

**SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL EM MAMOEIRO:
OBTENÇÃO E AVALIAÇÃO DA POPULAÇÃO BASE UCP-C0**

RENATO SANTA CATARINA

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

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
JANEIRO - 2020**

SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL EM MAMOEIRO:
OBTENÇÃO E AVALIAÇÃO DA POPULAÇÃO BASE UCP-C0

RENATO SANTA CATARINA

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

Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
JANEIRO - 2020

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

C357

Santa Catarina, Renato.

Seleção recorrente intrapopulacional em mamoeiro : obtenção e avaliação da população base UCP-CO / Renato Santa Catarina. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2020.

106 f. : il.

Bibliografia: 75 - 89.

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

Orientador: Messias Gonzaga Pereira.

1. "Carica papaya" L.. 2. Produção de frutos. 3. Qualidade de frutos. 4. Repetibilidade. 5. Análise multivariada. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

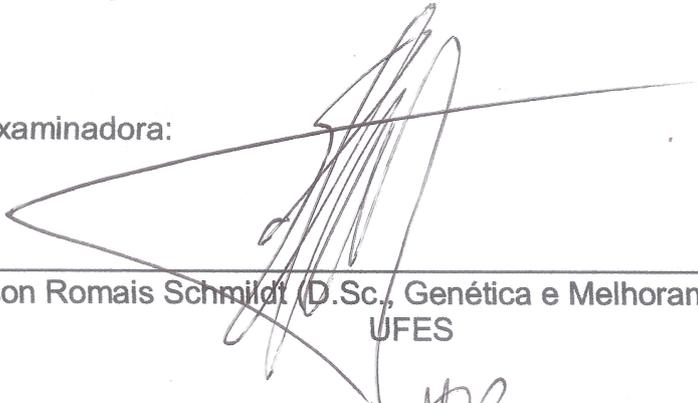
SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPULACIONAL EM MAMOEIRO:
OBTENÇÃO E AVALIAÇÃO DA POPULAÇÃO BASE UCP-C0

RENATO SANTA CATARINA

“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 23 de janeiro de 2020

Comissão Examinadora:



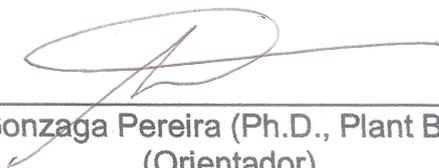
Prof. Edilson Romais Schmidt (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UFES



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



Prof. Marcelo Vivas (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) – UENF



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

Aos meus pais, Carmen e Henrique Santa Catarina, pelo apoio, amor e ensinamentos ao longo destes anos; aos meus irmãos, Claudio, Claudete e Eliane Santa Catarina, por todo carinho e amor.

Amo todos vocês!!!

Dedico esta conquista

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela vida e realização desse sonho.

Aos meus pais, Henrique e Carmen, pela educação, amor e ensinamentos, obrigado por tudo.

Aos meus irmãos Claudete, Claudio e Eliane, por acreditarem e torcerem sempre pelo meu sucesso.

À Aline de Oliveira Felix, pelo apoio incondicional, carinho e companhia ao longo desta trajetória.

Aos meus cunhados Vanildo e Giovani pela amizade e por torcerem sempre pelo meu sucesso.

Aos meus sobrinhos Guilherme, Willian Henrique, Augusto, Gabriela, Alice e Gabriel.

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

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, pela concessão da bolsa sem a qual não seria possível a realização desta conquista.

Ao meu orientador Professor Messias Gonzaga Pereira, pelos ensinamentos, pela confiança e atenção durante meu doutoramento.

À empresa Caliman Agrícola S/A, pela infraestrutura e suporte financeiro para a realização do nosso trabalho.

Ao Ailton Sincora, Ana, Delma e demais funcionários da Caliman, pela serenidade e cuidados na condução do nosso experimento.

Aos professores do LMGV, em especial, a meus conselheiros Professora Helaine Christine Cancela Ramos e Professor Alexandre Pio Viana, pelas valiosas contribuições.

Ao Dr Diego Marmolejo Cortes, pela convivência, apoio e ensinamentos ao longo dessa trajetória.

Aos colegas do LMGV, Julio, Fernanda, Alinne, Pedro, Jocarla, Nádia e Tathianne, Daniel, Izaias, Josefa e Adriana pela amizade e pela agradável convivência durante este período de Doutorado.

A todos os demais amigos que estão próximos, distantes e os que aqui não estão mais presentes.

À técnica do LMGV, Marcela pela atenção nos trabalhos realizados no laboratório.

Aos colegas do Núcleo de Estudos em Genética e Melhoramento de Plantas “Ganho Genético” (gestões 2017- 2018, 2018-2019 e 2019-2020) pela companhia e experiência adquirida com a realização e a organização de eventos e minicursos.

Ao secretário do LMGV, Daniel, pela amizade, atenção, dedicação e auxílio nos momentos burocráticos.

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

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

A todos, o meu muito obrigado!!!

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS.....	viii
LISTA DE FIGURAS.....	x
RESUMO.....	xii
ABSTRACT	xiv
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVO GERAL.....	4
2.1. Objetivos Específicos	4
3. CAPÍTULOS	5
3.1 SELEÇÃO RECORRENTE EM MAMOEIRO: OPORTUNIDADES E ALTERNATIVAS DE SELEÇÃO DESDE A POPULAÇÃO BASE	5
3.1.1 INTRODUÇÃO	5
3.1.2 REVISÃO	7
3.1.2.1 Aspectos gerais da cultura	7
3.1.2.2 Importância econômica da cultura.....	10
3.1.2.3 Melhoramento genético do mamoeiro na UENF.....	11
3.1.2.4 Tipos de cruzamentos	13
3.1.2.5 Seleção Recorrente no melhoramento de plantas.....	14

3.1.2.6 Índices de seleção.....	15
3.1.2.7 Repetibilidade no melhoramento de fruteiras	16
3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS.....	18
3.1.3.1 Obtenção da UCP-C0.....	18
3.1.3.1.1 Progênies dioicas.....	19
3.1.3.1.2 Semeio e plantio das progênies dioicas.....	19
3.1.3.1.3 Genitores elite.....	19
3.1.3.1.4 Semeio e plantio dos genitores elites	20
3.1.3.1.5 Sexagem das plantas masculinas, femininas e hermafroditas	20
3.1.3.1.6 Recombinação com polinização controlada das progênies dioicas e genitores elite	21
3.1.3.1.7 Coleta de frutos da recombinação, formação e semeio da UCP- C0	22
3.1.3.2 Fenotipagem das progênies S_0	22
3.1.3.2.1 Características avaliadas no campo	23
3.1.3.2.2 Características avaliadas em laboratório	23
3.1.3.3 Análises estatísticas	24
3.1.3.3.1 Repetibilidade, componentes de variância e parâmetros genéticos	24
3.1.3.3.2 Seleção combinada e direta.....	26
3.1.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
3.1.4.1 Componentes de variância e parâmetros genéticos.....	27
3.1.4.2 Eficiência nas estimativas de ganhos com m medições.....	30
3.1.4.3 Seleção combinada e direta de indivíduos da UCP-C0.....	34
3.1.4.4 Perfil da seleção combinada e direta.....	41
3.1.5 CONCLUSÕES.....	43
3.2 CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DA UCP-C0 VIA ANÁLISE MULTIVARIADA	44
3.2.1 INTRODUÇÃO.....	44

3.2.2 REVISÃO	46
3.2.2.1 Análise de dissimilaridade genética no mamoeiro	46
3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS.....	48
3.2.3.1 Local e instalação do experimento	48
3.2.3.2 Material genético	48
3.2.3.3 Características avaliadas	48
3.2.3.4 Análises estatísticas	50
3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	51
3.2.4.1 Análise descritiva da UCP-C0	51
3.2.4.2 Análise dos principais componentes – PCA	53
3.2.4.3 Variabilidade Genética	55
3.2.5 CONCLUSÕES.....	61
3.3 CORRELAÇÃO FENOTÍPICA E ANÁLISE DE TRILHA PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS À PRODUÇÃO DE FRUTOS	62
3.3.1 INTRODUÇÃO	62
3.3.2 REVISÃO	63
3.3.2.1 Correlações e análise de trilha entre as características	63
3.3.3 MATERIAL E MÉTODOS.....	66
3.3.3.1 Material genético	66
3.3.3.2 Características avaliadas	66
3.3.3.3 Análises estatísticas	67
3.3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	70
3.3.4.1 Correlação simples.....	70
3.3.4.2 Análise de trilha.....	71
3.3.5 CONCLUSÕES.....	74
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	75

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 1 - SELEÇÃO RECORRENTE EM MAMOEIRO: OPORTUNIDADES E ALTERNATIVAS DE SELEÇÃO DESDE A POPULAÇÃO BASE

- Tabela 1.** Componentes de variância individual e parâmetros genéticos associados à repetibilidade de 16 características avaliadas em 222 indivíduos da população UCP-C0 28
- Tabela 2.** Estimativas relacionadas ao coeficiente de determinação (R^2), acurácia (A_c) e eficiência (E_f) obtidas pela realização de m medições repetidas na população UCP-C0 em Seleção recorrente 31
- Tabela 3.** Efeitos fenotípicos permanentes (f_p) e valores fenotípicos permanentes ($u + f_p$) em seis características de maior importância para o melhoramento do mamoeiro para os indivíduos selecionados considerando a seleção combinada 35
- Tabela 4.** Valores fenotípicos permanentes ($u + f_p$) em três características do mamoeiro para os indivíduos selecionados pela seleção direta 39

CAPÍTULO 2 - CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DA UCP-C0 VIA ANÁLISE MULTIVARIADA

Tabela 1. Estatística descritiva para 16 características avaliadas em 222 indivíduos da população UCP-C0 de seleção recorrente de mamoeiro 52

Tabela 2. *Eigen value* (EV), porcentagem da variância explicada (PVE), variância explicada acumulada (VEA) e *loading* das características para cinco componentes principais 55

CAPÍTULO 3 - CORRELAÇÃO FENOTÍPICA E ANÁLISE DE TRILHA PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS À PRODUÇÃO DE FRUTOS

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de correlação simples entre as características produtividade e qualidade de frutos em mamoeiro, em três épocas de avaliação..... 70

Tabela 2. Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos componentes primários número de frutos comerciais - NFC, número de nós sem frutos – NSF, peso médio de fruto – PMF, firmeza de fruto – FF, firmeza de polpa – FP, teor de sólidos solúveis – TSS e comprimento do fruto – CF sobre a característica principal produção de frutos por planta – PROD 72

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 1 - SELEÇÃO RECORRENTE EM MAMOEIRO: OPORTUNIDADES E ALTERNATIVAS DE SELEÇÃO DESDE A POPULAÇÃO BASE

Figura 1. Representação do esquema dos cruzamentos feitos para recombinação e obtenção da população de UCP-C0, usando os genitores elites e progênes dioicas 21

Figura 2. Diagrama de Venn para os indivíduos selecionados pelo índice de seleção combinada (ISC) e seleção direta. FF: firmeza do fruto, PROD: produção, TSS: teor de sólidos solúveis 42

CAPÍTULO 2 - CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DA UCP-C0 VIA ANÁLISE MULTIVARIADA

Figura 1. Gráficos tridimensionais para os três principais componentes. **a)** Gráfico tridimensional para os três principais componentes para 16 características relacionadas à produção e à qualidade do fruto. **b)** Gráfico tridimensional para três principais componentes para 30 genótipos superiores que mais contribuíram para

a variabilidade genética. AP: altura da planta, DC: diâmetro do caule, NFC: número de frutos comerciais, NNSF: número de nós sem frutos, NFD: número de frutos deformados, PMF: peso médio dos frutos, PROD: Produção, FF: firmeza do fruto, FP: firmeza da polpa, TSS: teor de sólidos solúveis, CF: comprimento do fruto, DF: diâmetro do fruto, CCO: comprimento da cavidade ovariana, DCO: diâmetro da cavidade ovariana, EP: espessura da polpa, %VP: porcentagem de volume de polpa 56

Figura 2. Dendrograma obtido pelo método da ligação média entre grupos (UPMGA), com base na análise de 222 indivíduos S_0 da população UCP-C0 de mamoeiro, usando a distância média euclidiana padronizada para a análise de 16 características (coeficiente de correlação coofenética = 0,75) 58

Figura 3. Representação gráfica das médias dos 13 grupos para as seis características de maior importância para a cultura, avaliadas na população UCP-C0 de seleção recorrente de mamoeiro. **a)** número de frutos comerciais – NFC, **b)** peso médio de fruto – PMF, **c)** Produção de frutos – PROD, **d)** firmeza do fruto – FF, **e)** firmeza da polpa – FP e **f)** total de sólidos solúveis – TSS. Erro padrão (S_x) 59

CAPÍTULO 3 CORRELAÇÃO SIMPLES E ANÁLISE DE TRILHA PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS À PRODUÇÃO DE FRUTOS

Figura 1. Diagrama causal ilustrativo dos efeitos diretos e indiretos das características número de frutos comerciais - NFC, número de nós sem frutos - NSF, peso médio de fruto - PMF, firmeza do fruto - FF, firmeza da polpa - FP, teor de sólidos solúveis - TSS, comprimento do fruto - CF e diâmetro do fruto - DF sobre a variável produção de frutos por planta – PROD 68

RESUMO

SANTA-CATARINA, Renato; D.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, janeiro de 2020. Seleção recorrente intrapopulacional em mamoeiro: obtenção e avaliação da população base UCP-C0; Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira. Conselheiros: Prof^a Helaine Christine Cancela Ramos e Prof. Alexandre Pio Viana.

Parte do sucesso de um programa de melhoramento genético de plantas depende da composição da sua população base. Em mamoeiro, o uso de genótipos superiores e o uso de variedades dioicas não melhoradas, fontes de genes para a resistência a doenças, produção e qualidade de frutos, são ótimas opções para a obtenção de populações base, com variabilidade genética, tornando possível a identificação e seleção de cultivares superiores, adaptadas às diferentes regiões de cultivo. O presente estudo teve por objetivos obter, avaliar e caracterizar a população base UCP-C0 do programa de seleção recorrente do mamoeiro. Três capítulos derivados deste estudo serão aqui apresentados. Para todos os trabalhos, foram fenotipados 222 indivíduos da UCP-C0. Os objetivos do Capítulo 1 foram obter a UCP-C0, estimar a repetibilidade e verificar as oportunidades e alternativas de seleção na população base. Para isso, foi estimada a repetibilidade e feita a comparação dos ganhos entre a seleção direta e a combinada para 16 características relacionadas com a qualidade e produção de frutos. As características relacionadas com peso e qualidade de fruto, apresentaram os maiores coeficientes de repetibilidade, mostrando regularidade nas mensurações ao longo do tempo, enquanto, os menores coeficientes de

repetibilidade foram observados para as características relacionadas à frutificação e à esterilidade. Os ganhos com a seleção direta permitiram identificar indivíduos superiores com alelos favoráveis para características específicas, que não foram selecionadas por meio da seleção combinada. Estes indivíduos devem ser levados em consideração como fontes de alelos, quando o objetivo é a seleção recorrente, especialmente na fase de recombinação. O objetivo do Capítulo 2 foi a caracterização dos indivíduos da população UCP-C0. A estatística descritiva mostrou que a UCP-C0 tem variabilidade genética. As características relacionadas com peso de fruto foram as que mais contribuíram para a diversidade. Foram formados 13 grupos, com variações intergrupo de Solo a Formosa, e variações intragrupo para produção e qualidade de frutos. A população UCP-C0 tem ampla variabilidade genética e, portanto, a estratégia de escolha dos genótipos utilizados como genitores e a sua recombinação, foram excelentes. O uso de progênies dioicas altamente heterogêneas e a mistura de pólen de genótipos genitores de híbridos comerciais contribuíram para os resultados observados, principalmente pela variabilidade genética presente neles. O objetivo do Capítulo 3 foi estimar a correlação simples e a análise de trilha para características relacionadas à produção de frutos. Foi possível identificar estimativas de correlação simples com significância entre as características número de frutos comerciais e peso médio de fruto indicando ganho positivo na seleção conjunta. As características número de frutos comerciais e peso de fruto, foram as principais determinantes das variações ocorridas sobre a produção de frutos por planta. Entretanto, os dados de análise de trilha não explicam os efeitos da qualidade de frutos sobre a produtividade, sendo necessária uma seleção baseada em todas as características, principalmente de forma combinada via índices de seleção. A seleção recorrente, embora conhecida como estratégia de ganho a médio e longo prazo, permite, já na população base, identificar indivíduos promissores agronomicamente, que podem ser selecionados e avançados através de autofecundações, via métodos de melhoramento, e futuramente, serem utilizados como linhagens e ou genitores de novos híbridos.

Palavras-chaves: *Carica papaya* L., produção de frutos, qualidade de frutos, repetibilidade, análise multivariada.

ABSTRACT

SANTA-CATARINA, Renato; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; January 2020. Intrapopulation Recurrent Selection in papaya: obtention and evaluation of the UCP-C0 base population. Advisor: Prof. Messias Gonzaga Pereira. Counselors: Prof. Helaine Christine Cancela Ramos and Prof. Alexandre Pio Viana.

Part of plant breeding success depends on the base population composition. In papaya, the use of superior genotypes and dioicious varieties, with gene sources for disease resistance, fruit yield and quality, are excellent options for the base populations formation, with genetic variability, making it possible to identify and select superior cultivars, adapted to the different growing regions. The present study aims to obtain, evaluate and characterize the UCP-C0 base population of recurrent selection program in papaya. Three chapters derived from this study will be presented here. For all the studies, 222 UCP-C0 individuals were phenotyped. The aims of Chapter 1 were: obtaining the UCP-C0 population, estimate the repeatability coefficient, and verify the opportunities and alternatives of selection in the base population. For this, repeatability was estimated and the comparison of gains between direct and combined selection, for 16 traits related to quality and fruit production. Traits related to fruit weight and quality presented the highest repeatability coefficients, demonstrating regularity over time, while the lowest repeatability coefficients were observed for the traits related with fruiting and sterility. The gains from direct selection allowed the identification of superior individuals with favorable alleles for specific traits, which were not selected

through the combined selection. These individuals should be considered as sources of alleles when the aim is recurrent selection, especially in the recombination phase. The aim of Chapter 2 was: characterize individuals from the UCP-C0 population. Descriptive statistics showed that UCP-C0 has genetic variability. Traits related to fruit weight, contributed the most to the diversity. Thirteen groups were formed, with intergroup variation from Solo to Formosa, and intragroup variation for fruit production and quality. The UCP-C0 population has wide genetic variability and, therefore, the strategy of choosing the genotypes used as parents and their recombination was very effective. The use of highly heterogeneous and heterozygous dioic progenies and the pollen mixture from elite genotypes, contributed to the observed results, mainly due to the genetic variability present in them. The aims of Chapter 3 were: estimate the simple correlation and path analysis, for traits related with fruit yield. It was possible to identify simple correlation estimates with significance between the traits number of commercial fruits and fruit weight, indicating a positive gain in the joint selection. The traits number of commercial fruits and fruit weight were the main determinants of variations on fruit yield per plant. However, the path analysis data do not explain the effects of fruit quality on yield, and selection based on all traits is required, especially in combination by selection indices. Recurrent selection, although known as a medium and long-term gain strategy, allows, already in the base population, to identify agronomically promising individuals, who can be selected and advanced through self-fertilization, by breeding methods, and in future to be used as lines and or parents of new hybrids.

