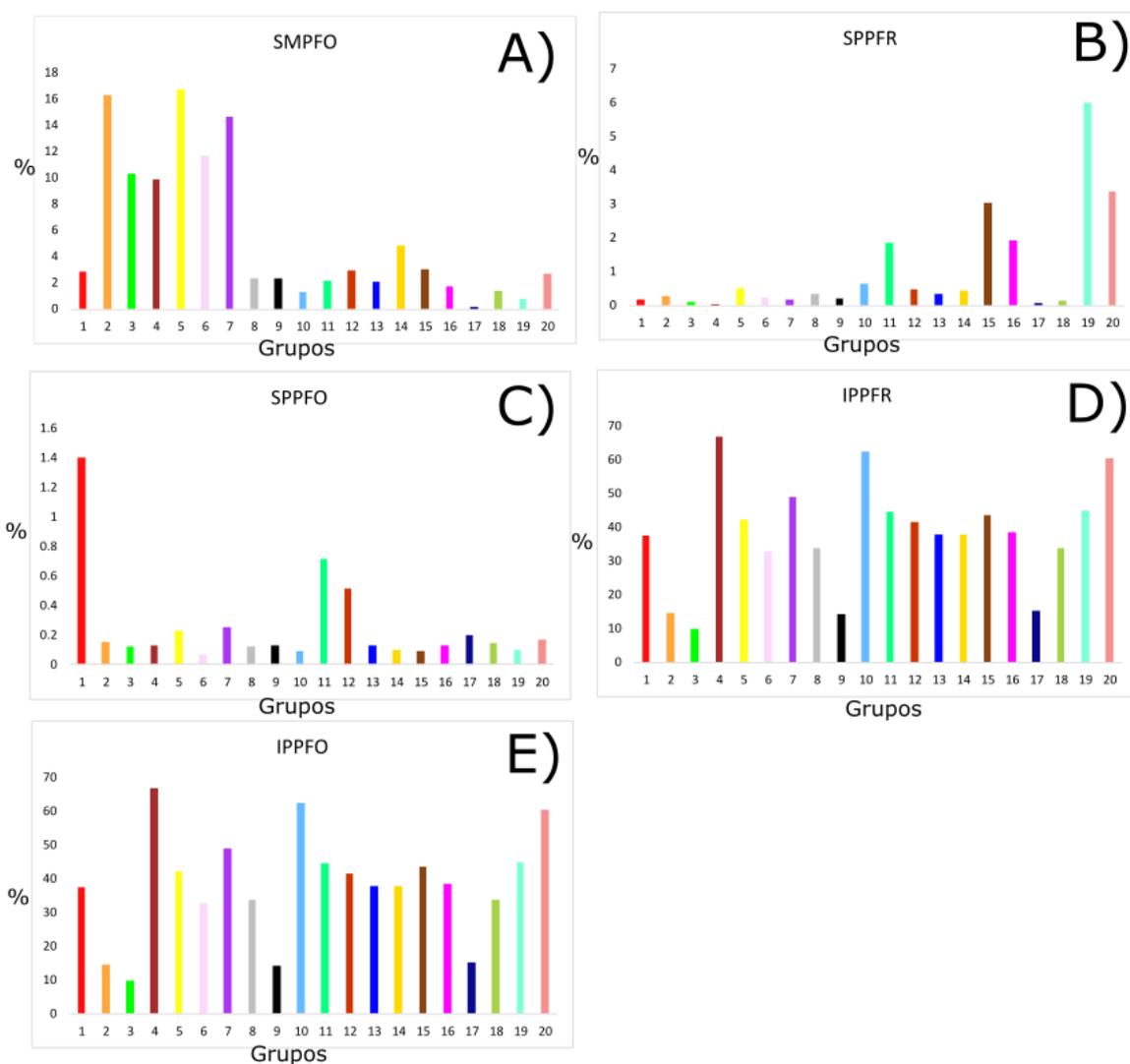
**Figura 1.** Dendrograma obtido pelo método da ligação média entre grupos (UPMGA), com base na análise de 234 indivíduos S0 da população UCP-C0 de mamoeiro, usando a distância média euclidiana padronizada para a análise de características de resistência a pinta-preta e mancha-de-phoma.  $K$  = coeficiente de correlação cofenética = 0,8.

Para a característica SPPFR observou-se a amplitude de 0,03 para o grupo IV a 6,0 para o grupo XIX. Os grupos que reúnem os indivíduos com maior suscetibilidade a severidade de pinta-preta no fruto estão presentes no grupo XIX; os grupos XI, XV, XVI e XX reúnem indivíduos com resistência moderada e, os demais grupos se mostraram promissores quanto a resistência à severidade de pinta-preta no fruto.

Para a característica SPPFO observou-se a amplitude de 0,07 para o grupo VI a 1,4 para o grupo I. A maior suscetibilidade foi encontrada no grupo I, os indivíduos com suscetibilidade moderada estão reunidos nos grupos XI e XII e os demais grupos se mostram promissores quanto à resistência à severidade de pinta-preta na folha.

Para a característica IPPFR observou-se a amplitude de 9,6 para o grupo III a 66,66 para o grupo IV. Os indivíduos que reúnem os indivíduos com maior suscetibilidade a incidência à pinta-preta no fruto estão presentes nos grupos IV, X e XX, os grupos I, V, VI, VII, XI, XII, XIII, XIV, XV, XVI, XVIII e XIX reúnem indivíduos com resistência moderada e os grupos II, III, IX e XVII se destacam por reunirem os indivíduos promissores quanto a resistência à incidência a pinta-preta no fruto.

Para a característica IPPFO observou-se a amplitude de 54,5 para o grupo XIX a 84,5 para o grupo XVIII. Quanto aos agrupamentos formados nesta característica podemos destacar os grupos com suscetibilidade moderada sendo pertencentes aos grupos II, III, VIII, IX, XIV e XIX, e podemos destacar os grupos I, IV, V, VI, VII, X, XI, XII, XIII, XV, XVI, XVII, XVIII e XX como os grupos que reúnem os indivíduos mais susceptíveis a incidência de pinta-preta na folha.



**Figura 2.** Representação gráfica das médias dos 20 grupos para características de resistência à pinta-preta e mancha-de-phoma, avaliadas na população UCPC0 de seleção recorrente de mamoeiro. A) Severidade de mancha-de-phoma na folha– SMPFO (%). B) Severidade de pinta-preta no fruto – SPPFR (%). C) Severidade de pinta-preta na folha - SPPFO (%). D) Incidência de pinta-preta no fruto – IPPFR (%); E) Incidência de pinta-preta na folha – IPPFO (%); Cores das barras representam as cores dos grupos da “figura 1”.

## 5.2. Componentes de variância e parâmetros genéticos

Observou-se variabilidade genética entre os indivíduos, possibilitando a seleção de genótipos superiores para todas as características de doença avaliadas (Tabela 1).

**Tabela 1:** Análise de deviance para características de resistência à mancha-de-phoma e pinta-preta em 255 indivíduos de mamoeiro

Característica	Efeito		Teste
	Modelo completo	Genótipo	LRT ( $\chi^2$ )
SMPFO	2578,26	2058,89	519,37**
SPPFR	3203,50	3149,83	53,67**
SPPFO	5659,35	5234,04	425,31**
IPPFRR	5737,04	5255,24	481,80**
IPPFO	6358,93	6349,10	9,83**

\*\* significativo a 1 % de probabilidade pelo teste Qui-quadrado. LRT( $\chi^2$ ): teste de razão de verossimilhança.