Keywords: *Carica papaya* L., fruit yield, fruit quality, repeatability, multivariate approach.

1. INTRODUÇÃO

O mamoeiro é uma das fruteiras de maior importância econômica para as regiões tropicais e subtropicais do mundo, sendo amplamente conhecido por seus benefícios nutricionais e medicinais. Os frutos são ricos em vitamina A, vitamina C, potássio, folato, niacina, tiamina, riboflavina, ferro, cálcio e fibra (Huerta-Ocampo et al., 2012). Os frutos são consumidos principalmente na forma “in natura”, podendo estar presente em diversos derivados, como sucos, sorvetes, bolos, iogurtes, entre outros. Além dos benefícios nutricionais e alimentícios, os frutos, assim como o caule, as folhas e raízes do mamoeiro, são utilizados em uma ampla gama de aplicações médicas (Ming et al., 2008). O mamoeiro também é utilizado para a produção comercial de papaína, uma enzima direcionada para a digestão de proteínas, utilizada principalmente como amaciante de carne vermelha, podendo ser utilizada também na fabricação de cerveja, no tratamento da pele, verrugas e cicatrizes (Ming et al., 2012).

O Brasil tem destaque no cenário internacional como segundo maior produtor, com produção anual de 1,52 milhão de toneladas em 2017, equivalente a 11,7% da produção mundial de mamão, correspondendo a U\$\$ 38,8 milhões (FAOSTAT, 2019). As regiões sudeste e nordeste são as maiores produtoras da fruta, com destaque para os estados da Bahia e Espírito Santo, que juntos são responsáveis por aproximadamente 75% da produção nacional de mamão, correspondendo a 980 mil toneladas da fruta em 2017 (IBGE, 2019).

Apesar da relevância dessa fruteira para o agronegócio brasileiro, seu cultivo é estabelecido por um número reduzido de cultivares, o que limita a variabilidade genética e a expansão da cultura, deixando-a vulnerável ao ataque de pragas e doenças. Este cenário pode ser mudado com o desenvolvimento de novas cultivares, com excelente produção e qualidade de frutos, resistência a doenças e pragas e adaptadas às diferentes regiões produtoras. As novas cultivares de mamoeiro, geralmente são obtidas de populações segregantes, desenvolvidas por meio de cruzamentos/recombinação de genótipos, com características de interesse. Essas populações apresentam variabilidade genética, o que torna possível a identificação de genótipos superiores com características de interesse como resistência a doenças, qualidade e produção de frutos (Cortes et al., 2019).

A variabilidade genética existente nessas populações pode ser explorada por diferentes métodos de melhoramento, até o produto final, a cultivar propriamente dita. No mamoeiro, diferentes métodos vêm sendo utilizados, entre eles o método *Single Seed Descent* – SSD para o avanço de uma população bi parental (Cortes et al., 2018) e o método Pedigree para a condução de diferentes populações de retrocruzamentos (Ramos et al., 2014; Barros et al., 2017; Santa-Catarina et al., 2019). Além desses, temos o método da seleção recorrente, utilizado para aumentar a média de determinadas características de uma população. A seleção recorrente foi proposta por Hull (1945) e visa a aumentar gradualmente a frequência de alelos favoráveis para características quantitativas, através de ciclos repetidos de seleção, sem que ocorra perda da variabilidade genética existente na população. Este método é composto por três etapas - obtenção de progênies, avaliação e recombinação - que são realizadas ciclicamente até que a frequência dos alelos de interesse seja satisfatória na população (Hallauer et al., 2010).

Durante a condução das populações segregantes de plantas perenes como o mamoeiro, é comum estimar parâmetros como repetibilidade, que afetam as características de interesse e que permitem caracterizar os genótipos ao longo do tempo. O coeficiente de repetibilidade permite avaliar a correlação entre as medidas feitas no mesmo indivíduo, ao longo do tempo e espaço, permitindo verificar a proporção de variação fornecida pelo genótipo e as alterações permanentes atribuídas ao ambiente (Cruz et al., 2012). A repetibilidade tem

grande importância para a cultura do mamoeiro, pois permite avaliar a quantidade de tempo e a força de trabalho necessária, para que a seleção de indivíduos geneticamente superiores seja feita com precisão pelo melhorista (Pinto et al., 2013; Luz et al., 2015).

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

Nessas populações, estudos que proporcionam informações sobre o quanto a alteração de uma determinada característica pode afetar as demais são de grande importância, pois facilitam a seleção de genótipos superiores. Essa informação é importante para os melhoristas, principalmente quando a seleção de uma característica é dificultada por causa de baixa herdabilidade ou dificuldades na mensuração e identificação (Cruz et al., 2012). Quando duas características são correlacionadas positivamente, ambas são beneficiadas ou prejudicadas pelas mesmas causas de variações, e correlações negativas indicam que o ambiente favorece uma característica em detrimento de outra.

Algumas situações em que o coeficiente de correlação entre duas características for alto ou baixo significam que este coeficiente pode não ser uma medida real de causa e efeito, mas, sim o resultado de efeitos diretos ou indiretos de uma terceira característica ou grupo de característica sobre essas duas (Cruz et al., 2012). Neste caso, o uso de metodologia como a análise de trilha permite estimar os efeitos diretos ou indiretos de um grupo de características em relação a uma determinada característica de maior importância (Cruz e Carneiro, 2012).

Após avaliados, a seleção dos indivíduos superiores se torna mais promissora e eficaz quando feita com base em várias características de interesse, pelo uso de índices de seleção. A seleção combinada no mamoeiro permite associar o peso às médias padronizadas das características de interesse, demonstrando eficiência na seleção de genótipos superiores (Silva et al., 2008; Ramos et al., 2014).

2. OBJETIVO GERAL

Iniciar e conduzir um programa de seleção recorrente na cultura do mamoeiro para ampliar a base genética da cultura, tendo como referência uma população base com características para resistência a doenças, produção e qualidade de frutos.

2.1. Objetivos Específicos

- Obter uma população base proveniente de cruzamentos de genitores elite para qualidade e produção de frutos, com genitores que apresentam fonte de resistência à pinta preta e à mancha-de-phoma;
- Estimar o coeficiente de repetibilidade dos indivíduos da população base;
- Estimar a eficiência no uso de m medidas repetidas e sua aplicabilidade na cultura do mamoeiro;
- Verificar o perfil da seleção de indivíduos superiores via seleção direta e combinada;
- Caracterizar os genótipos da população base, para estimar a diversidade genética presente na população;
- Estimar a correlação entre características agronômicas em população recombinada de ampla base genética; e
- Estimar os efeitos diretos e indiretos das características explicativas sobre a característica básica produção de frutos.

3. CAPÍTULOS

3.1 SELEÇÃO RECORRENTE EM MAMOEIRO: OPORTUNIDADES E ALTERNATIVAS DE SELEÇÃO DESDE A POPULAÇÃO BASE

3.1.1 INTRODUÇÃO

Na cultura do mamoeiro é necessário expandir a base genética e explorar a variabilidade genética existente no gênero *Carica*, possibilitando o desenvolvimento de novas cultivares. Uma das maneiras de desenvolver e explorar a variabilidade genética na cultura é a obtenção de populações segregantes, através de cruzamentos ou recombinação de genótipos com fontes de alelos favoráveis para características relacionadas à resistência a doenças, qualidade e produção de frutos. Para resistência a doenças, genótipos dioicos com adaptação e rusticidade podem ser utilizados como fontes de genes, para aumentar a base genética da cultura (Oliveira et al., 2010a). Vivas et al. (2012, 2013a, 2014a), em estudos com genótipos dioicos, apontaram seis progênies - (STA-02 (2), STA-02 (6), STA-04 (5), STA-05 (5) e STA-22 (3)) - como candidatas para a constituição de futuras populações segregantes, com potencial para resistência à pinta-preta e à mancha-de-phoma, doenças fúngicas que acometem a cultura do mamoeiro.

Para produção e qualidade de frutos, genitores elite de híbridos comerciais podem ser considerados doadores de genes na constituição de populações segregantes (Pereira et al., 2019a, 2019b, 2019c; Luz et al., 2015; Luz et al., 2018a, 2018b). Os genitores JS-12 e Sekati pertencem ao mesmo grupo heterótico (Formosa), mas são contrastantes para características agronômicas e sensoriais. O genitor Sekati produz frutos com excelente firmeza da polpa e teor moderado de sólidos solúveis, enquanto o genitor JS-12 difere do primeiro para as duas últimas características, apresentando firmeza moderada da polpa e alto teor de sólidos solúveis (Cardoso et al., 2014; Cortes et al., 2019). Além das características agronômicas, o genitor Sekati tem resistência à mancha-de-phoma, pinta-preta e oídio (Vivas et al., 2013b).

Essas populações segregantes com características para resistência a doenças, produção e qualidade de frutos agregam recursos genéticos de grande valor e importância para o melhoramento genético do mamoeiro. Tais populações podem ser exploradas por diferentes métodos de melhoramento, contribuindo, assim, para o desenvolvimento de novas variedades de mamoeiro. Entre os métodos de melhoramento temos, a seleção recorrente proposta por Hull (1945), que visa a aumentar gradualmente a frequência de alelos favoráveis para características quantitativas, através de ciclos repetidos de seleção, sem que ocorra perda da variabilidade genética existente na população. Este método é composto por três etapas - obtenção de progênies, avaliação e recombinação - realizadas ciclicamente até que a frequência dos alelos de interesse seja satisfatória na população (Hallauer et al., 2010).

Em populações segregantes de plantas perenes como o mamoeiro, é comum estimar parâmetros como a repetibilidade, que afetam as características de interesse e permitem caracterizar os genótipos ao longo do tempo, entre eles, o coeficiente de repetibilidade. Segundo Cruz et al. (2012), o coeficiente de repetibilidade de uma determinada característica avalia a correlação entre as medidas encontradas em um mesmo indivíduo, que são repetidas ao longo do tempo ou espaço, expressando a proporção total de variação em relação às variações fornecidas pelo genótipo e às alterações permanentes atribuídas ao ambiente. No mamoeiro, o conhecimento do coeficiente de repetibilidade para as características de interesse para a cultura permite avaliar a quantidade de tempo e força de trabalho necessárias para que a seleção de indivíduos geneticamente

superiores seja feita com precisão pelo melhorista (Pinto et al., 2013; Luz et al., 2015).

Depois de fenotipados ao longo do tempo ou espaço, a seleção dos indivíduos superiores se torna mais promissora e eficaz quando feita com base em várias características de interesse para determinada cultura, através do uso de índices de seleção (Smith, 1936). A seleção combinada no mamoeiro permite associar peso às médias padronizadas das características de interesse, demonstrando eficiência na seleção de genótipos superiores (Silva et al., 2008; Ramos et al., 2014).

Assim, os objetivos desse capítulo foram: a) Obter a população base proveniente de cruzamentos de genitores elite para qualidade e produção de frutos com genitores que apresentam fonte de resistência a doenças; b) Estimar o coeficiente de repetibilidade dos indivíduos da população base; c) Estimar a eficiência no uso de m medidas repetidas e sua aplicabilidade na cultura do mamoeiro; e d) Verificar o perfil da seleção de indivíduos superiores via seleção direta e combinada.

3.1.2 REVISÃO

3.1.2.1 Aspectos gerais da cultura

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) pertence à família *Caricaceae*, gênero *Carica*. Esta família é formada pelos gêneros *Vanconcellea*, *Jacaratia*, *Jarilla*, *Cylicomorpha*, *Horovitzia* e *Carica*, sendo este último o de maior importância econômica (Badillo, 1971, 2000). Segundo Carvalho e Renner (2014), o mamoeiro faz parte de um pequeno clado confinado ao México, Guatemala e El Salvador, que inclui três espécies herbáceas, *Jarilla chocola*, *J. heterophylla*, *J. nana*, e uma espécie arbustiva, *Horovitzia cnidoscoloides*, endêmica de Oaxaca, México.

As espécies *Carica papaya*, *Vasconcellea monoica* e *Jacaratia spinosa* são diploides e têm 9 cromossomos ($2x = 2n = 18$) cada uma delas (Danasceno Junior et al., 2009a; Damasceno Junior et al., 2010). No mamoeiro a herança do sexo foi inicialmente descrita como monogênica, apresentando três formas alélicas

possíveis - M1, M2 e m (Hofmeyr, 1938). Storey (1941) estabeleceu que os indivíduos portadores dos genótipos mm, M1m, e M2m são denominados ginoicos, androicos, e ginoicos-andromonoicos ou hermafroditas, respectivamente. As combinações dominantes M1M1, M2M2 e M1M2 são letais (Storey, 1953). No entanto, Ming et al. (2007) enfatizam que o sexo no mamoeiro é controlado por um par de cromossomos sexuais recentemente evoluídos, havendo dois cromossomos Y na espécie: nas plantas masculinas o cromossomo Y, e nas hermafroditas o cromossomo Y^h, existindo pelo menos dois genes que diferenciam esses dois cromossomos. Um gene controlaria o pedúnculo longo e o outro gene masculinizante controlaria o aborto do carpelo nas flores masculinas. Assim, plantas portadoras dos genótipos XX, XY, XY^h e YY^h seriam femininas, masculinas, hermafroditas e letais, respectivamente.

O mamoeiro é identificado como uma espécie autógama facultativa com cleistogamia (Damasceno Junior et al., 2009b). Assim, tanto híbridos quanto linhagens podem ser obtidos, explorados e cultivados, o que confere uma grande vantagem à cultura. Segundo Dantas e Lima (2001), o mamoeiro pode ser autopolinizado sem expressiva perda de vigor, ou seja, não sofre depressão por endogamia. Esta característica facilita o melhoramento genético na espécie, pois possibilita a obtenção de linhagens endogâmicas que podem ser utilizadas no desenvolvimento tanto de variedades tipo linha pura quanto de variedades híbridas.

O mamoeiro tem como características a grande densidade de plantas por hectare, fácil propagação, rápido desenvolvimento (9 a 12 meses para frutificação) e alta produtividade durante todo o ano (Chávez-Pesqueira e Núñez-Farfán, 2017). As plantas femininas têm uma inflorescência curta, que apresenta somente flores femininas, as quais não apresentam estames, ou quando presentes, eles são rudimentares. O ovário é grande, arredondado, afunilando-se para o ápice, onde se inserem cinco estigmas em forma de leque. Originam frutos normalmente arredondados ou ligeiramente ovalados, apresentando a cavidade interna grande em relação à espessura da polpa.

As flores masculinas são caracterizadas pelo maior comprimento do pedúnculo, com muitas flores cimosas, constituídas por dez estames funcionais, soldados às pétalas e dispostas em duas séries, sendo cinco superiores e cinco inferiores, com ovário rudimentar e estéril. Entretanto, em certas épocas do ano,

as plantas do sexo masculino podem produzir algumas flores hermafroditas, oriundas da alteração ou desenvolvimento do pistilo rudimentar, dando origem a frutos denominados mamões-machos.

De maneira geral, as flores das plantas hermafroditas têm uma inflorescência relativamente curta, apresentam dez estames funcionais e um ovário alongado, geralmente composto de cinco estigmas. Originam frutos alongados, com variações de piriforme a cilíndrico. Quando comparado aos frutos originados de flores femininas, estes apresentam menor cavidade ovariana e maior espessura da polpa. As flores hermafroditas são fortemente influenciadas por fatores ambientais, que provocam variações morfológicas e alterações no formato do fruto. A primeira delas é conhecida como flor hermafrodita pentândrica, que se assemelha muito à flor feminina, mas se diferenciando por apresentar o órgão masculino com cinco estames curtos, cujos filamentos se inserem em sulcos profundos na parede do ovário, dando origem a frutos arredondados e pentândricos (cinco sulcos longitudinais). A segunda alteração é a flor hermafrodita carpeloide que pode apresentar inúmeras formas anormais, de acordo com a tendência dos estames em se tornarem carpeloides em diferentes graus. Os estames são em número de dois a dez, com variados graus de fusão das pétalas, ao ovário ou ambos, essa fusão dá origem a frutos malformados, denominados frutos carpeloides.

Os frutos apresentam tamanhos variados de acordo com a cultivar. Os frutos das plantas hermafroditas são os de maior interesse dos produtores e consumidores. Estes frutos apresentam formato elipsoide (maior relação comprimento/diâmetro de fruto) e apresentam menor cavidade ovariana e conseqüentemente, maior peso e espessura de polpa.

A cor da polpa do fruto segrega em um padrão mendeliano simples, indicando um único gene (*CpCYC-b*) importante que controla essa característica, com a cor amarela da polpa dominante sobre o vermelha (Hofmyer, 1938). Desta forma os indivíduos homozigotos dominantes e os heterozigotos apresentam cor de polpa amarela, enquanto os indivíduos homozigotos recessivos apresentam cor de polpa vermelha. A cor da polpa do mamoeiro resulta do acúmulo de carotenoides nos cromoplastos das células dos frutos, principalmente o licopeno na polpa vermelha e b-carotenoides na polpa amarela, que fornecem atividade antioxidante e nutricional, respectivamente (Blas et al., 2010). Esse acúmulo de

carotenoides pode explicar a variação na intensidade da cor da polpa (variações na tonalidade de vermelho e amarelo), observada no campo nos diferentes genótipos.

3.1.2.2 Importância econômica da cultura

Entre as frutas, o mamão é classificado entre os primeiros lugares nos escores nutricionais para a porcentagem de vitamina A, vitamina C, potássio, folato, niacina, tiamina, riboflavina, ferro, cálcio e fibra (Huerta-Ocampo et al., 2012). Além do consumo da fruta “in natura”, os frutos, o caule, as folhas e raízes do mamoeiro são utilizados em uma ampla gama de aplicações médicas e na produção de papaína (Ming et al., 2008). A produção comercial de papaína é direcionada para a digestão de proteínas, principalmente como amaciante de carne vermelha, para a fabricação de cerveja e para o tratamento da pele, verrugas e cicatrizes (Ming et al., 2012).

A produção mundial de mamão atingiu 13,02 milhões de toneladas em 2017, sendo que aproximadamente 49,3% dessa produção está centrada na Ásia, seguida das Américas (37,2%), África (13,4%) e Oceania com 0,1%. A Índia é a maior produtora de mamão, seguida do Brasil, Nigéria, México e Indonésia. Em 2017, a Índia produziu, em média, de 3,19 milhões de toneladas de mamão, o que representa 24,5% da produção mundial. O Brasil é o segundo maior produtor da fruta, com produção média de 1,52 milhões de toneladas, correspondendo a 11,7% da produção mundial de mamão, movimentando em torno de U\$\$ 38,8 milhões (FAOSTAT, 2019).

No Brasil, o mamoeiro é cultivado praticamente em todas as regiões, com destaque para o nordeste e sudeste, que são as maiores regiões produtoras da fruta. Em 2017, as duas regiões, juntas, foram responsáveis por 94% da produção nacional de mamão. A região nordeste foi a maior produtora, com média de 628.412 toneladas, representando 59% da produção nacional de mamão, seguida pela região sudeste, a segunda maior produtora, com média de 36.412 toneladas em 2017, representando 35% da produção nacional (IBGE, 2019). Os Estados da Bahia e Espírito Santo foram os maiores produtores, com 368.875 e 311.150 toneladas, respectivamente, correspondendo a 75% da produção brasileira,

seguidos dos Estados do Ceará (115.525 toneladas), Rio Grande do Norte (86.342 toneladas) e Minas Gerais (43.556 toneladas) (IBGE, 2019).

3.1.2.3 Melhoramento genético do mamoeiro na UENF

No Brasil existem vários programas de melhoramento do mamoeiro, conduzidos em diferentes instituições, entre elas, as principais são: a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF em parceria com a empresa Caliman Agrícola S.A. (UENF/CALIMAN), o Instituto Capixaba de Pesquisa e Extensão Rural – Incaper e a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa, mandioca e fruticultura.

O programa UENF/CALIMAN teve início em 1996 com o objetivo de gerar novos híbridos e variedades de mamoeiro, buscando tornar o país independente da importação de sementes e aumentar a produção de frutos de melhor qualidade, tanto para o consumo interno quanto para a conquista de novos mercados. Este programa vem crescendo a cada ano, graças à parceria com a iniciativa privada (empresa Caliman Agrícola S.A., maior produtora e exportadora de mamão do Brasil) e ao suporte financeiro do CNPq, Capes, Faperj e, especialmente, da Finep, órgão governamental financiador dos projetos denominados de “FRUTIMAMÃO I” e “FRUTIMAMÃO II” (Pereira et al., 2019a).

Este programa de melhoramento é sustentado por alguns pilares básicos como o melhoramento clássico, as ferramentas de citogenética, a genética molecular, a fisiologia pós-colheita, a resistência a doenças, bioinformática e, mais recentemente, a fenômica. Esta estratégia de melhoramento busca contribuir na formação de pessoal (Agrônomos, Biólogos, Mestres e Doutores), gerar e divulgar o conhecimento científico na forma de artigos publicados e, principalmente, desenvolver novas cultivares de mamoeiro (Pereira et al., 2019a).

A união desta parceria resultou no registro de 21 cultivares híbridas de mamoeiro (Marin et al., 2006a, 2006b; Luz et al., 2015, 2018a, 2018b, Pereira et al., 2019a, 2019b, 2019c) no Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento – MAPA, entre elas a primeira cultivar híbrida de mamoeiro brasileiro, denominada de ‘UENF/CALIMAN – 01’, popularmente conhecida como ‘Calimosa’. Esta cultivar híbrida tem mostrado superioridade para produção e qualidade de frutos em relação à cultivar híbrida ‘Tainung 01’, do grupo Formosa, tornando-se uma

alternativa para o cultivo do mamoeiro no país, estando em utilização pelos agricultores de diferentes regiões do Brasil e de outros países, pela exportação de suas sementes.

Ao longo dos 23 anos do programa, vários trabalhos de melhoramento foram desenvolvidos, tais como o estudo do comportamento floral, modo de reprodução do mamoeiro, predição do sexo, realização de retrocruzamentos, estudos de heterose, estudos de capacidade combinatória, topcross com testadores elite, dialelos, estudos de resistência a doenças, desenvolvimento de metodologias de fenotipagem baseada em imagens digitais (Pereira et al., 2019a).

Silva et al. (2007a), trabalhando com expressão sexual em populações de mamoeiro, identificaram plantas mais estáveis a flutuações de temperatura no inverno e verão. Damasceno Junior et al. (2008), avaliando o comportamento floral de híbridos de mamoeiro em duas estações do ano, observaram que fatores ambientais durante o verão influenciam no número de flores hermafroditas, fatores genéticos influenciam no número de flores masculinas, tanto no verão quanto na primavera, e no número de flores anômalas (carpeloides e pentândricas). Embora não tenha sido observada diferença significativa entre as duas épocas, na primavera apresentou maior média, indicando aumento nas taxas de carpeloidia e pentandria durante os meses mais frios do ano.

Damasceno Junior et al. (2009b) estudaram o modo de reprodução preferencial de plantas hermafroditas de mamoeiro e identificaram como sendo uma espécie autógama facultativa com cleistogamia.

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

Pinto et al. (2013) e Ramos et al. (2014) trabalharam com modelos mistos para selecionar indivíduos superiores, utilizando características morfoagronômicas, e obtiveram resultados satisfatórios. Vivas et al. (2014b) avaliaram sua eficiência na seleção de genótipos resistentes a doenças foliares ocasionadas por fungo, por meio de um dialelo circulante, e também obtiveram sucesso.

Cortes et al. (2017) desenvolveram e validaram uma metodologia de análise e processamento de imagem digital, voltada para a fenotipagem de características morfológicas como altura de planta, altura de inserção do primeiro fruto, diâmetro do caule, número de frutos comerciais e deformados e nós sem frutos. Esta metodologia tem sido aplicada na fenotipagem das novas áreas experimentais diminuindo o tempo de coleta e obtenção dos dados. Santa-Catarina et al. (2018) desenvolveram e validaram uma metodologia de análise e processamento de imagem digital de baixo custo aplicada na estimação de características morfológicas, como comprimento e diâmetro do fruto, comprimento e diâmetro da cavidade ovariana, espessura e cor da polpa em frutos de mamoeiro.

Barros et al. (2017) e Santa-Catarina et al. (2019) estimaram a capacidade específica de linhagens de mamoeiro oriundas da conversão sexual do genótipo dioico *Cariflora*, identificando combinações híbridas com potencial genético para serem exploradas comercialmente.

Com isso, fica clara a importância deste programa de melhoramento tanto na formação e capacitação de mestres e doutores em diversas áreas como no desenvolvimento de novos genótipos, contribuindo cada vez mais com o desenvolvimento econômico da cultura.

3.1.2.4 Tipos de cruzamentos

A polinização no mamoeiro pode ser anemófila, entomófila ou feita pelo próprio homem, podendo ocorrer de quatro formas possíveis:

I) Cruzamento entre *planta feminina (XX)* x *planta masculina (XY)*. As sementes produzidas nesse cruzamento originam plantas dioicas com 50% de plantas XY e 50% de plantas XX.

II) Cruzamento entre *planta feminina (XX)* x *planta hermafrodita (XY^h)*. As sementes produzidas nesse cruzamento originam plantas ginodioicas, com 50% de plantas XY^h e 50% de plantas XX. Este tipo de cruzamento é o mais utilizado no melhoramento genético do mamoeiro, pela facilidade dos cruzamentos.

III) Cruzamento entre *planta hermafrodita (XY^h)* x *planta hermafrodita (XY^h)*. As sementes produzidas neste cruzamento originam plantas ginodioicas, sendo 66% de plantas XY^h e 33% de plantas XX. Essa forma de cruzamento é

muito utilizada quando o objetivo é a autofecundação de variedade tipo linha pura. Entretanto, quando o objetivo é a obtenção de híbridos em que o cruzamento é feito entre genótipos divergentes, sendo este tipo de cruzamento pouco utilizado pela necessidade de emasculação da flor hermafrodita receptora de pólen, sendo a opção II mais indicada.

IV) Cruzamento entre *plantas hermafroditas* (XY^h) x *plantas masculinas* (XY). Esta forma de cruzamento produz tanto plantas dioicas como ginodioicas, sendo que a proporção esperada será de 33% de plantas XY , 33% de plantas XY^h e 33% de XX .

As combinações entre os alelos dominantes YY , Y^hY^h e YY^h são letais zigóticos e não ocorrem na natureza. A única forma homocigota viável é a XX .

3.1.2.5 Seleção Recorrente no melhoramento de plantas

A seleção recorrente é um método de melhoramento populacional designado a aumentar gradativamente a frequência de alelos favoráveis para uma característica quantitativa, através de repetidos ciclos de seleção, sem perda da variabilidade genética da população (Hull, 1945). A seleção recorrente é composta de três etapas - desenvolvimento, avaliação e recombinação das progênies. Estas etapas são conduzidas de forma cíclica até que sejam atingidos níveis satisfatórios na frequência de alelos favoráveis na população (Hallauer et al., 2010).

Na seleção recorrente, o ganho por ciclo pode ser aumentado quando a pressão de seleção for maior pela escolha de menor proporção de indivíduos ou famílias para a formação da nova geração. Esta estratégia, porém, pode produzir uma sensível redução da variabilidade genética, o que diminui o ganho com a seleção ou a possibilidade de seleção a médio e longo prazo. Por outro lado, quando a seleção for 'branda', espera-se menor progresso por ciclo, mas são garantidos ganhos por períodos mais prolongados, pois não ocorre exaustão da variabilidade genética nos primeiros ciclos (Hull, 1945).

Nos programas de seleção recorrente, normalmente são selecionadas entre 10 a 30% das progênies avaliadas, garantindo que não ocorra deriva genética, o que pode limitar o melhoramento das populações assim como reduzir

a variabilidade genética, comprometendo futuros ciclos de seleção (Freitas Júnior et al., 2009; Ribeiro et al., 2012).

Em fruteiras, a seleção recorrente tem sido utilizada em maracujá como alternativa para captação de ganhos genéticos (Silva et al., 2009; Ferreira et al., 2016a; Cavalcante et al., 2019), em macieira (Oraguzie et al., 2003; Kumar et al., 2010) e em goiaba (Silva et al., 2017). No mamoeiro, a seleção recorrente tem sido praticada pelo grupo de pesquisa do programa UENF/CALIMAN para aumentar os ganhos com produção e qualidade de frutos (Santa-Catarina et al., 2020) e para redução das anomalias florais (Moreira et al., 2019a).

Além de fruteiras, a seleção recorrente tem sido utilizada com eficiência no melhoramento de populações de milho-pipoca (Rangel et al., 2011), milho comum (Molenaar et al., 2019), em trigo (Rembe et al., 2019), em soja (Freiria et al., 2019), em cana-de-açúcar (Lingle et al., 2010; Costa et al., 2014), em gramíneas, para resistência a doenças causadas por *Bipolaris oryzae* (Songsomboon et al., 2019), no melhoramento da *Akebia trifoliata*, conhecida como trepadeira-chocolate (Zou et al., 2019) entre outros.

3.1.2.6 Índices de seleção

Na condução de um programa de melhoramento genético vegetal, os genótipos são selecionados levando em consideração várias características simultaneamente. Nesse sentido, o genótipo selecionado reúne, ao mesmo tempo, uma série de atributos favoráveis capazes de satisfazer as exigências do produtor ou consumidor (Silva e Viana, 2012).

Cada característica estudada tem sua importância na seleção de genótipos de mamoeiro. O índice de seleção é uma função linear dos valores fenotípicos de diferentes características, sendo que cada uma é ponderada por um coeficiente (Borém, 2009). A importância do índice de seleção consiste em atribuir um valor global para os genótipos com base na avaliação de várias características simultaneamente, permitindo ganhos com seleção.

A ideia do índice de seleção foi proposta inicialmente por Smith (1936) e Hazel (1943) e vem sendo proposta em programas de melhoramento vegetal e animal como critério para selecionar características quantitativas simultaneamente. Atualmente, na literatura são encontrados vários índices de

seleção, os quais podem ser utilizados no melhoramento de plantas (Cruz et al., 2004).

Esmiderle et al. (2019), estudando genótipos de arroz concluíram que a seleção mais eficiente foi obtida pelo Índice Z, o qual pode aumentar bastante a eficiência da seleção de múltiplas características em programas de melhoramento de arroz de terras altas. Santos et al. (2007) concluíram que o uso de índices de seleção é vantajoso no milho-pipoca e que o índice de soma de “ranks” ou Mulamba e Mock (1978) proporcionou maiores magnitudes de ganhos preditos. Rangel et al. (2011), na condução do quinto ciclo de seleção recorrente em população de milho-pipoca, verificaram que o índice de Mulamba e Mock resultou em ganhos proporcionais mais adequados para capacidade de expansão e rendimento de grãos, com valores respectivos de 6,01 e 8,53 %, na utilização de pesos econômicos arbitrários. Silva e Viana (2012) verificaram que esse mesmo índice permitiu selecionar progênes superiores de maracujá para dar prosseguimento ao programa de seleção recorrente intrapopulacional.

Silva et al. (2017) estimaram a predição de ganhos genéticos em goiabeira através de índices de seleção e metodologia REML/BLUP. Moreira et al. (2019b) verificaram que o índice de seleção de Smith e Hazel, utilizando as médias fenotípicas padronizadas, foi mais eficiente na identificação de indivíduos de mamoeiro com melhores valores para as característica teor de sólidos solúveis, peso de fruto, comprimento e largura do fruto, altura da planta e inserção do primeiro fruto e espessura da polpa. Ramos et al. (2014), avaliando genótipos de mamoeiro, verificaram que o índice com base no valor genético padronizado apresentou maior consistência no ranking do material genético, demonstrando a vantagem da padronização dos dados. Cortes et al. (2018) concluíram que o índice de seleção combinada IG2 foi consistente na seleção de seis progênes superiores, permitindo ganhos promissores para características produção de frutos e espessura de polpa, que são de importância para o melhoramento.

3.1.2.7 Repetibilidade no melhoramento de fruteiras

Em fruteiras, as características de interesse para o melhoramento se expressam mais de uma vez no mesmo indivíduo, gerando mensurações repetidas no tempo ou no espaço. Os indivíduos devem ser avaliados

geneticamente por modelos estatísticos que consideram o efeito de ambiente permanente, bem como o parâmetro associado à correlação fenotípica entre as mensurações repetidas em um mesmo indivíduo, o qual é chamado de repetibilidade (Viana e Resende, 2014). De acordo com Falconer (1987), a repetibilidade expressa a proporção de variância de medidas simples, que é causada por diferenças permanentes ou não, localizadas entre os indivíduos, tanto de origem genética quanto ambiental.

O coeficiente de repetibilidade mede a capacidade dos indivíduos em repetir a expressão da característica ao longo das mensurações. Este parâmetro apresenta importância fundamental na predição de valores genéticos e genotípicos e na inferência sobre o aumento da eficiência seletiva no uso de m mensurações por indivíduo, fator que permite ao melhorista determinar o número de safras ou avaliações a serem adotadas em um programa de melhoramento (Viana e Resende, 2014).

Dessa forma, a repetibilidade é importante nos programas de melhoramento de fruteiras, pois permite estimar o número de avaliações ou medidas necessárias para selecionar genótipos com maior eficiência, com economia de tempo, mão de obra e custos de forma geral. A repetibilidade também permite ao melhorista avaliar se a seleção de uma determinada característica será confiável e se os genótipos selecionados manterão sua superioridade ao longo das gerações (Cruz et al., 2014).

Dada a importância da repetibilidade para o melhoramento de fruteiras, vários trabalhos foram desenvolvidos para estimar esse parâmetro. Em videira, foi estimada a repetibilidade para produção, número de cachos, peso do cacho, diâmetro da baga e sólidos solúveis (Leão et al., 2018); em maçã, foi estimada a repetibilidade para produção de frutos (Vale et al., 2011); em graviola, foi estimada a repetibilidade para produção de frutos (Sánchez et al., 2017); em maracujazeiro, foram estimados a repetibilidade para massa de fruto, a massa de polpa de semente, a espessura de casca, o diâmetro e comprimento de fruto e o teor de sólidos solúveis (Neves et al., 2010); em laranja doce, foram estimados a repetibilidade para massa de frutos, o rendimento de suco, a espessura da casca, o rendimento de polpa, o teor de sólidos solúveis e a acidez total (Negreiros et al., 2014); em pessegueiro, foram estimados a repetibilidade para peso de fruto, o diâmetro de fruto, a firmeza da polpa e o teor de sólidos solúveis (Pires et al.,

2015); em cupuaçu, foram estimados a repetibilidade para comprimento, o diâmetro, o peso, a espessura da casca, a massa de casca, a massa de polpa e a massa de semente húmida (Alcoforado et al., 2019); e em pera japonesa, foram estimados a repetibilidade para teor total de açúcar e a composição de açúcar, incluindo sacarose, frutose, glicose e sorbitol (Saito et al., 2019).

No mamoeiro, foi estimada a repetibilidade para características ligadas à produção de frutos, como massa de frutos, número de frutos comerciais e produção (Luz et al., 2015), para características relacionadas a anomalias florais (Moreira et al., 2019) e para características relacionadas à arquitetura da planta, à produção, à qualidade e ao formato do fruto (Santa-Catarina et al., 2020).

3.1.3 MATERIAL E MÉTODOS

A população base UCP-C0 (UENF Caliman Population Ciclo 0) do programa de seleção recorrente em mamoeiro foi desenvolvida e avaliada, compreendendo 222 indivíduos. Os trabalhos foram desenvolvidos em casa de vegetação e no campo, localizado na fazenda Santa Terezinha, da empresa CALIMAN Agrícola S.A., em Linhares, Espírito Santo, Brasil (19°09 'S, 39°59' W, altitude 30 m). O clima da região é classificado como tipo AWi (tropical úmido), com verão chuvoso e inverno seco (Alvares et al., 2013).

3.1.3.1 Obtenção da UCP-C0

A UCP-C0 foi obtida pela recombinação entre cinco progênies dioicas e cinco genótipos elite, genitores de híbridos comerciais. Neste trabalho, as progênies dioicas foram utilizadas como fontes alélicas para resistência a doenças, enquanto os genitores elite foram utilizados como fonte alélica para características relacionadas à qualidade e à produção de frutos.

3.1.3.1.1 Progênies dioicas

Para obtenção da UCP-C0, foram utilizadas cinco progênies dioicas denominadas STA-22 (3), STA-05 (5), STA-17 (6), STA-02 (6) e STA-04 (5). Essas progênies foram avaliadas e identificadas como resistentes à pinta-preta do mamoeiro, *Asperisporium caricae* (Speg.) Maubl. e à mancha-de-phoma, *Stagonosporopsis caricae* (Sydow e P. Sydow) Aveskamp, Gruyter e Verkley [= *Phoma caricae-papayae* (Tar) Punith.] (Vivas et al. 2012, 2013a, 2014a).

3.1.3.1.2 Semeio e plantio das progênies dioicas

As cinco progênies dioicas foram semeadas em casa de vegetação em dezembro de 2015, utilizando bandejas plásticas com capacidade para 96 tubetes de 55 cm³. Foram utilizados substrato da marca HT tropstrato hortaliças e adubo de liberação lenta Basacote mini 3M®, fórmula NPK (Mg) 13-06-16 (1,4) com micronutrientes: 0,0; 2,5; 5,0; 7,5; 10,0 e 12,5 kg m⁻³. Aproximadamente 20 dias após a germinação, as mudas foram aclimatizadas e, aos 30 dias plantadas na área experimental no campo. Para cada progênie dioica, foram plantadas 10 covas com três mudas cada, totalizando 50 covas, com espaçamento de 3,6 m entre as plantas nas fileiras e 1,5 m entre as plantas na linha, totalizando uma área de 5,4 m² por planta.

3.1.3.1.3 Genitores elite

Os cinco genitores elite utilizados foram SS-72/12, JS-12, Sekati, 36/7 e 41/7. Estes genitores são fontes de alelos para características relacionadas à qualidade e à produtividade dos frutos. O genitor SS-72/12 pertence ao grupo Solo, com menor peso médio de frutos, enquanto os demais genitores têm frutos maiores, classificados como do grupo Formosa. Os genitores JS-12 e Sekati são contrastantes para características agrônômicas e sensoriais. O genitor Sekati produz frutos grandes, com excelente firmeza da polpa e teor moderado de sólidos solúveis, enquanto o genitor JS-12 difere do Sekati para as duas últimas características, com firmeza moderada da polpa e alto teor de sólidos solúveis (Cardoso et al., 2014; Cortes et al., 2019). Esses cinco genótipos são genitores de

híbridos comerciais, registrados no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - MAPA (Pereira et al., 2019a, 2019b, 2019c; Luz et al. 2015, 2018a, 2018b).