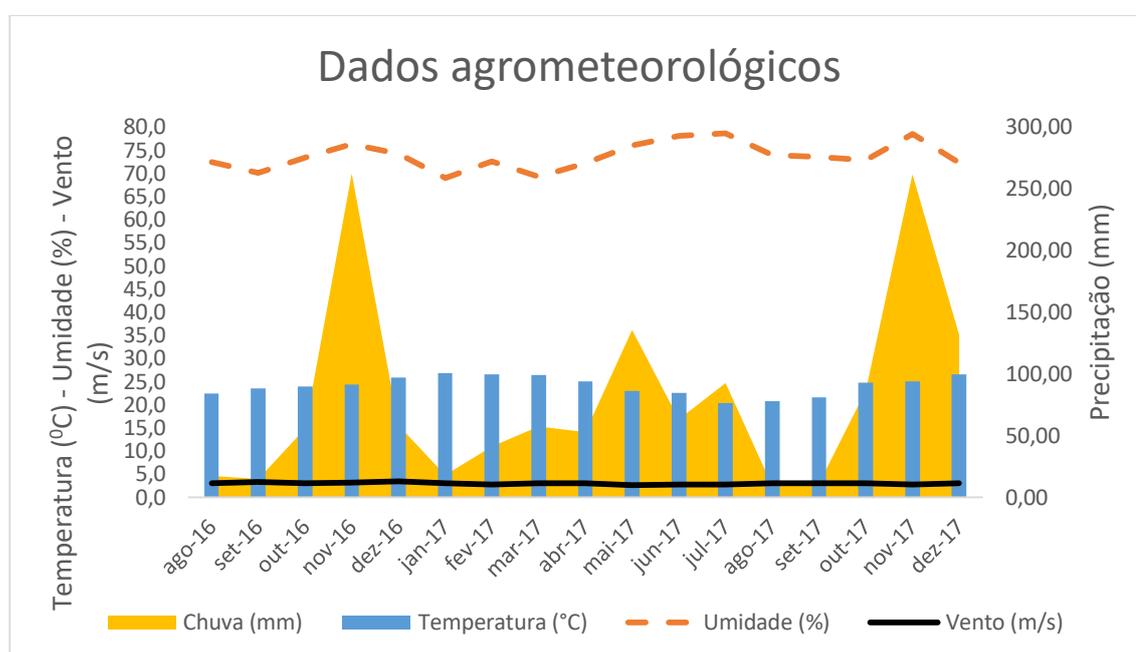
A variância de ambiente temporário ( $\sigma^2_{et}$ ) representou a maior porcentagem da variância fenotípica individual ( $\sigma^2_f$ ), para todas as características analisadas (Tabela 2). Esses valores indicam que a variância ambiental, para essas características, foram relativamente altas, comparada com a variância existente entre plantas. Tal fato pode ter ocorrido em função da complexidade na interação envolvida entre planta x patógeno x ambiente e a natureza da característica. Isso é esperado, pois o desenvolvimento de sintomas nas plantas tem forte influência das condições ambientais, as quais, sofrem variações sazonais significativas

**Tabela 2:** Estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos associadas a repetibilidade das características obtidas por meio do procedimento REML, avaliados em 255 plantas de mamoeiro

Características	$\sigma^2_{fp}$	$\sigma^2_{et}$	$\sigma^2_f$	rm	Acm	MG
SMPFO	0,67	7,81	8,48	0,20	0,45	2,21
SPPFR	0,56	44,44	45,00	0,04	0,19	1,18
SPPFO	23,46	1076,98	1100,44	0,06	0,25	3,29
IPPFRR	85,51	1056,02	1141,52	0,19	0,44	41,90
IPPFO	1065,57	5251,86	6317,43	0,38	0,61	87,47

$\sigma^2_{fp}$ : Variância fenotípica permanente entre plantas (variância genotípica + variância ambiental), permanente entre medidas.  $\sigma^2_{et}$ : Variância ambiental temporária.  $\sigma^2_f$ : Variância fenotípica individual. rm: repetibilidade da média de m medições repetidas. Acm: acurácia da média de m medições repetidas. MG: Média geral do experimento. SMPFO: Severidade de mancha-de-phoma na folha. SPPFR: Severidade de pinta-preta no fruto. SPPFO: Severidade de pinta-preta na folha. IPPFR: Incidência de pinta-preta no fruto. IPPFO: Incidência de pinta-preta na folha.

Observou-se que na região do experimento ocorreu uma condição climática atípica com uma concentração de chuvas em curtos períodos, com volume acumulado de aproximadamente 1366 mm (agosto/2016 ~ dezembro/2017). Embora a umidade relativa máxima neste período não ultrapassou os 81%. Observou-se também uma baixa velocidade de ventos ( $<3,0 \text{ m.s}^{-1}$ ) durante o experimento (Figura 3). A atipicidade das condições climáticas pode ter influenciado na resposta genética dos indivíduos.



**Figura 3:** Discriminação climática da estação agrometeorológica de Linhares-ES no período de agosto de 2016 a dezembro de 2017.

A repetibilidade individual observada variou de 0,17 a 0,01. Estes valores são considerados de baixa repetibilidade  $r < 0,30$ . No entanto, essas estimativas foram precisas conforme demonstrado por seus respectivos erros padrão para as características IPPFO, IPPFR e SMPFO. Observa-se que para as características SPPFO e SPPFR os valores de repetibilidade não superaram seus respectivos desvios-padrão. No geral, justifica-se o uso de procedimentos de seleção baseados em modelos mistos, pois mesmo com características de baixa repetibilidade, é possível prever ganhos genéticos combinados favoráveis e os genótipos apresentam potencial para seleção (Tabelas 1 e 2).

O coeficiente de repetibilidade baseado na média (rm) de três medidas e a acurácia média apresentou magnitude intermediária ( $r > 0,6$ ) para a característica IPPFO, e, as demais características tiveram baixa magnitude (Tabela 2). Para o parâmetro de acurácia média, verificou-se uma variação de 0,61 (IPPFO) a 0,19 (SPPFR).

### Seleção Direta

As estimativas de ganho genético foram favoráveis quando se simulou a seleção direta (SD) para as características SMPFO, SPPFO e IPPFR, pois observou-se ganhos negativos para todas características (Tabela 3). A realização de seleção direta para as características SPPFR e IPPFO capitalizam ganhos apenas para si mesmas, o que em termos de resistência de um genótipo pode ser considerado insuficiente (Tabela 3).

**Tabela 3:** Estimativa das médias originais da população UCP0 ( $X_0$ ), médias dos indivíduos selecionados ( $X_s$ ),  $rm$ : representando o máximo da herdabilidade, Desvio de seleção (DS), Ganho de seleção em termos de porcentagem (GS%). Seleção truncada para característica (\*)

	SMPFO	SPPFR	SPPFO	IPPFR	IPPFO
$X_0$	2,21	1,18	3,29	41,91	87,47
$rm$ ( $h^2$ )	0,20	0,04	0,06	0,19	0,38
Seleção truncada ( $p=0.1$ )	SMPFO*	SPPFR	SPPFO	IPPFR	IPPFO
$X_s$	1,89	1,17	3,13	41,60	86,45
DS	-0,32	-0,01	-0,16	-0,31	-1,03
GS%	-2,90	-0,05	-0,30	-0,14	-0,45
	SMPFO	SPPFR*	SPPFO	IPPFR	IPPFO
$X_s$	2,23	1,14	3,30	43,48	103,13
DS	0,02	-0,04	0,01	1,58	15,65
GS%	0,15	-0,14	0,02	0,71	6,80
Tabela 3 – Cont.	SMPFO	SPPFR	SPPFO*	IPPFR	IPPFO
$X_s$	2,03	1,18	3,09	41,55	87,19
DS	-0,24	0,00	-0,20	-0,28	1,67
GS%	-1,66	-0,04	-0,36	-0,16	-0,12
	SMPFO	SPPFR	SPPFO	IPPFR*	IPPFO
$X_s$	2,16	1,15	3,11	39,07	86,40
DS	-0,05	-0,03	-0,18	-2,83	-1,07
GS%	-0,42	-0,10	-0,33	-1,29	-0,46