3.1.3.1.4 Semeio e plantio dos genitores elite

Os cinco genitores elites foram semeados em casa de vegetação em dezembro de 2015, utilizando bandejas plásticas com capacidade para 96 tubetes de 55 cm³. Foram utilizados substrato da marca HT tropstrato hortaliças e adubo de liberação lenta Basacote mini 3M[®], fórmula NPK (Mg) 13-06-16 (1,4) com micronutrientes: 0,0; 2,5; 5,0; 7,5; 10,0 e 12,5 kg m⁻³. Aproximadamente 15 dias após a germinação, as mudas foram aclimatizadas e aos 30 dias, plantadas no campo, na área de produção de sementes de empresa Caliman Agrícola S.A., localizada próximo à área onde as progênes dioicas foram plantadas. Como esta área foi utilizada para a produção de sementes, um quantitativo maior de plantas para cada progenitor elite foi plantado, utilizando o mesmo espaçamento de 3,6 m entre linha e 1,5 m entre plantas na linha, correspondendo a uma área de 5,4 m² por planta.

3.1.3.1.5 Sexagem das plantas masculinas, femininas e hermafroditas

A sexagem dos genitores elite e das progênes dioicas foi feita aproximadamente 90 dias após o plantio. Para os cruzamentos, os genitores elite foram utilizados como doadores de pólen e as progênes dioicas como receptoras. Assim, nas progênes dioicas a sexagem foi feita eliminando as plantas masculinas, permanecendo apenas uma planta feminina em cada cova. Na área de produção de sementes, os genitores elites foram sexados mantendo tanto plantas femininas como plantas hermafroditas. Destas, apenas as plantas hermafroditas, foram utilizadas como doadoras de pólen no presente estudo.

3.1.3.1.6 Recombinação com polinização controlada das progênes dioicas e genitores elite

Para a polinização controlada, foi preparada uma mistura de pólen das flores das plantas hermafroditas dos cinco genitores elite. Para isso, foram coletadas 50 flores hermafroditas aleatoriamente de cada genitor elite, para compor o “mix”, totalizando 250 flores hermafroditas. O pólen das flores hermafroditas foi retirado e colocado em um tubo Eppendorf de 2 ml para preparar o “mix” de pólen. Após a obtenção do “mix”, os botões florais das plantas femininas das progênes dioicas foram polinizados usando um pincel (Figura 1).

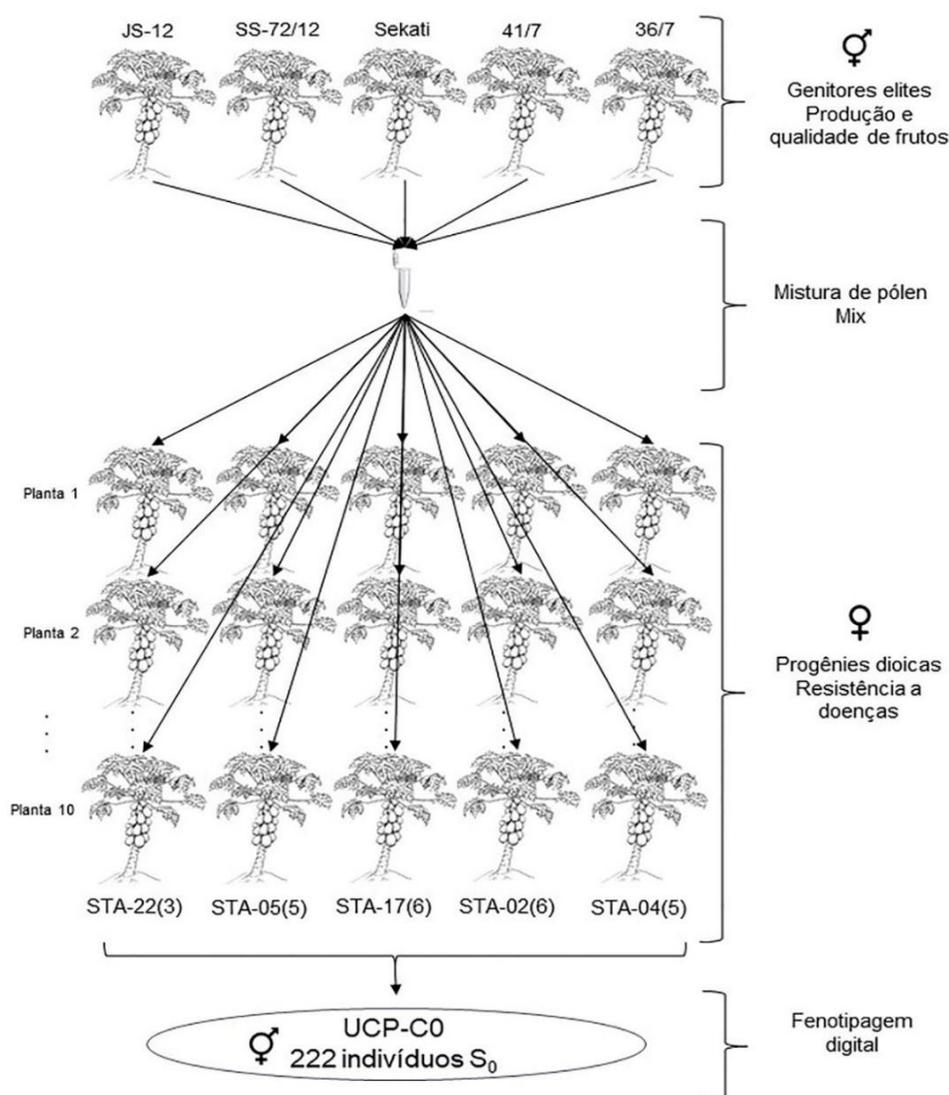


Figura 1. Representação do esquema dos cruzamentos feitos para recombinação e obtenção da população de UCP-C0, usando os genitores elites e progênes dioicas.

O número de flores viáveis nas progênes feminas variou de acordo com a quantidade disponível durante a polinização controlada. Após a polinização, as flores femininas foram protegidas com um saco de papel e identificadas com etiquetas específicas contendo informações sobre os genitores e data de polinização.

Nesse processo de polinização, é importante enfatizar que, como apenas as plantas femininas das progênes dioicas foram utilizadas como receptoras de pólen das plantas hermafroditas, nesta ocasião, houve a conversão sexual de dioicas para ginodioicas, pela substituição do cromossomo sexual Y (masculino) pelo Y^h (hermafrodita) (Ming et al., 2007).

3.1.3.1.7 Coleta de frutos da recombinação, formação e semeio da UCP-C0

Cinco meses após a polinização controlada, os frutos começaram a ser colhidos. Para a formação da UCP-C0, foram considerados quatro frutos de mamão de polinização controlada de cada progênie dioica, totalizando 20 frutos. As sementes desses frutos foram agrupadas em quantidades iguais de 500 sementes, formando um Bulk de sementes.

As sementes deste Bulk foram semeadas em casa de vegetação, em bandejas de plástico com capacidade para 96 tubetes. Aproximadamente 20 dias após a germinação, as mudas foram aclimatadas e, aos 30 dias plantadas na área experimental do campo da Fazenda Santa Terezinha em fevereiro de 2017, com espaço de 1,5 m entre plantas ao longo da linha e a 3,6 m entre as linhas. Foram identificadas 260 progênes S_0 , sendo que apenas 222 delas apresentaram frutificação e foram avaliadas no presente trabalho.

3.1.3.2 Fenotipagem das progênes S_0

Para a fenotipagem das progênes S_0 , foram utilizadas as metodologias de fenotipagem baseadas na análise e processamento de imagens digitais descritas por Cortes et al. (2017) e Santa-Catarina et al. (2018).

Para as avaliações de campo, as imagens foram obtidas aos 180, 270 e 360 dias após o plantio, correspondendo as estações de verão, outono e inverno,

ou 90 dias após a antese (DAA), em cada estação avaliada. As plantas foram marcadas com uma lã de cor vermelha, para identificar o último fruto avaliado de cada cacho, em cada uma das épocas de avaliação. Além do cacho, foi utilizada uma etiqueta com informações relacionada a cada tratamento. Para as avaliações de laboratório, as imagens foram obtidas aos 270, 360 e 450 dias após o plantio, em cada estação avaliada, quando os frutos apresentavam o mesmo estágio RST1 (*Ripening Stage T1*) de maturação (Barragán-Iglesias et al., 2018).

3.1.3.2.1 Características avaliadas no campo

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

3.1.3.2.2 Características avaliadas em laboratório

As características físico-químicas avaliadas em laboratório foram: comprimento do fruto - CF, expresso em cm, obtido pela mensuração do comprimento do fruto, através da segmentação da imagem e uso da ferramenta *wand* do software ImageJ; diâmetro do fruto - DF, expresso em cm, obtido pela mensuração do diâmetro de cada fruto via ferramenta *wand*; comprimento da cavidade ovariana – CCO, expresso em cm, obtido pela mensuração da cavidade ovariana utilizando a ferramenta *straight*; diâmetro da cavidade ovariana – DCO,

expresso em cm, obtido pela mensuração do diâmetro da cavidade ovariana, via ferramenta *straight*; espessura da polpa – EP, expressa em cm, obtida pela mensuração da espessura da polpa em cada fruto, utilizando a ferramenta *straight*; e percentagem de volume de polpa - %VP, expressa em percentagem, obtida pela diferença entre o volume do fruto e o volume da cavidade ovariana, calculados pelas seguintes equações:

$$V_F = \frac{(C_F \times D_F^2)}{6} \text{ e } V_{CO} = \frac{(C_{CO} \times D_{CO}^2)}{6},$$

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

As demais características como firmeza do fruto - FF e firmeza da polpa - FP foram mensuradas por um penetrômetro digital modelo Itália TR, ambas as firmezas são expressas em N e foram obtidas por uma amostra de três perfurações por fruto, tanto para a polpa quanto para o fruto. O teor de sólidos solúveis – TSS, expresso em °Brix, foi obtido com auxílio de um refratômetro digital portátil, modelo Mettler toledo Refracto 30PX. O peso médio de fruto – PMF foi obtido pela pesagem dos frutos em balança analítica digital, marca Toledo, modelo 9094.

3.1.3.3 Análises estatísticas

3.1.3.3.1 Repetibilidade, componentes de variância e parâmetros genéticos

Considerando que na população base UCP-C0 cada planta é um indivíduo diferente, não foi possível a utilização de delineamento experimental. Dessa forma, os indivíduos foram avaliados geneticamente, utilizando a metodologia do modelo linear misto, através do procedimento REML (máxima verossimilhança restrita) para estimar os componentes de variância e os parâmetros genéticos, tendo sido o procedimento BLUP (melhor predição linear não viciada) utilizado para estimar os valores fenotípicos permanentes.

A avaliação genética foi feita empregando o seguinte modelo estatístico:

$$Y = Xm + Wp + e,$$

Em que y é o vetor de observação; m , 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 assumidos aleatoriamente); e é o vetor residual (aleatório). Este é o modelo básico de repetibilidade empregado em experimentos sem delineamento experimental, sendo apropriado avaliar a população UCP-C0. As análises foram feitas utilizando o software Selegen-REML/Blup de acordo com o modelo 63 (Resende, 2016).

Foram estimados os seguintes componentes de variância (REML individual):

σ^2fp : variância fenotípica permanente entre plantas (variação genotípica + variação ambiental permanente entre as medidas);

σ^2et : variância ambiental temporária; e

Variância fenotípica individual

$$\sigma^2f = \sigma^2fp + \sigma^2et$$

Os parâmetros genéticos associados à repetibilidade foram:

Repetibilidade individual

$$r = \frac{\sigma^2fp}{\sigma^2p + \sigma^2et};$$

Repetibilidade da média de m medições repetidas

$$rm = \frac{\sigma^2p}{\sigma^2fp + \frac{\sigma^2et}{2}}$$

Acurácia baseada na média de m medições repetidas

$$Acm = \sqrt{rm}$$

MG: Média geral do experimento.

Os valores fenotípicos permanentes foram obtidos pela seguinte expressão:

$$fp = MG + rm(MG_i - MG)$$

Em que MG é a média geral do experimento; rm é a repetibilidade na média de m medidas repetidas; e MG_i é a média geral do indivíduo i nas várias medições.

3.1.3.3.2 Seleção combinada e direta

No presente estudo, 30 indivíduos foram selecionados, considerando simultaneamente várias características através do índice de seleção combinada - ISC. Esse índice foi proposto e retificado por Silva et al. (2008) e Ramos et al. (2014) e associa pesos às médias padronizadas das características selecionadas. Para o presente estudo, foram empregados os valores fenotípicos permanentes. O índice pode ser estimado pela da seguinte equação:

$$ISC = \sum_{i=1}^n (fpi \times pi),$$

Em que fpi é o valor fenotípico permanente padronizado da característica i ; e ep é o peso econômico atribuído à característica i , podendo ser positivo ou negativo de acordo com a direção da seleção.

Os pesos atribuídos para às 16 características foram: AP (1), DC (5), NFC (100), NFD (-20), NNSF (-20), PMF (1), PROD (100), FF (200), FP (200), TSS (200), CF (1), DF (1), CCO (1), DCO (1), EP (70) e %VP (50). Alguns desses pesos foram estabelecidos de acordo com Silva et al. (2008), enquanto outros, foram estabelecidos com base na importância agrônômica de cada característica, de acordo com o conhecimento dos melhoristas do programa de melhoramento do mamoeiro UENF/CALIMAN. Como na população estudada cada planta é um indivíduo diferente, foram atribuídos pesos maiores (200) às características de maior importância relacionadas à qualidade do fruto (FF, FP e TSS), que foram obtidas com base no número médio de frutos em cada planta. Para construir o índice, foram utilizados os softwares Selegen REML/BLUP e Microsoft Office Excel 2016.

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

$$fpi = \frac{(xi - \bar{x})}{\sigma},$$

Em que fpi é o valor fenotípico padronizado; xi é o valor para o indivíduo; \bar{x} é a média geral de todos os indivíduos; e σ é o desvio padrão da distribuição. Depois de padronizados, os valores fenotípicos permanentes foram multiplicados pelos pesos retirados do índice acima mencionado. Os indivíduos com a maior soma total de todas as características (valor final do ISC) foram os superiores e

selecionados. Após a seleção dos 30 indivíduos superiores, foi calculado o diferencial de seleção de acordo com a seguinte equação:

$$D_s = X_s - X_o$$

Em que D_s é o diferencial de seleção; X_s é a média dos indivíduos selecionados; e X_o é a média de todos os indivíduos da população.

O ganho por seleção foi estimado pela seguinte equação:

$$G_s = r \times D_s$$

Em que G_s é o ganho com a seleção; e r é a repetibilidade individual, que, neste caso, fornece o limite superior do coeficiente de herdabilidade (Viana e Resende, 2014). É importante ressaltar que foi utilizado a r , pois não foi possível estimar o componente de herdabilidade para as características avaliadas nesta população.

Além da seleção combinada, foi feita a seleção direta (SD) dos melhores indivíduos pelo ranqueamento dos maiores valores fenotípicos permanentes para cada uma das características PROD, FF e TSS a fim de comparar em quais situações devemos utilizar a seleção combinada e/ou a seleção direta dos genótipos. Assim como para a seleção combinada, na seleção direta também foram calculados o diferencial de seleção e o ganho com a seleção para cada uma das características avaliadas.

3.1.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1.4.1 Componentes de variância e parâmetros genéticos

Observa-se que a variância de efeito temporário (σ^2_{et}), quando comparada com a variância fenotípica permanente (σ^2_{fp}), constitui a maior porcentagem da variância fenotípica individual (σ^2_f) para as características número de frutos comerciais - NCF, número de nós sem frutos - NNSF e produção de frutos – PROD (Tabela 1).

Tabela 1. Componentes de variância individual e parâmetros genéticos associados à repetibilidade de 16 características avaliadas em 222 indivíduos da população UCP-C0.

Carac.	σ^2_{fp}	σ^2_{et}	σ^2_f	$r \pm DP$	Rm	Acm	MG
AP	1136,25	132,52	1468,78	0,91 \pm 0,11	0,97	0,98	226,07
DC	2,53	0,70	3,23	0,78 \pm 0,10	0,92	0,96	11,22
NFC	31,49	43,33	74,82	0,42 \pm 0,07	0,68	0,83	14,02
NNSF	8,12	14,30	22,42	0,36 \pm 0,08	0,63	0,79	8,07
NFD	12,50	12,38	24,87	0,50 \pm 0,08	0,75	0,87	4,81
PMF	82160,3	35565,8	117726,1	0,70 \pm 0,10	0,87	0,93	864,49
PROD	23,54	49,17	72,71	0,32 \pm 0,06	0,59	0,77	11,45
FF	245,26	100,31	345,57	0,71 \pm 0,10	0,88	0,94	126,14
FP	163,79	86,53	250,304	0,65 \pm 0,09	0,85	0,92	106,47
TSS	2,54	1,27	3,81	0,67 \pm 0,09	0,86	0,93	10,23
CF	7,60	1,64	9,24	0,82 \pm 0,10	0,93	0,97	18,29
DF	1,32	0,67	1,99	0,66 \pm 0,09	0,86	0,93	9,45
CCO	4,56	1,13	5,68	0,80 \pm 0,10	0,92	0,96	13,66
DCO	0,75	0,45	1,20	0,62 \pm 0,09	0,83	0,91	5,13
EP	0,12	0,04	0,16	0,75 \pm 0,10	0,90	0,95	2,14
%VP	23,96	17,73	41,69	0,57 \pm 0,09	0,80	0,89	77,52

σ^2_{fp} : variação fenotípica permanente entre plantas (variação genotípica + variação ambiental), permanente entre medidas; σ^2_{et} : variação ambiental temporária; σ^2_f : variância fenotípica individual; r: repetibilidade individual; DP: desvio padrão; rm: repetibilidade da média de m medições repetidas; Acm: acurácia baseada na média de m medições repetidas; MG: média geral do experimento; AP: altura da planta (cm); DC: diâmetro do caule (cm); NFC: número de frutos comerciais; NNSF: número de nós sem frutos; NFD: número de frutos deformados; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: Produção de frutos (kg planta⁻¹); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); CCO: comprimento da cavidade ovariana (cm); DCO: diâmetro da cavidade ovariana (cm); EP: espessura da polpa (cm); %VP: porcentagem de volume de polpa (%). Os dados foram obtidos de três medidas repetidas (avaliações) no intervalo de 90 dias entre as avaliações, sendo a primeira avaliação de campo aos 180 dias após o plantio e a primeira avaliação de laboratório aos 270 dias após o plantio.

Segundo Viana e Resende (2014), o σ^2_{et} é responsável pela variação temporária associada aos efeitos ambientais efêmeros, manifestados em cada medição, como flutuações climáticas ano a ano e suas interações com os efeitos verificados na planta. As demais características - AP, DC, NFD, PMF, FF, FP,

TSS, DF, DF, CCO, DCO, EP e %VP - apresentaram variação fenotípica entre as plantas (σ^2fp), com maior porcentagem de σ^2f . Esses valores indicam que a variação ambiental é muito pequena em relação à variação entre plantas (Tabela 1).