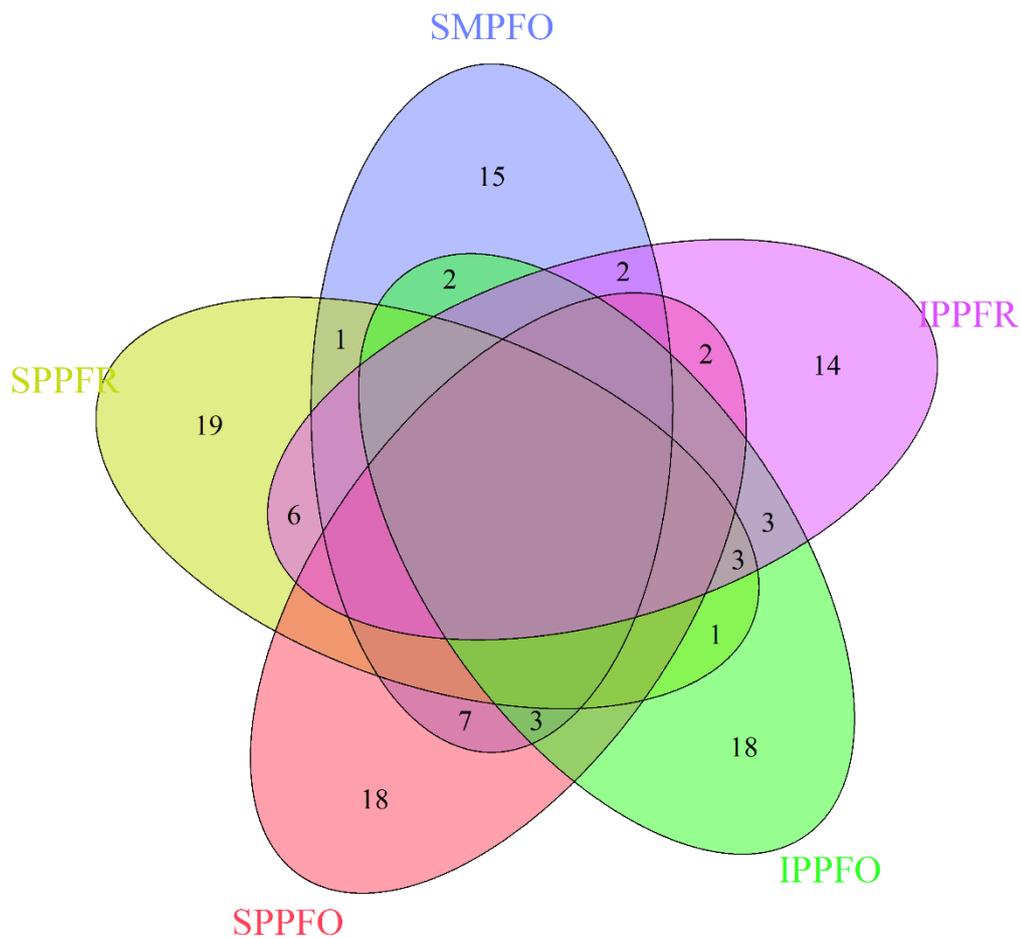
**Tabela 3 – Cont.**

	SMPFO	SPPFR	SPPFO	IPPFR	IPPFO*
Xs	2,35	1,25	3,76	42,42	77,99
DS	0,14	0,07	0,47	0,52	-9,48
GS%	1,25	0,24	0,86	0,24	-4,12
Seleção pelo índice	SMPFO	SPPFR	SPPFO	IPPFR	IPPFO
Xs	1,96	1,15	3,10	39,88	81,37
DS	-0,26	-0,03	-0,19	-2,03	-1,03
GS%	-2,13	-0,10	-0,35	-0,92	-2,65

\* Seleção praticada a favor. SMPFO: Severidade de mancha-de-phoma na folha. SPPFR: Severidade de pinta-preta no fruto. SPPFO: Severidade de pinta-preta na folha. IPPFR: Incidência de pinta-preta no fruto. IPPFO: Incidência de pinta-preta na folha.

Observa-se no diagrama de Venn a existência de intercessão ( $\cap$ ) tripla (Figura 4). Dentro de cada conjunto formado pela intercessão tripla estão três genótipos, os quais, são detentores de resistência genética a cada característica que compõe o conjunto, e assim, indicando a importância da utilização destes indivíduos dentro do programa de melhoramento.

No diagrama de Venn, considerando as características SMPFO, SPPFO ou IPPFO, os indivíduos são: “UCPC015-170”, “UCPC015-159” e “UCPC015-031” que tiveram estas características em comum ( $SMPFO \cap SPPFO \cap IPPFO$ ), destacam-se estes genótipos como promissores detentores de alelos de resistência à mancha-de-phoma e pinta-preta na folha. Considerando as características SPPFR, IPPFR ou IPPFO, outros três genótipos são destacados: “UCPC015-042”, “UCPC015-178” e “UCPC015-167” que tiveram estas características em comum ( $SPPFR \cap IPPFR \cap IPPFO$ ), estes genótipos apresentam maior nível de resistência à pinta-preta nos frutos e baixa incidência de pinta-preta nas folhas, destacando-se como promissores detentores de alelos de resistência à pinta-preta (Tabela 4 e Figura 4).



**Figura 4:** Diagrama de Venn para 30 indivíduos selecionados pela seleção direta. SMPFO: Severidade de mancha-de-phoma na folha. SPPFR: Severidade de pinta-preta no fruto. SPPFO: Severidade de pinta-preta na folha. IPPFO: Incidência de pinta-preta na folha. IPPFR: Incidência de pinta-preta no fruto.

**Tabela 4:** Valores fenotípicos permanentes (u + fp) em cinco características de resistência genética no melhoramento de mamoeiro para 30 indivíduos selecionados de acordo com a seleção direta

	SMPFO		SPPFR		SPPFO		IPPFR		IPPF0	
	Selected	u+fp								
1	UCP015-031	1.792	UCP015-251	1.138	UCP015-023	3.088	UCP015-115	33.71	UCP015-014	69.32
2	UCP015-162	1.826	UCP015-207	1.138	UCP015-257	3.088	UCP015-166	37.77	UCP015-226	69.33
3	UCP015-149	1.826	UCP015-203	1.138	UCP015-242	3.088	UCP015-147	38.38	UCP015-224	69.83
4	UCP015-134	1.835	UCP015-167	1.138	UCP015-241	3.088	UCP015-128	38.60	UCP015-003	76.26
5	UCP015-035	1.847	UCP015-129	1.138	UCP015-183	3.088	UCP015-182	38.67	UCP015-052	77.39
6	UCP015-056	1.860	UCP015-126	1.138	UCP015-163	3.088	UCP015-042	38.67	UCP015-166	78.17
7	UCP015-051	1.860	UCP015-119	1.138	UCP015-162	3.088	UCP015-084	38.78	UCP015-091	78.50
8	UCP015-032	1.860	UCP015-115	1.138	UCP015-149	3.088	UCP015-197	38.81	UCP015-053	78.60
9	UCP015-018	1.860	UCP015-112	1.138	UCP015-148	3.088	UCP015-114	38.88	UCP015-170	78.75
10	UCP015-202	1.886	UCP015-070	1.138	UCP015-130	3.088	UCP015-255	39.04	UCP015-055	78.80
11	UCP015-168	1.886	UCP015-064	1.138	UCP015-116	3.088	UCP015-083	39.05	UCP015-159	78.85
12	UCP015-049	1.886	UCP015-144	1.139	UCP015-097	3.088	UCP015-164	39.05	UCP015-160	78.85
13	UCP015-172	1.895	UCP015-096	1.139	UCP015-035	3.088	UCP015-047	39.18	UCP015-005	78.93
14	UCP015-159	1.895	UCP015-255	1.139	UCP015-027	3.088	UCP015-167	39.23	UCP015-167	79.02
15	UCP015-148	1.895	UCP015-148	1.139	UCP015-031	3.089	UCP015-007	39.33	UCP015-185	79.06
16	UCP015-122	1.895	UCP015-194	1.139	UCP015-170	3.090	UCP015-004	39.47	UCP015-190	79.07
17	UCP015-062	1.895	UCP015-179	1.139	UCP015-113	3.090	UCP015-144	39.54	UCP015-031	79.08
18	UCP015-041	1.895	UCP015-178	1.139	UCP015-082	3.090	UCP015-171	39.56	UCP015-054	79.14
19	UCP015-170	1.897	UCP015-152	1.139	UCP015-256	3.090	UCP015-138	39.56	UCP015-176	79.15
29	UCP015-023	1.897	UCP015-147	1.139	UCP015-253	3.090	UCP015-137	39.56	UCP015-043	79.19
21	UCP015-186	1.923	UCP015-128	1.139	UCP015-244	3.090	UCP015-135	39.56	UCP015-165	79.31
22	UCP015-199	1.929	UCP015-117	1.139	UCP015-240	3.090	UCP015-079	39.56	UCP015-062	79.35
23	UCP015-163	1.929	UCP015-108	1.139	UCP015-210	3.090	UCP015-049	39.56	UCP015-193	79.41
24	UCP015-152	1.929	UCP015-103	1.139	UCP015-197	3.090	UCP015-091	39.65	UCP015-189	79.42
25	UCP015-124	1.929	UCP015-095	1.139	UCP015-164	3.090	UCP015-117	39.68	UCP015-178	79.45
26	UCP015-078	1.929	UCP015-085	1.139	UCP015-159	3.090	UCP015-178	39.72	UCP015-084	79.48
27	UCP015-061	1.929	UCP015-059	1.139	UCP015-157	3.090	UCP015-208	39.83	UCP015-161	79.50
28	UCP015-047	1.929	UCP015-055	1.139	UCP015-156	3.090	UCP015-016	39.87	UCP015-191	79.51
29	UCP015-048	1.960	UCP015-042	1.139	UCP015-124	3.090	UCP015-074	39.92	UCP015-042	79.51
30	UCP015-248	1.963	UCP015-039	1.139	UCP015-120	3.090	UCP015-153	39.95	UCP015-172	79.60
XS		1.89		1.14		3.09		39.07		78.00
X0		2.21		1.18		3.29		41.91		87.47
DS		-0.32		-0.04		-0.20		-2.83		-9.48
r		0.08		0.01		0.02		0.07		0.17
GS		-0.03		-0.00		-0.00		-0.21		-1.60
GS%		-1.15		-0.05		-0.13		-0.51		-1.83

X0: média geral do experimento. Xs: médias dos selecionados. DS: diferencial de seleção; r: repetibilidade; GS: ganho por seleção; GS (%): ganho por seleção em termos percentuais. SMPFO: Severidade de mancha-de-phoma na folha. SPPFR: Severidade de pinta-preta no fruto. SPPFO: Severidade de pinta-preta na folha. IPPFR: Incidência de pinta-preta no fruto. IPPFO: Incidência de pinta-preta na folha. UCPC015: UENF Caliman População Ciclo 0 (15 = ano do cruzamento).

Ao se praticar seleção pela característica SMPFO, um genótipo (UCPC015-152) tem a característica SPPFR em comum,  $SMPFO \cap SPPFR$ ; dois genótipos (UCPC015-047 e UCPC015-049), tem a característica IPPFR em comum,  $SMPFO \cap IPPFR$ ; outros 7 genótipos (UCPC015-023, UCPC015-035, UCPC015-124,

UCPC015-148, UCPC015-149, UCPC015-162 e UCPC015-163), tem a característica SPPFO em comum,  $SMPFO \cap SPPFO$ ; dois genótipos (UCPC015-172 e UCPC015-062), tem a característica IPPFO em comum,  $SMPFO \cap IPPFO$  (Tabela 4 e Figura 4).

Ao se praticar a seleção pela característica SPPFR, 6 genótipos (UCPC015-115, UCPC015-117, UCPC015-128, UCPC015-144, UCPC015-147, UCPC015-167), tem a característica IPPFR em comum,  $SPPFR \cap IPPFR$ ; um genótipo (UCPC015-055), tem a característica IPPFO em comum,  $SPPFR \cap IPPFO$  (Tabela 4 e Figura 4).

Para a seleção com base na característica SPPFO, dois genótipos (UCPC015-164 e UCPC015-197), tem a característica IPPFR em comum,  $SPPFO \cap IPPFR$  (Tabela 4 e Figura 4).

E por fim, ao se praticar seleção pela característica IPPFR, três genótipos (UCPC015-087, UCPC015-091 e UCPC015-166), tem a característica IPPFO em comum,  $IPPFR \cap IPPFO$  (Tabela 4 e Figura 4).

### Seleção combinada

A seleção combinada considerando o índice (ISC), apresentou ganhos favoráveis para todas as características avaliadas (Tabela 3 e 5). Os ganhos obtidos pelo ISC foram superiores ou iguais aos ganhos indiretos observados pela SD. Tal fato, indica que não há perda de ganho ao praticar seleção utilizando o ISC.

Observa-se que o ISC, indica a seleção de cinco dos seis genótipos destacados na intercessão tripla no diagrama de Venn (Figura 4). A exceção foi para o genótipo “UCPC015-167” (Tabelas 4 e 5). Situação que indica uma boa acurácia obtida pelo índice.

Os valores fenotípicos permanentes ficaram abaixo da média para os genótipos selecionados pelo índice. O genótipo UCPC015-115 destacou-se dos demais pelo IPPFR por apresentar o menor valor fenotípico permanente de 33,71, enquanto a média da população foi de 41,91. Este genótipo destacou-se também para SPPFO, onde verificou-se uma das menores respostas ao desenvolvimento da doença em relação aos demais genótipos. UCPC015-116 foi capaz de proporcionar menor valor fenotípico permanente para IPPFO (78,17) enquanto a média geral foi de 87,47. A ótima resposta do genótipo ocorreu também na característica SPPFR com um valor fenotípico permanente de 1,14 (Tabela 5).

**Tabela 5:** Efeitos fenotípicos permanentes (fp) e Valores fenotípicos permanentes (u + fp) em cinco características de resistência genética no melhoramento de mamoeiro para 30 indivíduos selecionados de acordo com o índice ISC

Nº	Genótipo	SMPFo		SPPFr		SPPFo		IPPFr		IPPFo	
		fp	u+fp	fp	u+fp	fp	u+fp	fp	u+fp	fp	u+fp
1	UCPC015-115	-0,25	1,96	-0,04	1,14	-0,20	3,09	-8,19	33,71	-5,61	81,87
2	UCPC015-042	-0,25	1,96	-0,04	1,14	-0,20	3,09	-3,24	38,67	-7,96	79,51
3	UCPC015-083	-0,21	2,00	-0,04	1,14	-0,20	3,09	-2,85	39,05	-7,44	80,04
4	UCPC015-159	-0,32	1,89	-0,04	1,14	-0,20	3,09	-1,66	40,25	-8,63	78,85
5	UCPC015-018	-0,35	1,86	-0,03	1,15	-0,20	3,09	-1,48	40,42	-7,53	79,95
6	UCPC015-166	-0,08	2,13	-0,04	1,14	-0,19	3,09	-4,13	37,77	-9,30	78,17
7	UCPC015-049	-0,33	1,89	-0,02	1,16	-0,16	3,13	-2,35	39,56	-3,02	84,46
8	UCPC015-031	-0,42	1,79	0,03	1,21	-0,20	3,09	-1,95	39,95	-8,39	79,08
9	UCPC015-035	-0,36	1,85	-0,03	1,15	-0,20	3,09	-1,01	40,90	-6,02	81,46
10	UCPC015-114	-0,15	2,07	-0,04	1,14	-0,19	3,10	-3,03	38,88	-5,60	81,87
11	UCPC015-007	-0,18	2,03	-0,04	1,14	-0,19	3,10	-2,57	39,33	-6,68	80,80
12	UCPC015-016	-0,21	2,00	-0,04	1,14	-0,20	3,09	-2,04	39,87	-6,33	81,15
13	UCPC015-119	-0,25	1,96	-0,04	1,14	-0,19	3,09	-1,58	40,32	-5,70	81,77
14	UCPC015-051	-0,35	1,86	-0,04	1,14	-0,20	3,09	-0,49	41,42	-6,02	81,46
15	UCPC015-170	-0,31	1,90	-0,04	1,14	-0,20	3,09	-0,68	41,23	-8,72	78,75
16	UCPC015-075	-0,20	2,01	-0,04	1,14	-0,20	3,09	-1,89	40,01	-7,02	80,46
17	UCPC015-078	-0,28	1,93	-0,04	1,14	-0,20	3,09	-1,13	40,77	-4,27	83,21
18	UCPC015-152	-0,28	1,93	-0,04	1,14	-0,19	3,10	-1,30	40,60	-2,10	85,37
19	UCPC015-124	-0,28	1,93	-0,04	1,14	-0,20	3,09	-1,21	40,70	-3,49	83,98
20	UCPC015-149	-0,39	1,83	-0,04	1,15	-0,20	3,09	0,29	42,19	-6,35	81,12
21	UCPC015-172	-0,32	1,89	0,01	1,19	-0,20	3,09	-1,55	40,36	-7,87	79,60
22	UCPC015-164	-0,25	1,96	0,02	1,21	-0,20	3,09	-2,85	39,05	-6,86	80,62
23	UCPC015-122	-0,32	1,89	0,00	1,18	-0,20	3,09	-1,25	40,66	-6,91	80,57
24	UCPC015-199	-0,28	1,93	0,00	1,18	-0,20	3,09	-1,69	40,21	-5,39	82,08
25	UCPC015-079	-0,18	2,03	-0,02	1,16	-0,16	3,13	-2,35	39,56	-4,20	83,27
26	UCPC015-156	-0,25	1,96	-0,03	1,15	-0,20	3,09	-0,95	40,96	-5,07	82,40
27	UCPC015-182	-0,01	2,20	-0,04	1,14	-0,20	3,09	-3,24	38,67	-7,05	80,43
28	UCPC015-135	-0,18	2,03	-0,02	1,16	-0,15	3,13	-2,35	39,56	-2,97	84,50
29	UCPC015-178	-0,08	2,13	-0,04	1,14	-0,19	3,09	-2,18	39,72	-8,03	79,45
30	UCPC015-056	-0,35	1,86	-0,04	1,14	-0,20	3,09	0,14	42,05	-2,48	84,99

SMPFO: Severidade de mancha-de-phoma na folha. SPPFR: Severidade de pinta-preta no fruto. SPPFO: Severidade de pinta-preta na folha. IPPFR: Incidência de pinta-preta no fruto. IPPFO: Incidência de pinta-preta na folha. UCPC015: UENF Caliman População Ciclo 0 (15 = ano do cruzamento)

## 6. DISCUSSÃO

### 6.1 Análise de dissimilaridade genética

Observa-se que a população UCP-C0 apresenta amplitude dentre valores de mínimo e máximo para as características SMPFO, SPPFR, IPPFR e IPPFO, a magnitude presente confere variabilidade ampla para a população. Ao se tratar de resistência a doenças, tem-se o desafio de manter a durabilidade da resistência genética no hospedeiro. A variabilidade genética do hospedeiro é um dos fatores que contribuem para a durabilidade da resistência a diferentes raças de um patógeno, pois quanto maior a variabilidade genética, maior o número de alelos, isso contribui para o desenvolvimento de cultivares com resistência durável (Casela, 2005; Sousa et al., 2020).