As características que apresentaram magnitudes elevadas para a repetibilidade individual ($r > 0,60$) foram AP, DC, FF, FP, TSS, CF, DF, CCO, DCO e EP. Por outro lado, as características NCF, NDF, NNSF, PROD e %VP, apresentaram magnitudes intermediárias ($0,30 < r < 0,60$) para repetibilidade individual (Tabela 1). O coeficiente de repetibilidade médio (rm), com base na média de três medidas, apresentou altas magnitudes para as características AP, DC, NFD, PMF, FF, FP, TSS, CF, DF, CCO, DCO, EP e %VP. As características PROD, NNSF e NFC apresentaram magnitudes intermediárias de 0,59; 0,63 e 0,68, respectivamente (Tabela 1).

A estimativa do coeficiente de repetibilidade individual (r) é importante no melhoramento do mamoeiro, bem como no melhoramento de outras culturas, pela necessidade de avaliar várias épocas de colheita e identificar genótipos superiores para as características desejáveis. As características que apresentaram magnitudes elevadas de r ($r > 0,60$) apresentaram também regularidade nas mensurações entre as épocas de avaliação. Valores de coeficiente de repetibilidade iguais ou superiores a 0,60 são considerados altos, indicando ser possível prever o valor real para os indivíduos com um número relativamente pequeno de medidas (Resende, 2002). Esses resultados demonstram alto controle genético e alta estabilidade média entre as características ao longo das medições nas diferentes épocas. A repetibilidade intermediária obtida para as características NCF, NFD, NNSF, PROD e %VP já era esperada, visto serem estas características altamente influenciadas pela época de avaliação.

Assim, quando a repetibilidade é alta, um acréscimo no número de medições levará a um pequeno aumento em termos de precisão se comparado a um indivíduo medido apenas uma vez, reduzindo o tempo e o trabalho despendidos durante as safras. Por consequência, o uso da repetibilidade é importante para analisar experimentos de campo e pode ajudar os melhoristas a tomar melhores decisões nos programas de melhoramento (Sanchéz et al., 2017).

Para o parâmetro acurácia média (A_{cm}), observou-se variação de 0,77 para a característica PROD e 0,98 para a característica AP, com estimativas maiores ou iguais a 0,83 para 14 das 16 características avaliadas nessa população, mostrando haver um grau significativo de certeza nas inferências e no ganho com a seleção (Tabela 1).

3.1.4.2 Eficiência nas estimativas de ganhos com m medições

Com base na estimativa do coeficiente de determinação (R^2), acurácia (A_c) e ganhos de eficiência (E_f) da seleção, com base na realização de até 10 medições em cada indivíduo, para as 16 características avaliadas, foi possível prever a eficiência de m medidas em situações nas quais é feita apenas uma medida. O nível de confiabilidade ou determinação a ser adotado dependerá do objetivo da seleção. Caso os indivíduos sejam selecionados para compor uma população, valores de coeficiente de determinação acima de 0,80 e valores de precisão acima de 0,89 já são considerados adequados (Viana e Resende, 2014).

Podemos verificar que a utilização de uma medida é suficiente para estimar o valor real dos indivíduos para as características AP, CF e CCO, com confiabilidade acima de 80% e precisão seletiva acima de 90% (Tabela 2). Para as características DC, PMF, FF, FP, TSS, DF e EP, duas medições são suficientes para estimar essas características com confiabilidade e precisão. Essa informação é muito importante para o melhoramento genético do mamoeiro em termos de mão de obra e custos, sem levar em consideração que, com mais de duas avaliações, será obtido pouco ganho na eficiência da seleção.

Tabela 2. Estimativas relacionadas ao coeficiente de determinação (R^2), acurácia (Ac) e eficiência (Ef) obtidas pela realização de m medições repetidas na população UCP-C0 em Seleção recorrente.

m	AP			DC			NFC			NNSF			NFD			PMF			PROD			FF		
	R^2	Ac	Ef																					
1	0,91	0,95	1,00	0,78	0,89	1,00	0,42	0,65	1,00	0,36	0,60	1,00	0,50	0,71	1,00	0,70	0,84	1,00	0,32	0,57	1,00	0,71	0,84	1,00
2	0,95	0,98	1,02	0,88	0,94	1,06	0,59	0,77	1,19	0,53	0,73	1,21	0,67	0,82	1,15	0,82	0,91	1,09	0,49	0,70	1,23	0,83	0,91	1,08
3	0,97	0,98	1,03	0,92	0,96	1,08	0,69	0,83	1,28	0,63	0,79	1,32	0,75	0,87	1,22	0,87	0,93	1,12	0,59	0,77	1,35	0,88	0,94	1,11
4	0,98	0,99	1,04	0,94	0,97	1,09	0,74	0,86	1,33	0,69	0,83	1,38	0,80	0,90	1,26	0,90	0,95	1,14	0,66	0,81	1,42	0,91	0,95	1,13
5	0,98	0,99	1,04	0,95	0,97	1,10	0,78	0,89	1,37	0,74	0,86	1,43	0,83	0,91	1,29	0,92	0,96	1,15	0,71	0,84	1,48	0,92	0,96	1,14
6	0,98	0,99	1,04	0,96	0,98	1,10	0,81	0,90	1,39	0,77	0,88	1,46	0,86	0,93	1,31	0,93	0,97	1,16	0,74	0,86	1,51	0,94	0,97	1,15
7	0,99	0,99	1,04	0,96	0,98	1,11	0,84	0,91	1,41	0,80	0,89	1,49	0,88	0,94	1,32	0,94	0,97	1,16	0,77	0,88	1,54	0,94	0,97	1,15
8	0,99	0,99	1,04	0,97	0,98	1,11	0,85	0,92	1,42	0,82	0,91	1,50	0,89	0,94	1,33	0,95	0,97	1,17	0,79	0,89	1,57	0,95	0,98	1,16
9	0,99	0,99	1,04	0,97	0,99	1,11	0,87	0,93	1,44	0,84	0,91	1,52	0,90	0,95	1,34	0,95	0,98	1,17	0,81	0,90	1,58	0,96	0,98	1,16
10	0,99	1,00	1,04	0,97	0,99	1,11	0,88	0,94	1,45	0,85	0,92	1,53	0,91	0,95	1,35	0,96	0,98	1,17	0,83	0,91	1,60	0,96	0,98	1,16

Tabela 2. Cont.

<i>m</i>	FP			TSS			CF			DF			CCO			DCO			EP			%VP		
	R ²	Ac	Ef																					
1	0,65	0,81	1,00	0,67	0,82	1,00	0,82	0,91	1,00	0,66	0,81	1,00	0,80	0,90	1,00	0,62	0,79	1,00	0,75	0,87	1,00	0,57	0,76	1,00
2	0,79	0,89	1,10	0,80	0,89	1,10	0,90	0,95	1,05	0,80	0,89	1,10	0,89	0,94	1,05	0,77	0,88	1,11	0,86	0,93	1,07	0,73	0,85	1,13
3	0,85	0,92	1,14	0,86	0,93	1,13	0,93	0,97	1,06	0,86	0,93	1,14	0,92	0,96	1,07	0,83	0,91	1,16	0,90	0,95	1,10	0,80	0,90	1,18
4	0,88	0,94	1,16	0,89	0,94	1,15	0,95	0,97	1,07	0,89	0,94	1,16	0,94	0,97	1,08	0,87	0,93	1,18	0,92	0,96	1,11	0,84	0,92	1,21
5	0,90	0,95	1,18	0,91	0,95	1,17	0,96	0,98	1,08	0,91	0,95	1,17	0,95	0,98	1,09	0,89	0,94	1,20	0,94	0,97	1,12	0,87	0,93	1,23
6	0,92	0,96	1,19	0,92	0,96	1,18	0,97	0,98	1,08	0,92	0,96	1,18	0,96	0,98	1,09	0,91	0,95	1,21	0,95	0,97	1,12	0,89	0,94	1,24
7	0,93	0,96	1,19	0,93	0,97	1,18	0,97	0,98	1,09	0,93	0,97	1,19	0,97	0,98	1,10	0,92	0,96	1,22	0,95	0,98	1,13	0,90	0,95	1,25
8	0,94	0,97	1,20	0,94	0,97	1,19	0,97	0,99	1,09	0,94	0,97	1,19	0,97	0,98	1,10	0,93	0,96	1,22	0,96	0,98	1,13	0,92	0,96	1,26
9	0,94	0,97	1,20	0,95	0,97	1,19	0,98	0,99	1,09	0,95	0,97	1,19	0,97	0,99	1,10	0,94	0,97	1,23	0,96	0,98	1,13	0,92	0,96	1,27
10	0,95	0,97	1,21	0,95	0,98	1,20	0,98	0,99	1,09	0,95	0,98	1,20	0,98	0,99	1,10	0,94	0,97	1,23	0,97	0,98	1,14	0,93	0,96	1,27

m: número de mensurações; AP: altura da planta; DC: diâmetro do caule; NFC: número de frutos comerciais; NNSF: número de nós sem frutos; NFD: número de frutos deformados; PMF: peso médio dos frutos; PROD: Produção de frutos; FF: firmeza do fruto; FP: firmeza da polpa; TSS: teor de sólidos solúveis; CF: comprimento do fruto; DF: diâmetro do fruto; CCO: comprimento da cavidade ovariana; DCO: diâmetro da cavidade ovariana; EP: espessura da polpa; %VP: porcentagem de volume de polpa. Os dados foram obtidos de três medidas repetidas (avaliações) no intervalo de 90 dias entre as avaliações, sendo a primeira avaliação de campo aos 180 dias após o plantio e a primeira avaliação de laboratório aos 270 dias após o plantio.

Quanto às características DCO e %VP, são necessárias pelo menos três medidas para estimar com precisão e confiabilidade. Esses resultados indicam que essas características apresentaram alta regularidade nas medidas feitas e que as três medidas para cada indivíduo são suficientes para prever o valor real dos indivíduos, com um pequeno ganho em termos de precisão, aumentando o número de medidas repetidas. Além disso, essas características altamente repetíveis melhoram o processo de fenotipagem e exigem custos mais baixos em termos de força de trabalho e tempo. A repetibilidade dessas características é influenciada por sua natureza e pelas condições ambientais às quais a população é submetida (Cruz et al., 2014). Além do mamoeiro, em estudos com outras culturas como a uva, as estimativas do coeficiente de repetibilidade (r_m) se mostraram altas para a maioria dos parâmetros de interesse no programa de melhoramento de uva de mesa (Sales et al., 2019)

Para as demais características - NFC, NNSF, NFD e PROD - são necessárias pelo menos quatro medidas para estimar com confiabilidade e precisão (Tabela 2). Estas características apresentaram magnitude intermediária de r_m e estão relacionadas à esterilidade de verão, que aumenta nos meses mais quentes, enquanto as taxas de carpeloidia e pentandria aumentam nos meses mais frios do ano (Danasceno Junior et al., 2008).

Quando consideramos uma repetibilidade estimada de 0,75, podemos verificar que, para o melhoramento a curto prazo, não é compensativo avaliar mais de três colheitas, enquanto para o melhoramento a longo prazo, a seleção ideal seria baseada em apenas uma colheita (Viana e Resende, 2014). Para uma repetibilidade estimada de 0,5, a utilização de duas colheitas também contribui igualmente para o melhoramento a longo prazo, enquanto a utilização de duas ou três colheitas só passa a ser vantajosa para o melhoramento a longo prazo, quando a repetibilidade estimada é igual ou inferior a 0,45 e 0,35 (Viana e Resende, 2014).

Em termos de eficiência seletiva (E_f) em geral, o uso de duas medições permitiu um aumento de E_f de 6% para a característica DC a 18% para a característica %PV. Analisando os valores de E_f , podemos observar que, para características com alta repetibilidade, a seleção de indivíduos superiores pode ser feita com menos medidas para alcançar a máxima determinação possível. Por outro lado, para aquelas características com baixa repetibilidade, é necessário

número maior de medições para selecionar com precisão e eficiência os indivíduos superiores em termos de ganho genético.

3.1.4.3 Seleção combinada e direta de indivíduos da UCP-C0

Com base na seleção combinada, foram selecionados 30 genótipos superiores (13,4%) para as 16 características avaliadas na população de mamoeiros UCP-C0 sob seleção recorrente (Tabela 3). Esta Tabela fornece apenas os resultados ranqueados para as características NCF, PMF, PROD, FF, FP e TSS, que são as de maior importância para o programa de melhoramento genético do mamoeiro. Embora na Tabela 3 estejam representadas apenas seis características, a seleção foi feita com base nas 16 características.

Nos estudos de repetibilidade, quando os valores genotípicos não estão disponíveis, recomenda-se o uso de valores fenotípicos permanentes para comparar indivíduos, que podem ser analisados como valor esperado ou provável capacidade de produção futura (Viana e Resende, 2014).

Analisando as características relacionadas à produção, podemos verificar que a média geral dos valores fenotípicos permanentes para os genótipos selecionados por meio do índice, para a característica NFC, foi de 18,6 frutos, valor superior à média geral (14 frutos). O genótipo UCPC015-166 se destacou dos demais, com valor fenotípico permanente de 33 frutos comerciais.

Para a característica PMF, a média geral dos valores fenotípicos permanentes para os genótipos selecionados foi de 957,5 g, superior à média geral (864,5 g). Para esta característica, o mercado consumidor e o exportador exploram tanto frutos maiores (padrão Formosa) quanto frutos menores (padrão Solo). Para o padrão Formosa, o genótipo UCPC015-167 destacou-se dos demais, com valor fenotípico permanente de 1647,2 g. Para o padrão Solo, o genótipo UCPC015-209 se destacou dos demais, com valor fenotípico permanente de 592,2 g.

Podemos verificar que a média dos valores fenotípicos permanentes para os genótipos selecionados totalizou 15,4 kg planta⁻¹ para produção, sendo superior à média geral (11,5 kg planta⁻¹). Quanto à produção, destacou-se o genótipo UCPC015-166, com valor fenotípico permanente de 23,3 kg planta⁻¹ (Tabela 3).

Tabela 3. Efeitos fenotípicos permanentes (fp) e valores fenotípicos permanentes (u + fp), em seis características de maior importância para o melhoramento do mamoeiro para os indivíduos selecionados, considerando a seleção combinada.

N°	Genótipo	NFC		PMF		PROD		FF		FP		TSS	
		fp	u+fp	fp	u+fp	fp	u+fp	fp	u+fp	Fp	u+fp	fp	u+fp
1	UCPC015-052	5,2	19,3	130,7	995,1	6,6	18,0	31,4	157,5	16,3	122,7	2,4	12,6
2	UCPC015-166	18,9	33,0	-50,2	814,3	11,8	23,3	24,9	151,0	5,6	112,1	-0,3	10,0
3	UCPC015-209	10,3	24,3	-272,3	592,2	2,1	13,6	4,0	130,2	11,1	117,6	3,8	14,0
4	UCPC015-064	2,7	16,8	267,9	1132,3	5,2	16,6	10,7	136,9	10,1	116,6	2,1	12,3
5	UCPC015-200	9,4	23,5	-164,6	699,9	3,5	14,9	5,0	131,2	4,0	110,5	2,3	12,5
6	UCPC015-184	7,7	21,7	-64,3	800,2	4,3	15,7	17,5	143,6	7,9	114,3	0,3	10,5
7	UCPC015-094	3,4	17,4	171,3	1035,8	5,3	16,8	14,7	140,8	6,9	113,4	2,1	12,3
8	UCPC015-202	7,7	21,7	33,3	897,8	6,0	17,4	6,5	132,7	11,0	117,5	0,5	10,7
9	UCPC015-061	3,4	17,4	500,7	1365,2	10,0	21,5	10,4	136,6	20,9	127,4	-1,5	8,8
10	UCPC015-110	1,8	15,8	121,9	986,4	2,8	14,2	28,8	154,9	15,1	121,6	-1,5	8,7
11	UCPC015-108	8,0	22,0	-32,2	832,3	6,2	17,6	9,8	135,9	13,0	119,4	0,0	10,3
12	UCPC015-144	7,7	21,7	-296,6	567,9	0,5	11,9	9,2	135,3	5,0	111,5	2,4	12,6
13	UCPC015-044	5,7	19,7	-17,5	847,0	4,9	16,4	10,5	136,7	6,2	112,6	1,6	11,8
14	UCPC015-230	10,0	24,1	-88,1	776,4	5,5	16,9	1,9	128,0	0,9	107,4	0,9	11,1
15	UCPC015-041	1,4	15,4	427,6	1292,1	5,5	16,9	13,5	139,7	1,6	108,1	0,7	11,0
16	UCPC015-003	-1,5	12,5	447,8	1312,3	2,0	13,5	10,7	136,9	14,0	120,5	-0,3	10,0
17	UCPC015-189	5,7	19,7	220,8	1085,3	7,2	18,6	5,7	131,8	6,3	112,8	0,6	10,8
18	UCPC015-186	12,3	26,3	-97,4	767,1	7,5	19,0	-6,7	119,5	0,2	106,7	1,6	11,9

Tabela 3. Cont.

N°	Genótipos	NFC		PMF		PROD		FF		FP		TSS	
		fp	u+fp	fp	u+fp	fp	u+fp	fp	u+fp	Fp	u+fp	fp	u+fp
19	UCPC015-034	4,4	18,4	-69,3	795,2	2,1	13,6	19,4	145,5	9,9	116,3	0,3	10,5
20	UCPC015-152	5,5	19,5	17,5	882,0	3,9	15,3	14,4	140,5	5,9	112,3	0,1	10,3
21	UCPC015-143	11,6	25,7	-4,8	859,7	7,6	19,1	2,8	129,0	4,8	111,3	-0,8	9,4
22	UCPC015-148	-4,8	9,2	589,9	1454,4	-1,1	10,4	23,9	150,1	13,8	120,3	-0,4	9,8
23	UCPC015-197	2,6	16,6	-183,5	681,0	-0,3	11,1	1,1	127,2	6,2	112,7	3,3	13,6
24	UCPC015-167	-6,2	7,8	782,7	1647,2	-0,8	10,7	22,5	148,6	16,4	122,8	-1,5	8,8
25	UCPC015-033	2,0	16,1	-59,0	805,5	0,9	12,4	3,7	129,9	15,9	122,3	1,5	11,7
26	UCPC015-178	1,6	15,6	-42,8	821,7	1,1	12,6	18,1	144,2	2,2	108,7	-0,5	9,8
27	UCPC015-162	5,7	19,7	304,6	1169,1	8,1	19,6	8,9	135,0	5,0	111,5	-0,8	9,4
28	UCPC015-159	-4,2	9,8	5,5	870,0	-3,1	8,3	9,8	135,9	14,7	121,1	1,7	12,0
29	UCPC015-240	6,2	20,2	196,4	1060,9	7,4	18,9	1,8	127,9	3,0	109,4	0,4	10,6
30	UCPC015-142	-6,6	7,5	13,8	878,3	-4,7	6,7	18,1	144,3	3,7	110,2	3,2	13,4
	X ₀		14,00		864,50		11,50		126,10		106,50		10,20
	X _s		18,60		957,50		15,40		137,70		115,10		11,00
	ds		4,60		93,00		3,90		11,60		8,60		0,80
	r		0,42		0,70		0,32		0,71		0,65		0,67
	G _s		1,93		65,10		1,25		8,24		5,59		0,54
	G _s (%)		13,80		7,50		10,90		6,50		5,30		5,30

X₀: média geral do experimento; X_s: média dos selecionados; NFC: número de frutos comerciais; PMF: peso médio de fruto (g); PROD: produção de frutos (Kg planta⁻¹); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); UCPC015: *UENF Caliman Population* Ciclo 0 (15 = ano do cruzamento); ds: diferencial de seleção; r: repetibilidade; G_s: ganho por seleção; G_s(%): ganho por seleção em termos percentuais.