Destaca-se que para a característica SPPFO há melhorias a serem alcançadas, visto que, o valor máximo encontrado de 1,4 pode ser considerado indesejável, pois a aplicação do controle químico contra a pinta-preta é indicada ao aparecimento dos primeiros sintomas (Ritzinger et al., 2000; Rezende et al., 2016).

O método de agrupamento UPGMA permite o estabelecimento dos grupos de forma que exista homoziguidade dentro do grupo e heteroziguidade entre grupos formados (Cruz et al., 2004).

A presença de variabilidade em relação a resistência dos indivíduos é indicada pela formação de 20 grupos entre os genótipos avaliados da população UCP-C0. A variabilidade presente, haja vista é esperada, pois a escolha dos genitores que compuseram a formação da população UCP-C0 é contrastante para

características de resistência a doenças (Moraes et al., 2021, Santa-Catarina et al., 2021).

A mancha-de-phoma é uma doença que não pode ser enfrentada com o controle químico, e, quando possível outras medidas de controle devem ser tomadas para amenizar a progressão dos sintomas no mamoeiro. O controle cultural e o biológico são ineficientes em condições favoráveis ao patógeno (Suzuki et al., 2007). O uso de genótipos geneticamente resistentes é uma estratégia que tem sido realizada para inserir resistência em plantas de alto rendimento agrônômico.

Técnicas de hibridação demonstram que é possível obter heterose no cruzamento de plantas que apresentam certo nível de resistência à mancha-de-phoma e pinta-preta (Vivas et al., 2018). Os autores citam que existe a possibilidade de explorar heterose entre e dentro de grupos heteróticos. No trabalho realizado por Vivas et al. (2018), plantas com alto nível de resistência para mancha-de-phoma foram observados dentro de grupos geneticamente distantes.

As distâncias dos indivíduos podem ser consideradas como fator importante quanto a obtenção de maiores níveis de resistência à pinta-preta e mancha-de-phoma. Os autores Vivas e colaboradores (2012a, 2012b, 2014b), realizaram estudos utilizando cruzamentos envolvendo pelo menos 2 dos parentais que fazem parte da formação da população UCP-C0 e indicaram a possibilidade de haver o controle genético de resistência à pinta-preta através da exploração do efeito aditivo e não aditivo. Poltronieri (2018) indicou a existência dos efeitos não aditivos controlando e características de associadas à resistência à pinta-preta, assim como, a resistência à mancha-de-phoma quando realizou um trabalho de avaliação de população F4, mapeando marcadores por uma análise de QTL.

Os resultados citados acima apontam a possibilidade de exploração de efeitos aditivos e não aditivos para as características de resistência à pinta-preta e mancha-de-phoma, apesar de não haver um estudo de herança direcionado a elucidar o controle genético predominante neste grupo de indivíduos.

Para fins de seleção, os autores Moraes et al. (2021) utilizaram dentro da população UCP-C0 o ISC (índice de seleção combinada) para indicar trinta indivíduos que possuem resistência para pinta-preta e mancha-de-phoma. A seleção ocorreu através da atribuição de pesos para as características que foram

multiplicadas pelos valores genotípicos (BLUPS) ponderados pelos desvios. Os 30 indivíduos com menores valores no ISC (os mais resistentes) foram selecionados.

Os trinta indivíduos selecionados pelo trabalho de Moraes et al. (2021) foram identificados dentro dos grupos VIII, IX, X, XIII, XVI e XVIII (Figura 1). Observa-se que os 30 selecionados estão distribuídos em 6 dos 20 grupos formados na população.

Nesse sentido é possível destacar que os indivíduos que vão compor a fase recombinação estão representados em grupos distantes geneticamente, e que obtiveram resistência alta à moderada para todas as características (Figura 2). O indivíduo 'UCPC015-075' pertence ao grupo VIII e o indivíduo 'UCPC015-152' que pertence ao grupo XVIII são os mais distantes em relação a resistência. É esperado que a interação alélica destes indivíduos acarretará em heterose negativa para características de resistência (Vivas et al., 2012a, 2012b, 2014; Poltronieri et al., 2018).

Os resultados encontrados da caracterização revelam que a UCP-C0 tem ampla variabilidade genética, fonte de alelos de resistência de grande potencial para iniciar um programa de seleção recorrente no mamoeiro, e, capacidade de propiciar o desenvolvimento de linhagens endogâmicas, que podem ser utilizadas como fonte de resistência em hibridações com materiais não aparentados de boa capacidade geral de combinação, como por exemplo as linhagens do genótipo dioico Califlora (Santa-Catarina et al., 2019).

## **6.2 Componentes de variância e parâmetros genéticos**

A variância do efeito ambiental temporário ( $\sigma^2_{et}$ ) apresentou maior porcentagem de variância fenotípica individual ( $\sigma^2_f$ ) para todas as características. Segundo Viana e Resende (2014), a  $\sigma^2_{et}$  é responsável pela variação temporária associada aos efeitos ambientais momentâneos manifestados em cada medição, como flutuações climáticas dos anos e suas interações com os efeitos verificados na planta. O ano de 2016 foi considerado irregular, com um período longo de seca (Figura 1), o que pode ter modificado as respostas quanto a resistência às doenças em estudo ou reduzido o potencial do inóculo (Moreira et al., 2020).

A resposta no desenvolvimento da planta é grandemente influenciada sob os fatores climáticos, estas condições ambientais sobretudo contrafazem a severidade e a incidência das doenças que acometem a cultura, principalmente

estas de natureza fúngica (Oliveira et al., 2011; Moreira et al., 2020). Além disto, os valores de severidade e incidência foram baixos de maneira geral, apontando que os fatores climáticos podem não ter proporcionado de forma tão favorável as epidemias (Figura 3). Temperaturas entre 23°C e 27°C acrescidas de altas precipitações pluviométricas e ventos fortes favorecem a ocorrência de pinta-preta. Mas, para mancha-de-phoma, que requer chuvas e maior umidade relativa, as condições climáticas no ano experimental não foram muito favoráveis à ocorrência da doença (Oliveira et al., 2011; Moreira et al., 2020).

As estimativas de repetibilidade são importantes na escolha de um genótipo, de acordo com o que é reportado por Cruz et al. (2014), pois podem prever a estabilidade da resposta de uma característica. Portanto, a repetibilidade mede a correlação média entre duas ou mais medições do mesmo indivíduo. A repetibilidade é influenciada por sua natureza e pelas condições ambientais às quais a população é submetida (Cruz et al., 2014). A respeito da repetibilidade das características avaliadas neste trabalho, foram consideradas de baixa repetibilidade, de acordo com os autores Poltronieri (2018) e Resende (2002). Esse fato indica que uma única medição do caráter no indivíduo não representa sua capacidade real e, portanto, mais de uma medição é necessária para a tomada de decisão em relação ao seu uso.

Por se tratar de uma característica de doença é esperado que ocorra uma baixa repetibilidade, na qual, o ambiente exerce grande influência no hospedeiro, no patógeno e na interação de patógeno x hospedeiro. Trabalhos realizados por Liberato et al. (2004) encontraram resultados similares para características de resistência à antracnose em fruto de mamoeiro.

Em termos de seleção, foram encontrados resultados favoráveis para redução da magnitude de todas as características se analisadas simultaneamente pela seleção combinada via índice (ISC) ou se analisada individualmente pela seleção direta (SD) para as características SMPFO, SPPFO e IPPFR. A seleção de 30 genótipos superiores mostrou que a população inicial de seleção recorrente possui potencial para o avanço das etapas utilizando o método seleção recorrente (SR) e/ou o desenvolvimento de novas linhagens de mamoeiro. Neste caso, diferentes estratégias podem ser adotadas pelos melhoristas com base no objetivo que se pretende alcançar. Considera-se satisfatória a classificação dos genótipos com base no ISC, visto que, em termos de ganho genético as menores médias para

diferentes doenças foram alcançadas com base nos genótipos classificados pelo índice.

O ISC é mais adequado na situação cujo objetivo é desenvolver população *per se*, em que os indivíduos são selecionados a partir da combinação de todas as características que estão sendo estudadas, nas quais os indivíduos selecionados tenham as características desejadas, tanto em termos de resistência a doença na planta, quanto em termos de resistência de doença nos frutos.

Ao advir que, indivíduos que são diretamente superiores em termos de uma determinada característica fiquem fora da seleção combinada, deve-se considerar que estes indivíduos são fontes de alelos favoráveis e poderão ser utilizados durante a fase de recombinação de indivíduos superiores.