Analisando as características relacionadas à qualidade do fruto, podemos verificar que, para firmeza do fruto, a média dos valores fenotípicos permanentes para os genótipos selecionados foi de 137,7 N, sendo ligeiramente superior à média geral, de 126,1 N. Para essas características, o genótipo UCPC015-052 apresentou o maior valor fenotípico permanente, de 157,5 N. Em relação à firmeza da polpa, a média dos valores fenotípicos permanentes para os genótipos selecionados foi de 115,1 N, sendo superior à média geral (106,5 N), tendo o genótipo UCPC015-061 apresentado maior valor fenotípico permanente igual a 127,4 N.

Para a característica TSS, a média dos valores fenotípicos permanentes dos genótipos selecionados foi de 11,0 °Brix, enquanto a média geral foi de 10,2 °Brix. Para essa característica, o genótipo UCPC015-209 destacou-se dos demais por apresentar valor fenotípico permanente igual a 14 °Brix (Tabela 3). Além disso, é importante ressaltar que o genótipo UCPC015-209 apresentou características tanto de produção quanto de qualidade, sendo este genótipo altamente importante para o melhoramento, principalmente quando o interesse é a obtenção de genótipos produtivos e com qualidade.

Pinto et al. (2013), Ramos et al. (2014) e Silva et al. (2008) utilizando seleção combinada, encontraram resultados favoráveis na seleção de genótipos promissores no melhoramento de mamoeiro. A seleção dos 30 genótipos superiores mostra que a população tem alto potencial para o desenvolvimento de novas linhagens de mamoeiro, com médias superiores para as características de maior importância para a cultura. A seleção combinada foi considerada satisfatória ao classificar genótipos com base nas características avaliadas, não apenas para as características mais importantes, mas também para as demais características estudadas no presente trabalho.

O ganho de seleção para as características relacionadas à produção, considerando uma pressão de seleção de 13,4%, foi de 13,8% para a característica NFC, correspondendo a um acúmulo de 1,93 frutos. Para a característica PMF, o ganho com a seleção foi de 7,5%, correspondendo a um acréscimo de 65,10 g para o peso médio dos frutos e para a característica PROD, o ganho com a seleção foi de 10,9% (1,25 kg planta⁻¹). Para as características relacionadas à qualidade do fruto, o ganho por seleção foi de 6,5% para FF (8,24 N) e de 5,3% para FP (5,59 N) e TSS (0,54 °Brix) (Tabela 3). Os indivíduos

selecionados apresentaram maior teor de sólidos solúveis que o genótipo Sekati no mesmo estágio RST1 de maturação e têm potencial para desenvolvimento de novos genótipos. Estudos de caracterização mostram que, para a característica TSS, os indivíduos selecionados são superiores aos genitores elite, utilizados como doadores de pólen. Além disso, os indivíduos selecionados na UCP-C0 têm CF que representam os genitores elites Sekati, JS-12 e SS-72/12 utilizados, mostrando a variabilidade para essa característica no programa de melhoramento de mamoeiro (Cardoso et al., 2014).

Os 30 indivíduos superiores selecionados pela seleção direta para cada uma das características PROD, FF e TSS são apresentados na Tabela 4. O ganho genético estimado para a característica PROD foi de 19,06% (6,82 kg planta⁻¹), aproximadamente o dobro do ganho com a seleção combinada (10,85%). Assim como para a característica PROD, o ganho genético para a FF foi de 11,40% (20,26 N), o dobro quando comparado a seleção combinada (6,5%). Quanto ao ganho genético estimado utilizando a seleção direta para TSS, ele foi de 17,2% (2,6 °Brix), aproximadamente três vezes maior se comparado ao ganho genético estimado com a seleção combinada (5,3%) (Tabela 4).

Embora os ganhos com a seleção direta sejam maiores, a seleção combinada é mais indicada para situações cujo objetivo é desenvolver linhagens *per se*, nas quais os indivíduos são selecionados com base na combinação de todas as características de importância econômica que estão sendo estudadas, de modo que o indivíduo selecionado tenha todas as características desejadas, tanto em termos de produção quanto de qualidade da fruta.

No entanto, se o objetivo é a seleção para fins de seleção recorrente, além dos indivíduos selecionados pela seleção combinada, devemos levar em consideração aqueles indivíduos diretamente superiores para determinada característica. Esses indivíduos são fontes de alelos favoráveis e também devem ser levados em consideração para a seleção recorrente, principalmente durante a fase de recombinação de indivíduos superiores. Em estudo com a população de goiabas, a maximização dos ganhos individuais foi observada com o uso de processos de seleção direta (Paiva et al., 2016). No entanto, entre os índices utilizados, o índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943) apresentou os melhores resultados para ganhos no número e peso de frutos simultaneamente (Paiva et al., 2016).

Tabela 4. Valores fenotípicos permanentes (u + fp), em três características do mamoeiro para os indivíduos selecionados por seleção direta.

Nº	PROD		FF		TSS	
	Genótipos	u+fp	Genótipos	u+fp	Genótipos	u+fp
1	UCPC015-141*	24,76	UCPC015-165*	161,83	UCPC015-209	14,0
2	UCPC015-183*	23,86	UCPC015-052	157,54	UCPC015-028*	13,7
3	UCPC015-166	23,26	UCPC015-110	154,89	UCPC015-197	13,6
4	UCPC015-029	22,82	UCPC015-058	154,06	UCPC015-022	13,5
5	UCPC015-061	21,46	UCPC015-111	151,93	UCPC015-092	13,5
6	UCPC015-162	19,59	UCPC015-166	151,04	UCPC015-142	13,4
7	UCPC015-143	19,10	UCPC015-148	150,09	UCPC015-078	13,4
8	UCPC015-186	18,98	UCPC015-167	148,64	UCPC015-069	13,3
9	UCPC015-240	18,87	UCPC015-251	147,73	UCPC015-144	12,6
10	UCPC015-212	18,77	UCPC015-066	146,80	UCPC015-052	12,6
11	UCPC015-189	18,61	UCPC015-122	146,69	UCPC015-103	12,6
12	UCPC015-016	18,55	UCPC015-187	146,35	UCPC015-104	12,6
13	UCPC015-215	18,03	UCPC015-157	146,27	UCPC015-200	12,5
14	UCPC015-052	18,01	UCPC015-034	145,55	UCPC015-229	12,4
15	UCPC015-108	17,60	UCPC015-045	144,72	UCPC015-062	12,4
16	UCPC015-202	17,45	UCPC015-115	144,39	UCPC015-119	12,4
17	UCPC015-041	16,93	UCPC015-142	144,25	UCPC015-225	12,3

Tabela 4. Cont.

N°	PROD		FF		TSS	
	Genótipos	u+fp	Genótipos	u+fp	Genótipos	u+fp
18	UCPC015-230	16,92	UCPC015-178	144,23	UCPC015-045	12,3
19	UCPC015-094	16,79	UCPC015-216	143,75	UCPC015-064	12,3
20	UCPC015-120	16,75	UCPC015-184	143,63	UCPC015-094	12,3
21	UCPC015-064	16,64	UCPC015-118	142,98	UCPC015-046	12,2
22	UCPC015-131	16,60	UCPC015-174	142,39	UCPC015-083	12,2
23	UCPC015-223	16,60	UCPC015-243	142,27	UCPC015-211	12,1
24	UCPC015-172	16,56	UCPC015-206	142,17	UCPC015-097	12,1
25	UCPC015-044	16,37	UCPC015-085	141,77	UCPC015-063	12,0
26	UCPC015-055	16,12	UCPC015-087	141,43	UCPC015-208	12,0
27	UCPC015-184	15,75	UCPC015-138	141,31	UCPC015-159	12,0
28	UCPC015-037	15,71	UCPC015-094	140,83	UCPC015-099	11,9
29	UCPC015-241	15,34	UCPC015-176	140,63	UCPC015-165	11,9
30	UCPC015-152	15,30	UCPC015-152	140,50	UCPC015-186	11,9
	xs	18,27		146,36		12,6
	xo	11,45		126,10		10,0
	ds	6,82		20,26		2,6
	r	0,32		0,71		0,7
	Gs	2,18		14,38		1,7
	Gs(%)	19,06		11,40		17,2

*Indivíduos selecionados pela seleção direta que não são comuns à seleção combinada, considerando as três primeiras posições; X_o: média geral do experimento; X_s: média dos selecionados; PROD: produção de frutos (kg planta⁻¹); FF: firmeza do fruto (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); UCPC015: *UENF Caliman Population* Ciclo 0 (15 = ano do cruzamento); ds: diferencial de seleção; r: repetibilidade; Gs: ganho por seleção; Gs(%): ganho por seleção em termos percentuais.

Considerando a característica PROD, os indivíduos UCPC015-141 (24,76 kg planta⁻¹) e UCPC015-183 (23,86 kg planta⁻¹) não foram selecionados pela seleção combinada, no entanto, eles devem ser selecionados de forma direta como fontes de alelos favoráveis para produção. O indivíduo UCPC015-165 foi superior para a FF (161,83) e o indivíduo UCPC015-028, superior para TSS (13,7 °Brix), não tendo sido selecionados pela seleção combinada (Tabela 4). Esses quatro indivíduos devem ser selecionados diretamente como fonte de alelos favoráveis para as características PROD, FF e TSS. Assim, na fase de recombinação na seleção recorrente de progênies endogâmicas de mamoeiro, devemos selecionar 30 indivíduos superiores, considerando tanto a seleção direta quanto a combinada. Neste caso, seriam selecionados 26 indivíduos pela seleção combinada e quatro indivíduos pela seleção direta.

Os resultados para a seleção direta mostram que, embora a maioria dos indivíduos selecionados pela seleção combinada tenha características comuns, é possível selecionar fontes de alelos favoráveis para cada característica em específico quando o objetivo do melhorista é selecionar indivíduos para compreender a fase de recombinação de seleção recorrente. Os indivíduos UCPC015-052 e UCPC015-094 são promissores para o melhoramento do mamoeiro, especialmente o indivíduo UCPC015-052, que apresenta destaque em relação aos demais, com médias superiores para as características relacionadas à qualidade e à produção de frutos, avaliadas na UCP-C0.

3.1.4.4 Perfil da seleção combinada e direta

Considerando a seleção combinada (ISC) e a seleção direta (SD) para as características PROD, FF e TSS, dois indivíduos (UCPC015-052 e UCPC015-094) têm características em comum ($PROD \cap TSS \cap FF \cap ISC$), são produtivos com boa firmeza de frutos e bom teor de sólidos solúveis (Figura 2).

Dos 30 indivíduos selecionados pelo ISC, 17 têm a característica PROD em comum ($ISC \cap PROD$), 11 indivíduos têm FF ($ISC \cap FF$) em comum e 10 indivíduos têm a característica TSS ($ISC \cap TSS$) em comum. Assim, dos 30 indivíduos selecionados de acordo com a ISC, cinco indivíduos têm as características FF e PROD ($ISC \cap PROD \cap FF$) em comum, três indivíduos têm as características FF e TSS ($ISC \cap TSS \cap FF$) em comum e quatro indivíduos têm

características TSS e PROD ($ISC \cap TSS \cap PROD$) em comum. Apenas dois indivíduos (UCPC015-033 e UCPC015-144) da seleção combinada não são comuns para as características FF, PROD e TSS (Figura 2).

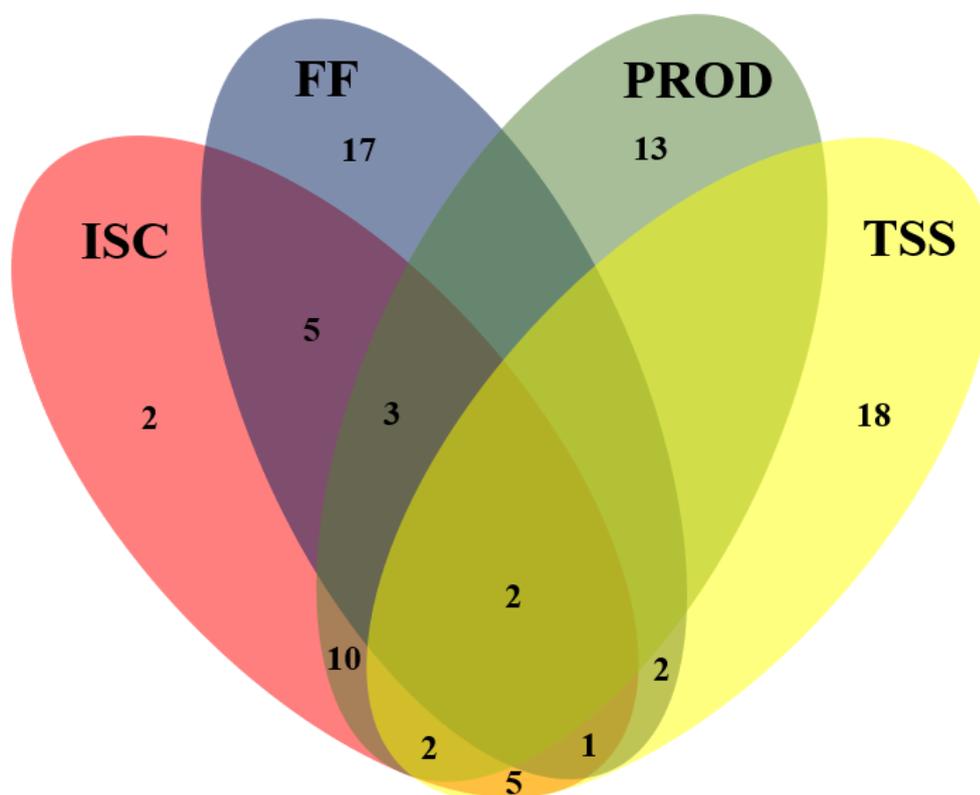


Figura 2. Diagrama de Venn para os indivíduos selecionados pelo índice de seleção combinada (ISC) e seleção direta FF: firmeza do fruto, PROD: produção, e TSS: teor de sólidos solúveis.

Considerando a SD, 17 indivíduos estão relacionados apenas pela característica FF, 13 pela característica PROD e 18 pela característica TSS. É importante ressaltar que dois indivíduos (UCPC015-045 e UCPC015165) têm apenas FF e TSS ($FF \cap TSS$) em comum, não tendo sido selecionados pela seleção combinada (Figura 2).

O efeito do perfil agrônômico na seleção direta e combinada indicou que 28 indivíduos selecionados pela seleção combinada são semelhantes a SD para as características PROD, FF e TSS, e que, além da seleção combinada, existem outras fontes de alelos favoráveis obtidos através da seleção direta, que devem ser levadas em consideração, dependendo do objetivo do melhorista do mamoeiro.

3.1.5 CONCLUSÕES

Altura da planta, diâmetro do caule, peso médio do fruto, firmeza do fruto, firmeza da polpa, teor de sólidos solúveis, comprimento e diâmetro do fruto, comprimento e diâmetro da cavidade ovariana e características da espessura da polpa apresentaram maiores coeficientes de repetibilidade, o que demonstra regularidade na repetição das características entre os tempos de avaliação. Entretanto, para as características produção, número de frutos comerciais, número de frutos deformados, número de nós sem frutos e porcentagem de volume de polpa, os valores de repetibilidade foram baixos.

O ISC facilitou a seleção combinada de 30 genótipos para as características de interesse na cultura, mostrando que esses genótipos têm um alto potencial genético para o desenvolvimento de linhagens *per se* e/ou híbridos. A seleção direta permite identificar indivíduos superiores com alelos favoráveis para características específicas, que não foram selecionadas por meio do ISC, e devem ser levados em consideração quando o objetivo é a seleção recorrente, especialmente na fase inicial do programa.

Em mamoeiro, a seleção recorrente, embora conhecida como estratégia de ganho a médio e longo prazo, permite, já na população base, identificar indivíduos promissores agronomicamente, que podem ser selecionados e avançados através de autofecundações, sendo promissores como fontes de novas linhagens e como genitores de híbridos.

3.2 CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DA UCP-C0 VIA ANÁLISE MULTIVARIADA

3.2.1 INTRODUÇÃO

O Brasil é um dos principais produtores de mamão no cenário internacional, com produção de 1,52 milhão de toneladas em 2017, equivalente a 11,7% da produção mundial, correspondendo a U\$\$ 38,8 milhões (FAOSTAT, 2019). Os estados da Bahia, Espírito Santo, Ceará e Rio Grande do Norte são os maiores produtores nacionais, com destaque para os estados da Bahia e Espírito Santo, que respondem por, aproximadamente, 75% da produção nacional, correspondendo a 980 mil toneladas da fruta em 2017 (IBGE, 2019).

Porém, mesmo com a relevância do Brasil no cenário mundial, é necessário avançar nas pesquisas voltadas ao desenvolvimento de novas cultivares mais produtivas e resistentes às doenças da cultura. Nos programas de melhoramento genético, novas cultivares geralmente são obtidas de populações segregantes. Essas populações apresentam variabilidade genética para a identificação de genótipos superiores com características importantes como resistência a doenças, qualidade e produção de frutos (Cortes et al., 2019). Essa variabilidade genética presente é obtida pelo(a) cruzamento/recombinação de genótipos com fontes alélicas favoráveis para características de interesse. Essas populações segregantes agregam recursos genéticos valiosos, contribuindo para o desenvolvimento de novas cultivares de mamoeiro que podem ser obtidas pelo avanço de gerações.

Durante o progresso do programa de melhoramento do mamoeiro UENF/Caliman, várias metodologias foram usadas para conduzir populações segregantes. Cortes et al. (2018) usaram o método *Single Seed Descent* – SSD para avançar gerações de uma população segregante, com a intenção de obter linhagens recombinadas F₄ pertencentes ao grupo Formosa. Ramos et al. (2014), Barros et al. (2017) e Santa-Catarina et al. (2019) utilizaram o método pedigree para conduzir diferentes populações segregantes de retrocruzamento para conversão sexual do genótipo dioico Cariflora no intuito de selecionar linhagens recombinantes para obtenção de híbridos tipicamente Solo.

Além dessas metodologias já utilizadas na cultura, o método de seleção recorrente utilizado neste trabalho permite a expansão e a exploração da variabilidade genética presente nas populações segregantes. Este método de melhoramento genético descrito por Hull (1945) permite o aumento gradual da frequência de alelos favoráveis para características quantitativas, através de repetidos ciclos de seleção, sem perda de variabilidade genética na população.

Resultados relatados na literatura confirmam que o método de seleção recorrente tem sido utilizado com eficiência em fruteiras como maracujá (Silva et al., 2009; Ferreira et al., 2016a; Cavalcante et al., 2019), no mamoeiro (Moreira et al., 2019; Santa-Catarina et al., 2020) e em outras culturas como milho-pipoca (Rangel et al., 2011), em milho comum (Mulenaar et al., 2019), em trigo (Rembe et al., 2019), em soja (Freiria et al., 2019), em cana-de-açúcar (Lingle et al., 2010; Costa et al., 2014), em gramíneas para resistência a doenças causadas por *Bipolaris oryzae* (Songsomboon et al., 2019) e no melhoramento da *Akebia trifoliata*, conhecida como trepadeira-chocolate (Zou et al., 2019).