A SD das características SPPFR, IPPFR e IPPFO indicou o indivíduo “UCPC015-167”, o que não ocorreu no ISC, no entanto, no caso da SR, ele deve ser selecionado como fonte de resistência a severidade e incidência no fruto e ainda incidência na folha para pinta-preta. Deste modo, na etapa de recombinação das famílias S1, indica-se selecionar 30 indivíduos superiores, considerando tanto a SD como o ISC.

Em estudos recentes para características de interesse agrônomicos como, produção e qualidade de fruto realizados por Santa-Catarina et al. (2020a), foi indicado a seleção de 30 indivíduos na população UCPC0. Destes, 19 também foram indicados pela SD ou ISC aqui proposta. Com destaque para o genótipo “UCPC015-166”, que na classificação por Santa-Catarina et al. (2020a), ocupou o segundo lugar e que fora também classificado pelo ISC proposto neste trabalho. Os genótipos: “UCPC015-148”, “UCPC015-152”, “UCPC015-159”, “UCPC015-162”, “UCPC015-167” e “UCPC015-178”, formam um grupo de indivíduos com frutos do padrão Formosa; os genótipos “UCPC015-144” e “UCPC015-197” formam um pequeno grupo com frutos do padrão Solo. Os genótipos supracitados reúnem alelos favoráveis para múltiplas doenças e características agrônomicas de produção e qualidade, sendo recomendada a seleção de genótipos não só para a etapa de recombinação como para avanço de geração.

## 7. CONCLUSÃO

A magnitude dos valores de máxima e mínima encontrada para as características de resistência à pinta-preta e mancha-de-phoma, e a formação dos grupos indicam ampla variabilidade genética na população base UCP-C0.

Pela divergência genética encontrada na população UCP-C0, há a possibilidade de aplicação de diferentes estratégias de inserção de resistência genética à pinta-preta e mancha-de-phoma em genótipos não aparentados.

Os valores estimados para os parâmetros genéticos das características relacionadas a resistência à pinta-preta e mancha-de-phoma revelaram alto efeito ambiental na população estudada.

A seleção combinada se mostrou consistente por proporcionar melhores ganhos de seleção e precisão no processo de seleção.

Foram indicados para seleção 30 indivíduos através do índice de seleção combinada, apontando nesses genótipos de maior potencial genético para o desenvolvimento de linhagens *per se* e/ou híbridos com resistência à pinta-preta e mancha-de-phoma.

Os genótipos: "UCPC015-052", "UCPC015-166", "UCP015-064", "UCPC015-202", "UCPC015-061", "UCPC015-108", "UCPC015-144", "UCPC015-240", "UCPC015-041", "UCPC015-003", "UCPC015-189", "UCPC015-186", "UCPC015-152", "UCPC015-148", "UCPC015-197", "UCPC015-167", "UCPC015-178", "UCPC015-162", "UCPC015-159", reuniram atributos de resistência à pinta-preta e/ou mancha-de-phoma, assim como, características de interesse agrônômico, implicando que a composição da população base foi satisfatória para o objetivo para o qual foi criada.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Adkaram, N.K.B., Wijepala, M. (1995) Asperisporium black spot in *Carica papaya*: A new disease in Sri Lanka, *Journal of the National Science Council of Sri Lanka*, 23(4), 213-219.
- AGROFIT, (2022). Sistema de Agrotóxicos Fitossanitários. <http://www.agricultura.gov.br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/agrotoxicos/agrofit>. acesso em 27 janeiro 2022.
- Alvares, C. A., Stape, J. L., Sentelhas, P.C., de Moraes Gonçalves, J.L., & Sparovek, G. (2013). Köppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, 22(6), 711-728.
- Amorim, L., Rezende, J.A.M., Bergamin, A., Camargo, L.E.A. (2016) *Manual de fitopatologia*. 5. Ed. Ceres, São Paulo.
- Arie, T. (2019). Fusarium diseases of cultivated plants, control, diagnosis, and molecular and genetic studies. *Journal of Pesticide Science*, J19-03.
- Beling, R.R., Kist, B.B., Carvalho, C. (2021). Anuário brasileiro de Horti&Fruti 2021/ Benno Bernardo Kist... [et al.]. – Santa Cruz do Sul : Editora Gazeta Santa Cruz, 2021. 104 p

- Berilli, A. P. C. G., Pereira, M. G., Trindade, R. D. S., Costa, F. R. D., & Cunha, K. S. D. (2013). Resposta a seleção no 11<sup>o</sup> ciclo de seleção recorrente recíproca entre famílias de irmãos-completos de milho. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 35, 435-441.
- Bernardo, R. *Breeding for quantitative traits in plants*. Stemma Press, Woodbury, MN. 2002. 369 p.
- Borém, A. *Melhoramento de Plantas*. Viçosa: 2 ed. UFV, 1998. 453 p.
- Cardoso, D.L., Vivas, M., Pinto, F.O., Viana, A.P., Amaral Júnior, A.T. do., Pereira, M.G. (2017) Diallel mixed-model analysis of papaya fruit deformities. *Ciência Rural*, 47: 1–4.
- Carneiro FF, Pignati W, Rigotto RM, Augusto LGS, Rizollo A, Muller NM, et al. Dossiê ABRASCO. Um alerta sobre os impactos dos agrotóxicos na saúde. Parte 1 – Agrotóxicos, Segurança Alimentar e Saú - de. Rio de Janeiro: ABRASCO; 2012.
- Carneiro, F.F. (2012). Dossiê ABRASCO – Um alerta sobre os impactos dos agrotóxicos na saúde. Parte 2 - Agrotóxicos, Saúde, Ambiente e Sustentabilidade. Augusto, L.G.S., Carneiro, F.F., Pignati, W., Rigotto, R.M., Friedrich, K., Faria, M.M.X., Búrigo, A.C., Freitas, V.M.T., Guiducci filho, E. Rio de Janeiro: ABRASCO, 140p.
- Carneiro, F.F. (2015) Dossiê ABRASCO: um alerta sobre os impactos dos agrotóxicos na saúde / Organização de Fernando Ferreira Carneiro, Lia Giraldo da Silva Augusto, Raquel Maria Rigotto, Karen Friedrich e André Campos Búrigo. - Rio de Janeiro: EPSJV; São Paulo: Expressão Popular, 624p.
- Casela, C. R. (2005). Variabilidade genética de patógenos e resistência de cultivares. In *Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em anais de congresso (ALICE)*.

In: seminário nacional de milho safrinha, 8., 2005, Assis. Anais... Campinas: *Instituto Agrônomo*, 2005. p. 189-194.

Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2019) Development of superior lines of papaya from the Formosa group using the pedigree method and REML/Blup procedure. *Bragantia* 78: 1-11.

Costa, A.F.S., Pacova, B.E.V. (2003) Caracterização de cultivares, estratégias e perspectivas do melhoramento genético do mamoeiro. In: Martins, D.S., Costa, A.F.S. (ed.) A cultura do mamoeiro: Tecnologia e Produção. Vitória, ES: INCAPER, 497p.

Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3º ed., v.1, Viçosa: UFV, 390 p.

Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. 2014. *Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético: volume 2*. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 668 p.

Dianese, A.C., Blum, L.E.B., Dutra, J.B., Lopes, L.F., Sena, M.C., Freitas, L.F., Yamanishi, O.K. (2007) Reação de Genótipos de Mamoeiro à Varíola e à Podridão-do-pé. *Fitopatol Bras* 32: 419–423.

Donadio, L.C., Zaccaro, R.P. (2021) *Variedades, Toda Fruta*, Disponível em: <<http://www.todafruta.com.br/mamao/>> Acesso em: 09 Set, de 2021.

Faleiro, F.G., Junqueira, N.T.V., Braga, M.F., Peixoto, J.R. (2011) Pré-melhoramento do maracujá. In: Lopes, M.A., Favero, A.P., Ferreira, M.A.J.F., Faleiro, G., Folle, S.M. (ed.). Pré-melhoramento de plantas: estado da arte e experiências de sucesso. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, p. 550-569.

FAOSTAT, Food and Agriculture Organization of the United Nations (2022) <[http://faostat3,fao,org/home/e](http://faostat3.fao.org/home/e)>, Acesso em: 12 jan, de 2022.

Faria, R.F.; Viana, J.M.S.; Sobreira, F.M.; Silva, A.C. (2008) Seleção recorrente recíproca na obtenção de híbridos interpopulacionais de milho-pipoca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43 (12): 1749-1755.

Fehr, W. R. *Principles of cultivar development: theory and technique*. Ames: Iowa State University, 1993. 536 p.

Geraldi, I.O. Selección recurrente en el mejoramiento de plantas. In: Guimarães, E.P. (Ed.). Selección recurrente em arroz. Cali: CIAT, 1997. p.3-11.

Giacometti, D.C., Ferreira. (1998). Melhoramento genético do mamão no Brasil e Perspectivas. In: Rugiero, C., (Ed.). *Mamão*. Jaboticabal, SP, p377-388.