A caracterização e avaliação das populações segregantes é de grande importância nos programas de melhoramento, pois permite identificar genótipos divergentes com alelos favoráveis a determinadas características, maximizando o vigor híbrido. A análise multivariada é uma abordagem utilizada para estimar a variabilidade genética, padrões de variação e suas relações genéticas entre indivíduos da população (Malik et al., 2014). A análise de componentes principais (PCA) e a análise de agrupamentos são ferramentas preferidas para a caracterização morfológica de genótipos e seu agrupamento em bases de similaridade. A análise multivariada tem sido utilizada em culturas como o trigo (Ajmal et al., 2013), cereja azeda (Ganopoulos et al., 2016), sorgo (Ali et al.,

2011), *Elaeagnus angustifolia* (Khadivi, 2018), milho (Syaffi et al., 2015) e mamoeiro (Barbosa et al., 2011; Quintal et al., 2012; Ramos et al., 2012; Vásquez et al., 2014; Saren et al., 2015; Vivas et al., 2018; Luciano-Rosario et al., 2018; Nascimento et al., 2019).

Assim, o objetivo desse capítulo foi caracterizar os genótipos da população base para estimar a diversidade genética presente na população base da seleção recorrente em mamoeiro.

3.2.2 REVISÃO

3.2.2.1 Análise de dissimilaridade genética no mamoeiro

No Brasil, os plantios comerciais de mamoeiro são compostos por poucas variedades, tendo o predomínio do 'Sunrise Solo', 'Golden', 'Golden THB' e pelos híbridos 'Tainung', 'UENF/Caliman-01' e 'UC 10', evidenciando, assim, a necessidade de desenvolvimento de novas cultivares. Para a obtenção de novas cultivares e para o sucesso de um programa de melhoramento genético, é necessária a existência da variabilidade genética dentro ou entre grupos de genótipos (Cruz et al., 2014).

Para os melhoristas, a quantificação da variabilidade genética existente entre genótipos em banco de germoplasma ou em populações segregantes é fundamental, pois possibilita estimar a distância genética e identificar os genótipos mais divergentes e sua organização (Cruz et al., 2014). O estudo da variabilidade genética disponível em populações segregantes é de suma importância para os programas de melhoramento para o desenvolvimento de linhagens superiores como cultivares ou genitoras de novos híbridos.

A distância genética pode ser determinada pelas características morfoagronômicas, morfológicas e moleculares por meio da análise multivariada. Entre as análises multivariadas, estão as variáveis canônicas, componentes principais, métodos aglomerativos, tais como o método de ligação média entre grupos, vizinho mais próximo, Tocher, entre outros. A escolha do método

depende da precisão desejada pelo pesquisador, da facilidade da análise e da forma como os dados são obtidos (Cruz et al., 2014).

No mamoeiro, foram desenvolvidos vários estudos de diversidade genética. A variabilidade genética entre acessos do banco de germoplasma da UENF/Caliman, determinada pelas características morfoagronômicas e resistência a doenças, revelou expressiva variabilidade genética por meio de redes neurais artificiais (Barbosa et al., 2011), análises multivariadas (Quintal et al., 2012) e marcadores moleculares SSR (Vivas et al., 2018). Na Índia, estudos de diversidade genética entre acessos de um banco de germoplasma baseado em marcadores de DNA (RAPD e ISSR) e características morfoagronômicas mostram ampla variabilidade genética entre os acessos estudados (Saran et al., 2015). No México, foram feitos estudos de diversidade genética e de estrutura de populações silvestres na Mesoamérica do Norte por marcadores microssatélites (Chávez-Pesqueira & Núñez-Farfan, 2017). Em Puerto Rico, Luciano-Rosario et al. (2018) estudaram a diversidade genética em 162 acessos locais de mamoeiro e verificaram expressiva variabilidade genética, contribuindo com as estratégias de melhoramento e conservação de recursos genéticos no Caribe.

Estudos de diversidade genética também foram conduzidos em populações segregantes de mamoeiro para quantificar a variabilidade genética existente entre indivíduos. No Brasil, Ramos et al. (2012) avaliaram a distância genética entre progênies segregantes derivadas de retrocruzamento para conversão sexual do genótipo dioico Cariflora, com base em marcadores de DNA (RAPD e ISSR) e características morfoagronômicas, e verificaram expressiva variabilidade genética entre as progênies para todas as características avaliadas, com exceção da produção. Nascimento et al. (2019) avaliaram a diversidade genética em 92 plantas de uma população F_2 segregantes utilizando a metodologia de Ward-MLM e verificaram que as características que mais contribuíram com a diversidade foram o comprimento do fruto, o comprimento do pecíolo, a altura de inserção do primeiro fruto e a massa do fruto. No México, Vásquez et al. (2014) avaliaram a dissimilaridade genética entre indivíduos de populações F_2 segregantes e observaram expressiva variabilidade genética para características como altura da planta e produção.

3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.2.3.1 Local e instalação do experimento

A condução e a avaliação da população base UCP-C0 foram feitas na fazenda Santa Terezinha, localizada na empresa CALIMAN Agrícola S.A., em Linhares, Estado do Espírito Santo, Brasil (19°90' S, 39°59' W, altura 30 m). O clima da região é classificado como tipo AWi (tropical úmido), com verão chuvoso e inverno seco (Alvares et al., 2013).

3.2.3.2 Material genético

Foram fenotipados 222 indivíduos S_0 da população base UCP-C0 de seleção recorrente. Esta população como já mencionado, foi obtida de genitores elite com fonte de alelos para produção e qualidade de frutos, cruzados com genitores dioicos que apresentavam características para resistência à mancha-de-phoma e à pinta-preta do mamoeiro. Os indivíduos foram semeados em casa de vegetação, em bandejas de plástico com capacidade para 96 tubetes. Aproximadamente 20 dias após a germinação as mudas foram aclimatizadas e, aos 30 dias, plantadas no campo, na área experimental localizada na quadra 16. As adubações e os tratos culturais foram os mesmos utilizados nos plantios comerciais recomendados para a cultura.

3.2.3.3 Características avaliadas

Para as avaliações de campo, foi utilizada a fenotipagem baseada em imagens digitais utilizando o software livre ImageJ v50, como descrito por Cortes et al. (2017). As características fenotipadas foram: altura da planta – AP, expressa em cm, mensurada da base do solo até a inserção do último par de folhas, com auxílio da ferramenta *straight* do software; altura de inserção do primeiro fruto – AIPF, expressa em cm, mensurada da base do solo até a inserção do primeiro fruto no caule na planta, com auxílio da ferramenta *straight* do software; diâmetro do caule – DC, expresso em cm, mensurado a 20 cm da base do solo utilizando a ferramenta *straight* do software, número de frutos deformados – NFD, obtido pela

contagem do número de frutos com deformações, com auxílio do plugin *cell conter* do software; número de nós sem frutos – NNSF, obtido pela contagem dos nós sem frutos, oriundos de esterilidade obtido com o auxílio do plugin *cell conter*; número de frutos comerciais – NFC, obtido pela contagem de frutos com características comerciais, obtido por meio do plugin *cell counter*; e produção de frutos – PROD, expresso em kg planta⁻¹, obtido pela multiplicação do NFC e o peso médio de fruto.

Para as avaliações de campo, as imagens foram obtidas aos 180, 270 e 360 dias (verão, outono e inverno) após o plantio, ou 90 dias após a antese (DAA) em cada estação de avaliação. As plantas foram marcadas com uma lâ de cor vermelha para identificar o último fruto avaliado (cacho) e uma etiqueta com informações relacionadas ao tratamento.

Para as avaliações de laboratório foi utilizada a metodologia de análise e processamento de imagem digital descrita por Santa-Catarina et al. (2018). As imagens obtidas foram binarizadas (preto e branca) e as mensurações, feitas com o uso das ferramentas *wand* e *straight*. As características avaliadas em laboratório foram: comprimento do fruto - CF, expresso em cm, obtido pela mensuração do comprimento do fruto; diâmetro do fruto - DF, expresso em cm, obtido pela mensuração do diâmetro de cada fruto; comprimento da cavidade ovariana – CCO, expresso em cm, obtido pela mensuração da cavidade ovariana; diâmetro da cavidade ovariana – DCO, expresso em cm, obtido pela mensuração do diâmetro da cavidade ovariana; espessura da polpa – EP, expressa em cm, obtida pela mensuração da espessura da polpa em cada fruto; e percentagem de volume de polpa - %VP, expressa em percentagem, obtida pela diferença entre o volume do fruto e o volume da cavidade ovariana, calculados pelas seguintes equações:

$$V_F = \frac{(C_F \times D_F^2)}{6} \text{ e } V_{CO} = \frac{(C_{CO} \times D_{CO}^2)}{6},$$

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

Para a avaliação de laboratório, as imagens foram obtidas aos 270, 360 e 450 dias após o plantio, em cada estação avaliada. Foram utilizados cinco frutos por planta, que apresentavam o mesmo estágio RST1 de maturação (Barragán-Iglesias et al., 2018).

Demais características como firmeza do fruto - FF e firmeza da polpa - FP foram mensuradas por um penetrômetro digital modelo Itália TR, ambas as firmezas são expressas em N e foram obtidas por uma amostra de três perfurações por fruto, tanto para a polpa quanto para o fruto. O teor de sólidos solúveis – TSS, expresso em °Brix, foi obtido com auxílio de um refratômetro digital portátil, modelo Mettler toledo Refracto 30PX. O peso médio de fruto – PMF foi obtido por pesagem dos frutos em balança analítica digital marca Toledo, modelo 9094.

3.2.3.4 Análises estatísticas

Para todas as características fenotipadas, foram estimados a média, os valores de máximo e mínimo, o desvio padrão (DP) e o coeficiente de variação (CV%). As relações entre os acessos foram determinadas usando a análise de componentes principais (PCA). O PCA tridimensional dos genótipos de mamoeiro foi criado de acordo com o primeiro, segundo e terceiro componente principal, PC1, PC2 e PC3, respectivamente.

Foi estimado o coeficiente de correlação cofenético e obtida a matriz de dissimilaridade genética pela distância euclidiana média. O dendrograma foi obtido pelo método de ligação média entre os grupos (UPGMA). Para o estabelecimento dos grupos, foi utilizado o método de mojena (Mojena, 1977), assumindo o valor da constante k igual ao valor do coeficiente de correlação cofenético. Este método recorre a um critério estatístico e propõe um procedimento de cálculo com base no tamanho relativo dos níveis de fusões ou distâncias no dendrograma. Este método consiste em selecionar o número de grupos no estágio j que, primeiramente, satisfizer à inequação $\alpha_j > \theta_k$, em que α_j é o valor de distâncias dos níveis de fusão correspondentes ao estágio j ($j = 1, 2, \dots, n$) e θ_k é o valor referencial de corte, expresso por $\theta_k = \bar{\alpha} + k\hat{\sigma}_\alpha$, em que $\bar{\alpha}$ e $\hat{\sigma}_\alpha$ são, respectivamente, as estimativas não viesadas da média e do desvio padrão dos valores de α e k é uma constante. Dessa forma, o método não necessita do conhecimento prévio da conformação dos grupos.

A análise estatística foi feita no software R, utilizando os pacotes factoextra, FactoMineR, ggplot2, ggcorrplot, psych, ape, cluster, dendextend, circlize e magrittr (R Development Core Team, 2018).

3.2.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.2.4.1 Análise descritiva da UCP-C0

O maior CV% foi relacionado ao número de frutos deformados (86,36%) e seguido pela produção de frutos (56,57%), número de frutos comerciais (48,39%) e número de nós sem frutos (46,28%), enquanto o menor CV% foi observado no percentual de volume de polpa (7,64%) (Tabela 1). Características com um CV% mais alto indicam elevada dispersão dos dados e a existência de uma faixa de seleção mais ampla para essas características. De acordo com trabalho desenvolvido por Ferreira et al. (2016b), em que foram comparadas diferentes classificações de coeficientes de variação, para a cultura do mamoeiro a classificação mais indicada é a descrita por Costa et al. (2002). Segundo essa classificação, características como AP, DC, NFC, NNSF, NFD, PMF, PROD, TSS, CF, DF, DCO, CCO e EP exibiram CVs maiores que 14%, mostrando médio a elevado nível de variação entre os indivíduos estudados para as características mensuradas. Ramos et al. (2014) e Cortes et al. (2018) também encontraram valores abaixo de 20% para AP e DC, concordando com os dados observados neste estudo.

Na população UCP-C0, os valores mínimo e máximo mostram que existe variabilidade genética para todas as características avaliadas. A média para a altura de planta AP nas três épocas de avaliação foi de 222,73 cm. Para essa característica, plantas com menor altura são desejáveis no melhoramento de mamoeiro, pois facilitam a colheita dos frutos (Ide et al., 2009). Em estudos com mamoeiro, Cortes et al. (2017) encontraram médias para a característica AP igual a 224,85 cm para a fenotipagem tradicional e 224,91 cm para a fenotipagem baseada em imagem digital. A média da característica DC foi de 11,3 cm. Para essa característica, plantas com maior DC tendem a ser mais produtivas porque suportam mais frutos e são menos propensas ao acamamento (Silva et al., 2007b). Cortes et al. (2017) avaliando genótipos de mamoeiro, encontraram médias iguais às do presente estudo para a característica DC. Nascimento et al. (2019), avaliando 92 genótipos em população F₂ de mamoeiro, encontraram resultados semelhantes para as características AP e DC.

Tabela 1. Estatística descritiva para 16 características avaliadas em 222 indivíduos da população UCP-C0 de seleção recorrente de mamoeiro

Característica	Mínimo	Máximo	Média	DP	CV (%)
AP	88,81	301,94	222,73	36,958	16,59
DC	6,96	15,85	11,09	1,688	15,22
NFC	5,00	125,00	39,99	19,355	48,39
NNSF	4,00	68,00	23,02	10,652	46,28
NFD	2,00	72,00	13,71	11,838	86,36
PMF	279,75	1808,00	859,74	307,951	35,82
PROD	1,12	36,02	11,58	6,549	56,57
FF	76,69	166,70	126,60	14,555	11,50
FP	59,44	132,93	106,91	11,575	10,83
TSS	5,10	14,93	10,21	1,783	17,47
CF	12,12	27,99	18,26	2,855	15,64
DF	5,62	13,74	9,42	1,272	13,50
CCO	8,25	19,81	13,63	2,234	16,39
DCO	2,62	10,17	5,15	0,979	19,01
EP	1,22	3,17	2,14	0,358	16,72
%VP	53,72	87,92	77,28	5,905	7,64

DP: desvio padrão; CV (%): coeficiente de variação em percentagem; AP: altura da planta (cm); DC: diâmetro do caule (cm); NFC: número de frutos comerciais; NNSF: número de nós sem frutos; NFD: número de frutos deformados; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: Produção de frutos (kg planta⁻¹); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); CCO: comprimento da cavidade ovariana (cm); DCO: diâmetro da cavidade ovariana (cm); EP: espessura da polpa (cm); %VP: porcentagem de volume de polpa (%). Os dados foram obtidos de três medidas repetidas (avaliações) no intervalo de 90 dias entre as avaliações, sendo a primeira avaliação de campo aos 180 dias após o plantio e a primeira avaliação de laboratório aos 270 dias após o plantio.

Para as características relacionadas a tamanho do fruto como o CF e DF, os resultados variaram de 12,12 cm a 27,99 cm, com média de 18,26 cm para a característica CF, e de 5,62 cm a 13,74 cm, com média de 9,42 cm para a característica DF. Resultados semelhantes foram encontrados por Emede et al. (2017) na avaliação de 10 genótipos de mamoeiro. Para a característica PMF, a amplitude de variação foi de 279,75 g a 1808 g, com média de 859,74 g. Os resultados mostraram que é possível praticar seleção para PMF na população

UCP-C0, podendo selecionar genótipos com diferentes tamanhos de frutos, desde frutos com padrão Solo, intermediário e até mesmo Formosa.

As médias das características NFC, NNSF e NFD foram 39,99; 23,02 e 13,71, respectivamente. Essas características estão relacionadas à esterilidade do verão, que aumenta durante os meses mais quentes do ano, enquanto as taxas de carpeloidia e pentandria aumentam nos meses mais frios do ano (Damasceno Junior et al. 2008). Luz et al. (2015) avaliando genótipos híbridos de mamoeiro, encontraram, para estas mesmas características, médias inferiores com valores de 24,30 NFC, 14,98 NNSF e 0,66 NFD.

Em termos de qualidade de fruto, genótipos com maiores médias para as características FF, FP, TSS e EP são desejáveis. Genótipos com essas características apresentam maior resistência ao transporte e tempo de prateleira, além de produzirem frutos mais saborosos. As médias para essas características foram de 126,60 N, 106,91 N, 10,21 °Brix e 2,14 cm, respectivamente. O indivíduo UCPC015-165 apresentou a maior média para a FF (166,70 N), o indivíduo UCPC015-247 apresentou a maior média para a característica FP (132,93 N), o indivíduo UCPC015-209 apresentou a maior média para a característica TSS (14,93 °Brix) e o indivíduo UCPC015-03 foi o que apresentou a maior média para a característica EP (3,17 cm). Na população UCP-C0, o indivíduo UCPC015-52 foi o que apresentou destaque para qualidade de fruto, com médias de 161,82 N, 125,61 N, 13 °Brix e 2,57 cm, para as características FF, FP, TSS e EP, respectivamente. Barros et al. (2017), avaliando genótipos de mamoeiro provenientes de retrocruzamento para conversão sexual, encontraram as seguintes médias para as características FF (100,03 N), FP (82,69 N), TSS (9,50 °Brix) e EP (2,34 cm). Os valores máximos e mínimos para ambas as características mostram que existe variabilidade genética na UCP-C0, nos diferentes indivíduos avaliados, nos quais a seleção pode ser feita para identificar possíveis fontes de alelos favoráveis para a seleção recorrente.

3.2.4.2 Análise dos principais componentes – PCA

Os componentes principais com *eigen values* menores do que um foram considerados não significativos, de acordo com o procedimento. No presente estudo, cinco componentes principais com *eigen values* maior que um,

contribuíram para 76% da variabilidade acumulada entre os 222 genótipos S₀ de mamoeiro avaliados para 16 características relacionadas à produção e à qualidade dos frutos (Tabela 2).

O primeiro componente principal (PC1) foi o que mais contribuiu para a variabilidade (28,66%). Os valores de *loadings* das características para os componentes principais representam os pesos que definem a contribuição das diferentes características para os respectivos componentes principais. Características como peso do fruto (0,89), comprimento do fruto (0,84), diâmetro do fruto (0,80), comprimento da cavidade ovariana (0,84) e espessura da polpa (0,83) apresentaram valores positivos de *loadings*, explicando a variação máxima no PC1 (Tabela 2). Esses valores sugerem que o PC1 reflete o tamanho e o peso do fruto.

O segundo componente principal (PC2), apresentou 16,66% da variância total, refletiu valores significativos de *loadings* para as características número de frutos deformados (0,58), diâmetro da cavidade ovariana (0,77) e porcentagem de volume de polpa (-0,76), que explicam a variabilidade máxima. O PC2 reflete o número de frutos deformados, o diâmetro da cavidade ovariana e a porcentagem de volume de polpa de cada genótipo (Tabela 2). Os dois primeiros componentes, juntos, explicaram 44,32% da variabilidade total observada, dos quais 28,66% foram contabilizados pelo PC1, seguido por 16,66% do PC2 (Tabela 2).