Hallauer, A.R.; Carena, M.J.; Miranda Filho, J.B. *Quantitative genetics in maize breeding*. New York: Springer, 2010. 663p.

Hull, F.H. (1945) Recurrent selection and specific combining ability in corn. *Journal Am. Agron.*, Madison, 37:134-145.

IBGE, (2019) Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/>, Acesso em: 09 Jul, de 2021.

IBGE-PAM. (2019) Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/home/>>. Acesso em 22 de setembro de 2021.

Liberato, J. R., Cruz, C. D., Tatagiba, J. S. e Zambolim, L. (2004). Minimum number of assessment times to compare chemical control treatments for papaya fruit anthracnose. *Fitopatologia Brasileira*, 29(6), 659-662.

- Liberato, J.R., McTaggart, A.R., Shivas, R.G. (2007) *Asperisporium* black spot of papaya (*Asperisporium caricae*). In: Pest Dis. Image Libr. <http://www.padil.gov.au>. Acesso em: 3 abr 2021.
- Liberato, J.R., Zambolim, L. (2002) Controle das doenças causadas por fungos, bactérias e nematoides em mamoeiro. In: Zambolim, L., Vale, F.X.R., Monteiro, A.J.A., Costa, H. (org) Controle de doenças de plantas: fruteiras, 2.ed. Vitória ES.: p. 1023–1138
- Lima, R. C. A. et al. Etiologia e estratégias de controle de viroses do mamoeiro no Brasil. *Fitopatologia Brasileira*, Brasília, v.26, n.4, p. 689-702, dez. 2001.
- MAPA, (2022) *Ministério da agricultura, pecuária e abastecimento*, Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/guia-de-servicos/registro-nacional-de-cultivares-rnc> Acesso em: 09 jan, de 2022.
- Marin, S. L. D., Arantes, S. D., & LEDO, C. D. S. (2018). Melhoramento genético de mamão (*Carica papaya* L.) no Brasil, no México e nas Ilhas Canárias, Espanha. In *Embrapa Mandioca e Fruticultura-Artigo em anais de congresso (ALICE)*. In: SIMPÓSIO DO PAPAYA BRASILEIRO, 7., 2018, Vitória. Produção e sustentabilidade hídrica.[sl], 2018.
- Martins, D.S.; Costa, A.F. (2003) *A cultura do mamoeiro: Tecnologias de Produção*. Vitória: Incaper, 497 p.
- Michereff, S. J. (2001) Fundamentos de Fitopatologia Recife, 12 de fevereiro. 133p. Ming, R., Yu, Q., Moore, P.H. (2007) Sex determination in papaya. *Seminars in Cell & Developmental Biology*, 18: 401–408.
- Ming, R., Hou, S., Feng, Y., Yu, Q., Dionne-Laporte, A., Saw, J. H., et al. (2008) The draft genome of the transgenic tropical fruit tree papaya (*Carica papaya* Linnaeus). *Nature*, 452:991–996.

- Ming, R., Yu, Q., Moore, P.H. (2007) Sex determination in papaya, *Seminars in Cell and Developmental Biology*, 18(3), 401-408.
- Ming, R., Yu, Q., Moore, P.H. (2012) "Papaya genome and genomics," in *Genomics of Tree Crops*, eds Schnell, R.J., Priyadarshan, P.M. (New York, NY: Springer), 241–259.
- Mojena, R. (1977) Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. *The Computer Journal* 20:359-363.
- Moraes, R., Vivas, M., Vivas, J. M. S., Daher, R. F., Amaral Gravina, G., de Oliveira Francelino, H., ... & Pereira, M. G. (2019). Genetic parameters and performance of papaya genotypes to black spot resistance ('*Asperisporium caricae*'). *Australian Journal of Crop Science*, 13(5), 649-655.
- Moraes, W.B., Moraes, W.B., Cosmi, F.C., Jesus Junior, W.C., Cecilio, R.A., Valadares Júnior, R., Souza, A.F. (2011) Análise de risco sobre o impacto das mudanças climáticas globais na distribuição espacial da pinta-preta do mamoeiro no Brasil, *Nucleus*, 8(2), 115-126.
- Moraes, W.B.C. (1992) Controle alternativo de fitopatógenos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 27: 175-190.
- Moreira, N.F., Pereira, T.N.S., Santa Catarina, R., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2019a) Quantification of 83 floral abnormalities in a population generated from sexual polymorphism aiming at recurrent selection in papaya. *Bragantia*, 78(2):158-165.
- Moreira, S.O., Kuhlcamp, K.T., Barros, F.L.S., Oliveira, S.B., Trindade, R.S. (2018) Análise de trilha sob multicolinearidade para produção de mamoeiro dos grupos solo e formosa. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 40(3):e110.

- Moreira, S.O., Kuhlcamp, K.T., Barros, F.L.S., Zucoloto, M., Godinho, T.O. (2019b) Selection index based on phenotypic and genotypic values predicted by REML/BLUP in Papaya. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 41:e-079.
- Oliveira E, J., Silva, A.S., Carvalho, F.M., Santos, L.F., Costa, J.L., Oliveira, V.B.A., Dantas, J.L.L. (2010) Polymorphism microsatellite markers set for *Carica papaya* L. and its use in molecular-assisted selection. *Euphytica*, 173: 279–287.
- Oliveira, A. M. G.; Ferias, A. R. N.; Santos Filho, H. P. S.; Oliveira, J. R. P.; Dantas, J. L. L.; Almeida, O. A.; Nickelo, O.; Medina, V.M.; Cordeiro, Z. J. M. Mamão para exportação: aspectos técnicos da produção. Brasília: MAARS/EMBRAPA – SPI, 1994. 52p. (Série publicações técnicas *FRUPEX*, 9).
- Oliveira, A.A.R. (2005) Developing disease resistance in carica papaya L. against fungal diseases. EMBRAPA/CNPMPF. *Postdoctoral Report*, 47p.
- Oliveira, A.A.R., Nascimento, A.S., Barbosa, C.J., Santos Filho, H.P., Meissner Filho, P.E. (2000) Doenças, 37-49, In: Ritzinger, C.H.S.P., Souza, J.S.. Mamão - Fitossanidade, *Embrapa Mandioca e Fruticultura*, Cruz das Almas-BA (Frutas do Brasil, 11), p, 37-49.
- Paterniani, E.; Miranda Filho, J.B. (1987) Melhoramento de populações. In: Paterniani, E.; Viegas, G.P. (eds). Melhoramento e produção do milho. Campinas, *Fundação Cargill*, 1:217-274.
- Pereira, M. G., & Santa-Catarina, R. (2021). Recurrent selection in papaya: An effective strategy for the continuous development of new cultivars. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 21.
- Pereira, M. G., Ferregueti, G. A., Ramos, H. C. C., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J. C. F., Poltronieri, T., ... & Vivas, M. (2018). Melhoramento genético do

mamoeiro: programa UENF/CALIMAN. *VII Simpósio do papaya brasileiro: produção e sustentabilidade hídrica. Incaper, Vitória, 1-59.*

Pereira, M.G., Luz, L.N., Santa-Catarina, R., Ramos, H.C.C., Pereira, T.N.S., Barros, G.B.A., Ferregueti, G.A., Vivas, M., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Azevedo, A.O.N., Silveira, S.F., Oliveira, J.G., Viana, A.P. (2019b) UC10: a new early Formosa papaya cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*,19:131-134.

Pereira, M.G., Luz, L.N., Santa-Catarina, R., Ramos, H.C.C., Pereira, T.N.S., Barros, G.B.A., Ferregueti, G.A., Vivas, M., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Azevedo, A.O.N., Silveira, S.F., Oliveira, J.G., Viana, A.P. (2019c) 'UC14': a new papaya cultivar with intermediate fruit size. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*,19:226-229.

Pereira, M.G., Poltronieri, T.P.S., Pereira, T.N.S., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Aredes, F.A.Z., Boechat, M.S.B., Venâncio, T.M., Azevedo, A.O.N., Cortes, D.F.M., Moreira, N.F., Bohry, D., Silveira, S.F., Vivas, M., Ferregueti, G.A. (2019a) Twenty-two-year papaya breeding program: from breeding strategy establishment to cultivar development. *Functional Plant Breeding Journal*,1(2):9-27.

Pérez, E.G. (2004). Melhoramento do mamoeiro. Toda fruta. Disponível em: <<http://www.todafruta.com.br/todafruta/mostraconteudo.asp?conteudo=6062>>. Acesso em 12 de Set. 2017.

Pinto, F.O., Luz, L.N., Pereira, M.G., Cardoso, D.L., Ramos, H.C.C. (2013) Metodologia dos modelos mistos para seleção combinada em progênies segregantes de mamoeiro. *Agrária*,8:211-217.

Pirovani, A. A. V., Ramos, H. C. C., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J. C. F., Cortes, D. F. M., Boechat, M. S. B., ... & Pereira, M. G. (2018). A hermaphrodite genotype in dioecious papaya progeny: sex reversal or contamination?. *Euphytica*, 214(12), 1-12.

- Poltronieri, T. P. S.; Silveira, S. F. ; Vivas, M. ; Catarina, R. S. ; Cortes, D. F. M. ; Azevedo, A. O. N. ; Pereira, M. G. . Selecting black-spot resistant papaya genotypes derived from backcrossing and hybrids. *Genetics and Molecular Research*, v. 16, p. 1-11, 2017.
- Poltronieri, T. P.S., da Silveira, S. F., Vivas, M., Santa-Catarina, R., Azevedo, A. O. N., dos Santos, P. H. D., ... & Pereira, M. G. (2020). Topcross hybrids in papaya: Genes derived from backcrossing provide resistance to multiple diseases. *Crop Protection*, 137, 105240.
- Poltronieri, T.P.S., da Silveira, S. F., Vivas, M., Santa-Catarina, R., Azevedo, A. O. N., Cortes, D. F. M., & Pereira, M. G. (2019). Identification of papaya hybrids resistant to *Stagonosporopsis caricae* by heterosis: a possible reality?. *Euphytica*, 215(2), 1-8.
- Ramalho, M.A.P.; Abreu, Â. De F.B.; Santos, J.B. Dos; Nunes, J.A.R. *Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas*. Lavras: Ed. da UFLA, 2012. 522p.
- Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Viana, A.P., Luz, L.N., Cardoso, D.L., Ferregueti, G.A. (2014) Combined Selection in Backcross Population of Papaya (*Carica papaya* L.) by the Mixed Model Methodology. *American Journal of Plant Sciences*,05:2973-2983.
- Rezende, J. A. M., & FANCELLI, M. (2016). Doenças do mamoeiro (*Carica papaya* L.). In.: KIMATI, H. et al. *Manual de fitopatologia*, 452-465.
- Rezende, J.A.M., Fancelli, M.I. (1997) Doenças do mamoeiro (*Carica papaya*). In: Kimati, H., Amorim, L., Bergamim Filho, A., et al. (org) *Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas*. São Paulo: *Agronômica Ceres*, p. 486–496 486–496.
- Rezende, J.A.M., Martins, M.C. (2005) Doenças do mamoeiro (*Carica papaya* L.), In: Kimati, H., Amorim, L., Rezende, J.A.M., Bergamin Filho, A., Camargo,

L.E.A. (eds) Manual de Fitopatologia: Doenças das Plantas Cultivadas, Ceres, São Paulo - SP, p 435–443.

Ritzinger, C.H.S.P., Souza, J. da S., Oliveira, A.A.R., Nascimento, A.S. do, Oliveira, A.M. G., Barbosa, C. de J., ... & Marin, S.L.D., 2000. MAMÃO Fitossanidade (Série Frutas Do Brasil,11). Embrapa Co. Brasília - DF: Embrapa Mandioca e Fruticultura (Cruz das Almas, BA). <http://livimagens.sct.embrapa.br/amostras/00066040.pdf>

Rohlf, F. J. Adaptive hierarchical clustering schemes. *Systematic Zoology*, v. 19, n. 1, p. 58-82, 1970.)

Santa-Catarina, R., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Poltronieri, T.P.S., Barros, G.B.A., Arêdes, F.A.S., Azevedo, A.O.N., Ramos, H.C.C., Pereira, M.G. (2019) Combining ability for fruit yield and quality in papaya recombinant inbred lines from the sexual conversion backcrossing. *Euphytica* 215: 54-164

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

Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J. C. F., Cortes, D. F. M., Santana, J. G. S., Poltronieri, T. P. D. S., Miranda, D. P., ... & Pereira, M. G. (2020b). Phenotypic characterization of recurrent selection S1 Papaya (*Carica papaya* L.) families by multivariate approach. *Euphytica*, 216(7), 1-13.

Santos Filho, H.P., Noronha, A.C.S., Oliveira, A.A.R., Sanches, N. (2007) Mamoeiro. In: Portal do Agronegócio

Santos, P.H.D., Carvalho, B.M., Aguiar, K.P., Aredes, F.A.S., Poltronieri, T.P.S., Vivas, J.M.S., Mussi Dias, V., Bezerra, G.A., Pinho, D.B., Pereira, M.G., Silveira, S.F. (2017) Phylogeography and population structure analysis reveals

diversity by mutations in *Lasiodiplodia theobromae* with distinct sources of selection. *Genet Mol Res.* doi: 10.4238/gmr16029681

Serrano, L.A.L., Cattaneo, L.F. (2010) O Cultivo do mamoeiro no Brasil. *Revista Brasileira de Fruticultura*,32: 657–959.

Sousa, A., Chavaglia, A. C., Civardi, E. A., Pinto, J. F. N., & Reis, E. F. D. (2020). Genetic dissimilarity for resistance to foliar diseases associated with the agronomic potential in maize. *Revista Caatinga*, 33, 936-944.

Souza, J., Ataíde, E., Silva, M.de.S. (2014) Qualidade pós-colheita e correlação entre características físicas e químicas de frutos de mamoeiro comercializados em Serra Talhada-PE. *Magistra*,26:554–560.

Storey, W.B. (1941) The botany and sex relationship of the papaya, Honolulu: Hawaii Agricultural Experimente station, Papaya production in the havaii Island, 5-22.

Suzuki, M. S., Zambolim, L., Liberato, J.R. (2007) Progresso de doenças fúngicas e correlação com variáveis climáticas em mamoeiro, *Summa Phytopathologica*, Botucatu, 33(2),167-177.

Tridge/FAO (2021). Tridge Fulfillment Solution/ Food and Agriculture Organization of the United Nations. Disponível em: <<https://www.tridge.com/pt/exclusive-offers/papaya/BR>>. Acesso em 16 de janeiro de 2022.

Trindade, A.V. (Org.). Mamão, produção: aspectos técnicos. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 2000. p.11-14.

Ventura, J.A., Costa, H., Tatagiba, J.S. (2003) Manejo das doenças do mamoeiro, In: Martins, D,S., Costa, A,F,S, (Ed.), A cultura do mamoeiro: tecnologias de produção, Vitória, ES: Incaper, 229-308p.

- Vivas, M., Cardoso, D. L., Ramos, H. C. C., Santos, P. H. D. D., Silveira, S. F. D., Moraes, R. D., & Pereira, M. G. (2018). Genetic diversity between papaya lines and their correlation with heterosis in hybrids for disease resistance and morpho-agronomic traits. *Summa Phytopathologica*, *44*, 110-115.
- Vivas, M., Silveira, S. F. D., Cardoso, D. L., Pereira, M. G., Santos, P. H. D. D., & Ferregueti, G. A. (2012b). Capacidade combinatória e heterose para resistência à pinta-preta em mamoeiro por meio de análise dialélica. *Tropical Plant Pathology*, *37*, 326-332.
- Vivas, M., Silveira, S.F. da., Cardoso, D.L., Amaral Júnior, A.T. do., Pereira, M.G. (2014b) Heterose para resistência à mancha-de-phoma em híbridos de mamoeiro obtidos a partir de cruzamentos entre e dentro de grupos heteróticos. *Summa Phytopathol*,*40*: 318–322.
- Vivas, M., Silveira, S.F. da., Pereira, M.G., Cardoso, D.L., Ferregueti, G.A. (2013d) Análise dialélica em mamoeiro para resistência à mancha-de-phoma. *Ciência Rural*,*43*: 945–950
- Vivas, M., Silveira, S.F., Viana, A.P., Do Amaral, A.T., Cardoso, D.L., Pereira, M.G. (2014a). Efficiency of circulant diallels via mixed models in the selection of papaya genotypes resistant to foliar fungal diseases. *Genetics and Molecular Research* *13*:4797-4804.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Vivas, J.M.S., Pereira, M.G. (2012a) Patometria, parâmetros genéticos e reação de progênies de mamoeiro à Pinta-preta, *Bragantia* (São Paulo, SP), *71*: 235-238.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Vivas, J.M.S., Pereira, M.G. (2013) Predição de ganhos genéticos e seleção de progênies de mamoeiro para resistência à pinta-preta, *Tropical Plant Pathology*, *38*:142-148.

Vivas, M., Terra, C.E.P.S., Silveira, S.F., Fontes, R.V., Pereira, M.G. (2010). Diagrammatic scale for assessing severity of back-spot in papaya fruit. *Summa Phytopathologica*, 36:161-163.

Vivas, M.,Silveira, S.F., Terra, C.E.P.S., Pereira, M.G. (2011) Testers for combining ability and selection of papaya hybrids resistant to fungal diseases, *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11, 36-42.