O terceiro componente principal, PC3, contribuiu com 13,78% da variância total e foi caracterizado pelo número de frutos comerciais (0,88), número de nós sem frutos (-0,60) e produção de frutos (0,72). Isso sugere que esse componente se reflete na produção de frutos e na sua esterilidade. O quarto componente principal, PC4, contribuiu com 9,95% da variância total e se caracterizou pela firmeza do fruto (0,73) e firmeza da polpa (0,72), sugerindo que esse componente reflete a firmeza da polpa e do fruto. O quinto componente principal, PC5, contribuiu com 7,96% da variância total e se caracterizou por altura da planta (0,72), diâmetro do caule (0,46), número de nós sem frutos (0,36), firmeza do fruto (-0,44) e firmeza da polpa (-0,35). Os resultados sugerem que esse componente reflete as características relacionadas à altura da planta, esterilidade e firmeza do fruto (Tabela 2).

Tabela 2. *Eigen value* (EV), porcentagem da variância explicada (PVE), variância explicada acumulada (VEA) e *loading* das características para cinco componentes principais

Descrição	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5
EV	4,585	2,506	2,204	1,592	1,273
PVE	28,66	15,66	13,78	9,95	7,96
VEA	28,66	44,32	58,10	68,04	76,00
AP	0,02	0,25	0,21	0,39	0,72
DC	0,36	0,42	0,30	0,31	0,46
NFC	-0,03	0,25	0,88	-0,03	-0,14
NNSF	0,24	-0,31	-0,60	0,20	0,36
NFD	-0,27	0,58	-0,19	0,08	0,12
PMF	0,89	0,19	-0,19	-0,23	0,00
PROD	0,52	0,25	0,72	-0,17	-0,12
FF	0,31	0,11	-0,07	0,73	-0,44
FP	0,39	0,06	-0,11	0,72	-0,35
TSS	-0,25	0,18	0,25	0,23	0,09
CF	0,84	-0,37	0,06	-0,03	0,13
DF	0,80	0,43	-0,19	-0,14	-0,06
CCO	0,84	-0,24	0,04	-0,12	0,08
DCO	0,43	0,77	-0,33	-0,15	-0,10
EP	0,83	-0,30	0,10	-0,05	0,02
%VP	0,20	-0,76	0,33	0,22	0,04

PC_i: principal componente; AP: altura da planta; DC: diâmetro do caule; NFC: número de frutos comerciais; NNSF: número de nós sem frutos; NFD: número de frutos deformados; PMF: peso médio dos frutos; PROD: Produção; FF: firmeza do fruto; FP: firmeza da polpa; TSS: teor de sólidos solúveis; CF: comprimento do fruto; DF: diâmetro do fruto; CCO: comprimento da cavidade ovariana; DCO: diâmetro da cavidade ovariana; EP: espessura da polpa; %VP: porcentagem de volume de polpa.

3.2.4.3 Variabilidade Genética

O gráfico de dispersão tridimensional foi criado de acordo com os três componentes principais, que mais refletem a relação entre os indivíduos da UCP-C0, em termos de semelhança fenotípica e características morfológicas (Figura 1).

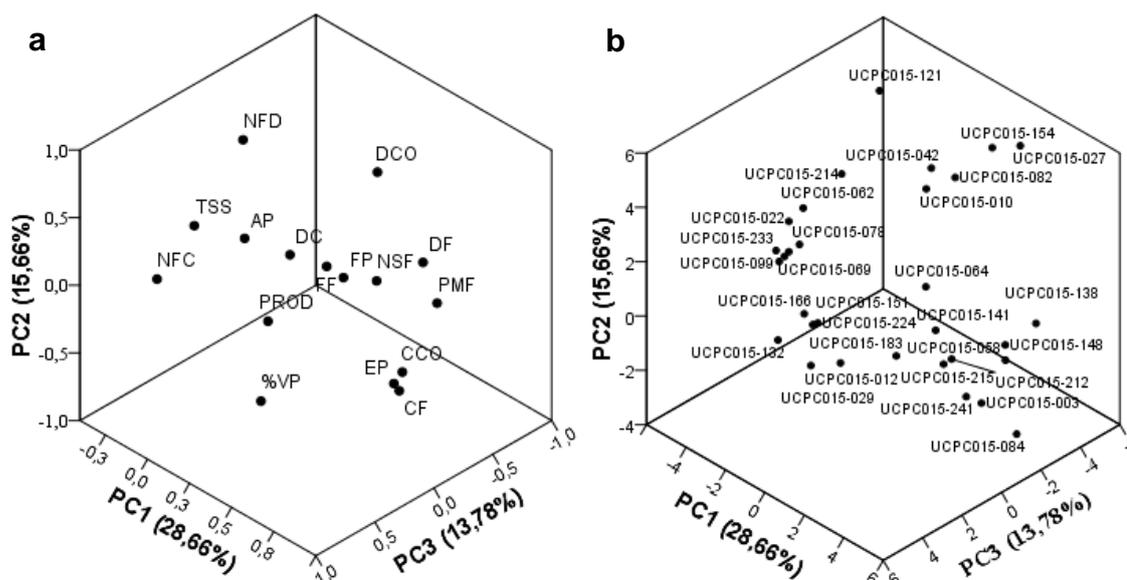


Figura 1. Gráficos tridimensionais para os três principais componentes. a) Gráfico tridimensional para os três principais componentes, para 16 características relacionadas à produção e à qualidade de frutos. b) Gráfico tridimensional para os três principais componentes para os 30 genótipos superiores que mais contribuíram para a variabilidade genética. AP: altura da planta; DC: diâmetro do caule; NFC: número de frutos comerciais; NNSF: número de nós sem frutos; NFD: número de frutos deformados; PMF: peso médio dos frutos; PROD: Produção; FF: firmeza do fruto; FP: firmeza da polpa; TSS: teor de sólidos solúveis; CF: comprimento do fruto; DF: diâmetro do fruto; CCO: comprimento da cavidade ovariana; DCO: diâmetro da cavidade ovariana; EP: espessura da polpa; %VP: porcentagem de volume de polpa.

A determinação dos componentes principais é baseada em *eigen value* maiores que 1.00 (Jeffer, 1967) e porcentagem acumulada da variância maior que 80% (Jolliffe, 2002). Neste trabalho, os três primeiros componentes principais representam 58,10% da variabilidade genética presente na UCP-C0. De acordo com Pereira et al. (1992), nas análises de componentes principais, a variação explicada pelos primeiros componentes será maior quanto menos características forem avaliadas ou quando estas características pertencerem a partes específicas da planta. O número elevado de características avaliadas e a constituição genética da população UCP-C0 podem ter contribuído para a baixa variabilidade genética explicada nos três primeiros componentes principais (Figura 1).

O primeiro componente principal, PC1, reflete o tamanho e o peso do fruto e foi correlacionado com as características de peso, comprimento, diâmetro do fruto, comprimento da cavidade ovariana e espessura da polpa. O segundo componente principal, PC2, foi correlacionado com as características do número

de frutos deformados, o diâmetro da cavidade ovariana e a porcentagem de volume de polpa de cada genótipo, e o terceiro componente principal, PC3, reflete a produção e a esterilidade dos frutos e foi correlacionado com as características número de frutos comerciais, número de nós sem frutos e produção de frutos (Figura 1a).

Os 30 indivíduos que mais contribuíram para a diversidade genética nos três primeiros componentes estão representados no gráfico tridimensional do PCA (Figura 1b). No PC1, os indivíduos UCPC015-003, UCPC015-084, UCPC015-138, UCPC015-212 e UCPC015-241 têm frutos tipicamente Formosa, com maior peso e formato dos frutos, enquanto os indivíduos UCPC015-069, UCPC015-78, UCPC015-132, UCPC015-151 e UCPC015-233 são tipicamente Solo, com menor peso e formato de frutos. No PC2, os indivíduos UCPC015-010, UCPC015-027, UCPC015-121, UCPC015-154 e UCPC015-214 apresentaram maior número de frutos deformados e diâmetro da cavidade ovariana e apresentaram menor porcentagem de volume de polpa. Nesse mesmo componente, os indivíduos UCPC015-012, UCPC015-084, UCPC015-132, UCPC015-151 e UCPC015-224 apresentaram frutos com menos deformações, com menor diâmetro da cavidade ovariana e maior porcentagem de volume de polpa. No PC3, os indivíduos UCPC015-029, UCPC015-099, UCPC015-141, UCPC015-166 e UCPC015-183 apresentaram maior número de frutos comerciais, maior produção de frutos e menor esterilidade, enquanto os indivíduos UCPC015-027, UCPC015-042, UCPC015-058, UCPC015-082 e UCPC015-154 foram os menos produtivos e com maior esterilidade.

Esses resultados mostram a alta correlação entre as características e as cargas fatoriais no PCA. Em outras culturas, como a cereja, o tamanho e o peso do fruto são parâmetros úteis para discriminar as cultivares (Khadivi-Khub et al., 2013; Ganopoulos et al., 2015). A variação encontrada no PC1, PC2 e PC3 (58,10%) é próxima da encontrada por Syafii et al. (2015) nos genótipos de milho (59,50%) e por Ganopoulos et al. (2016) em cultivares de cereja (62,98%).

A análise de agrupamentos baseada no método UPGMA formou 13 agrupamentos distintos entre os indivíduos S_0 da UCP-C0, a uma distância de Mojena igual a 118,43, com base em todas as características morfológicas, considerando toda a variabilidade genética da população estudada (Figura 2). O grupo I (cor vermelha) tem quatro 4 indivíduos, seguido pelo grupo II (cor laranja)

com dois indivíduos, grupo III (cor verde) com 13 indivíduos, grupo IV (cor marrom) com três indivíduos, grupo V (cor azul) com 50 indivíduos, grupo VI (cor preta) com 36 indivíduos, grupo VII (cor púrpura) com 34 indivíduos, grupo VIII (cor cinza) com 23 indivíduos, grupo IX (cor amarela) com dois indivíduos, grupo X (cor azul aço) com 36 indivíduos, grupo XI (cor verde primavera) quatro indivíduos, grupo XII (cor laranja vermelho) com sete indivíduos e grupo XIII (cor violeta) com 11 indivíduos (Figura 2).

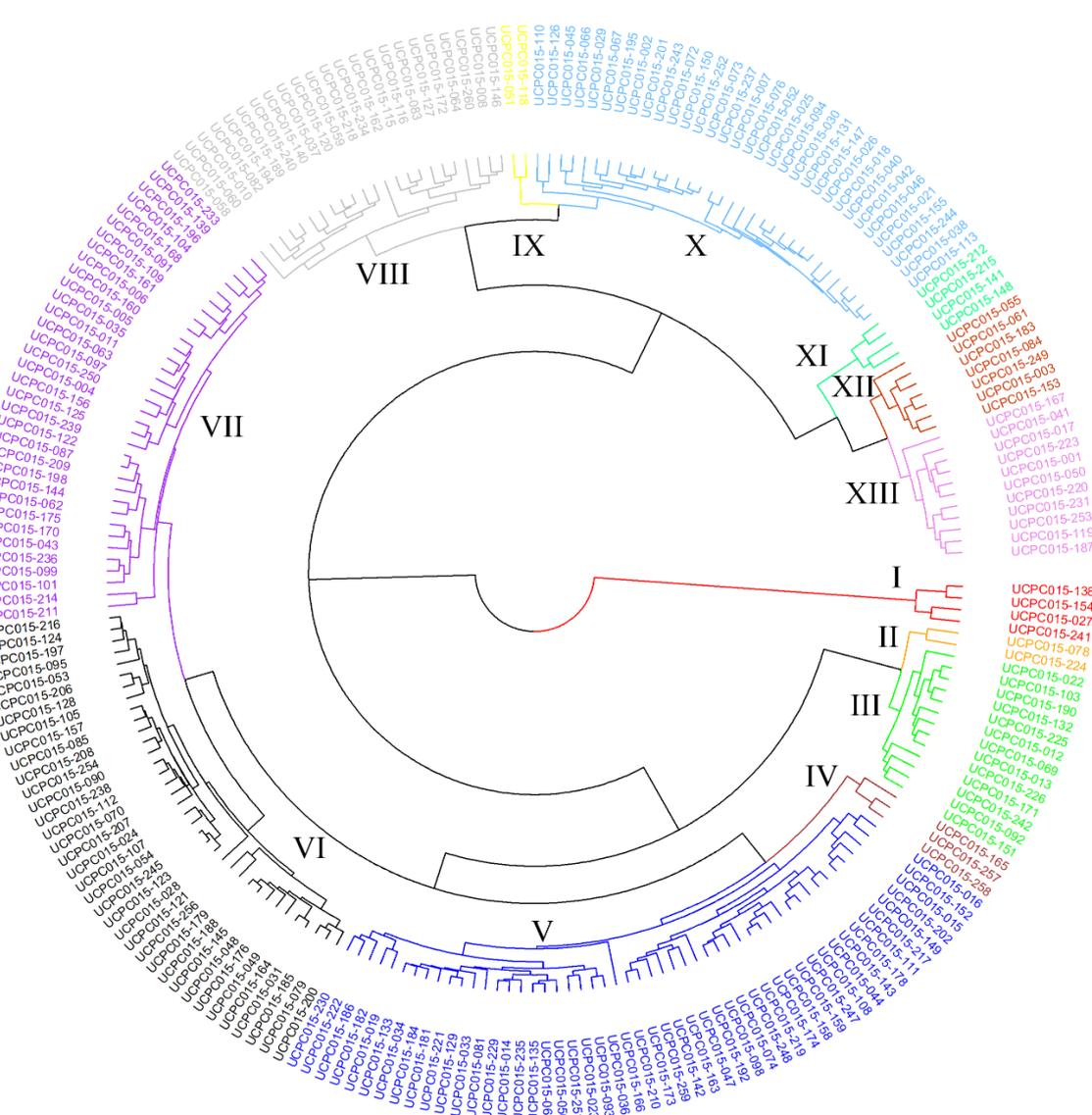


Figura 2. Dendrograma obtido pelo método da ligação média entre grupos (UPMGA), com base na análise de 222 indivíduos S_0 da população UCP-C0 de mamoeiro, usando a distância média euclidiana padronizada para a análise de 16 características. K = coeficiente de correlação cofenética = 0,75; distância mínima = 9,46; distância máxima = 1529,78; distância média = 358,62; distância de mojena = 118,43.

Os grupos formados podem ser separados de acordo com o tamanho do fruto. Cinco grupos (I, VIII, XI, XII e XIII) estão relacionados aos frutos padrão Formosa, três grupos são formados por frutos intermediários (IV, V e IX), dois grupos estão relacionados aos frutos tipicamente Solo (II e III) e outros dois grupos, com Genótipos Solo/Intermediário (VI e VII) e Formosa/Intermediário (X).

O número de frutos comerciais variou em média de 14,00 frutos para o grupo II (grupo Solo) a 45,74 frutos para o grupo VII (grupo Solo / Intermediário) (Figura 3a). A característica PMF variou em média de 305 g para o grupo II a 1750 g para o grupo I (Figura 3b), e a média para a característica produção de frutos variou de 5,66 kg planta⁻¹ para o grupo III a 22,53 kg planta⁻¹ para o grupo XI (Figura 3c).

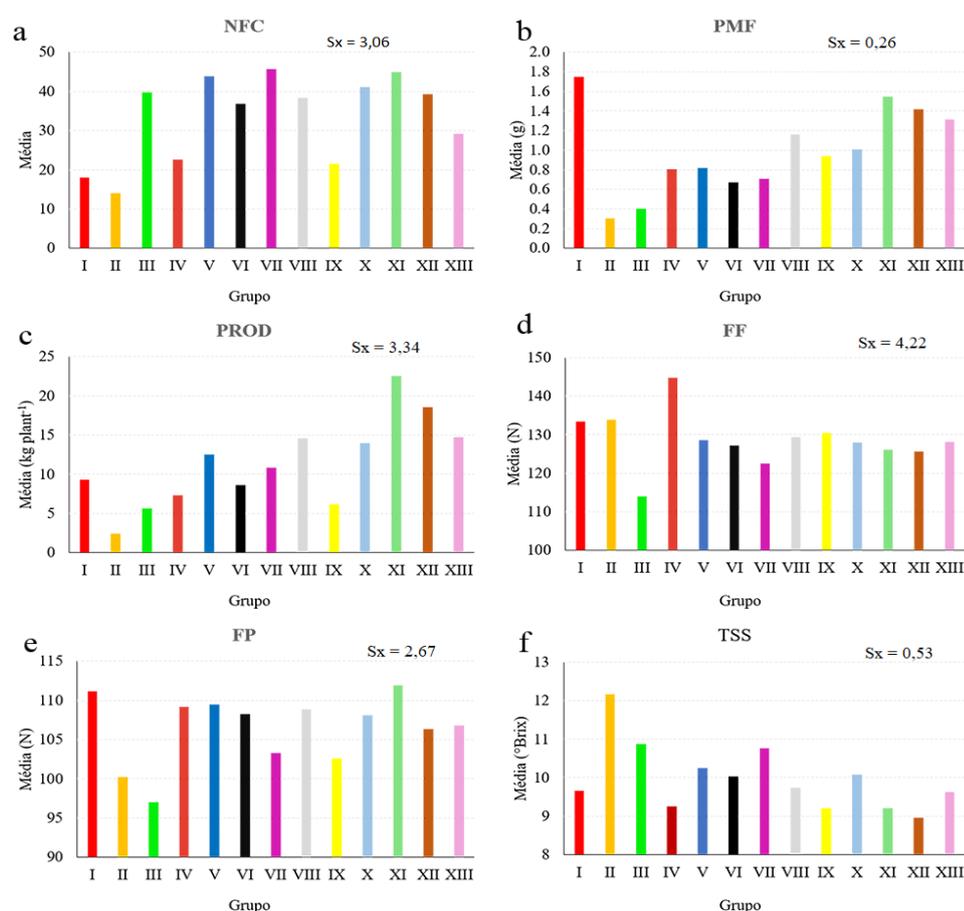


Figura 3. Representação gráfica das médias dos 13 grupos para as seis características de maior importância para a cultura, avaliadas na população UCP-C0 de seleção recorrente de mamoeiro. **a)** Número de frutos comerciais – NFC. **b)** Peso médio de fruto – PMF (g). **c)** Produção de frutos (kg planta⁻¹); **d)** Firmeza do fruto – FF (N); **e)** Firmeza da polpa – FP (N); **f)** Total de sólidos solúveis – TSS (°Brix); Erro padrão – Sx.

A característica FF variou de 113,94 N para o grupo III a 144,74 N para o grupo IV (Figura 3d). A média da característica FP variou de 96,96 N no grupo III a 111,93 N no grupo XI (Figura 3e), e a média da característica TSS variou de 8,96 °Brix no cluster XII a 12,16 °Brix no cluster II (Figura 3f). Tendo esses números como referência, é possível verificar a existência de uma grande variabilidade nos materiais em estudo para as características relacionadas à produção e à qualidade dos frutos.

De acordo com a análise de componentes principais, a média do peso médio dos frutos foi a característica que mais contribuiu (0,89) para a diversidade da população UCP-C0 (Tabela 2). Os grupos foram formados com peso médio de frutos variando de 305 a 1780 g em média, diferindo entre si para as características mais importantes para a cultura como NFC, FF, FP, TSS e PROD. Considerando apenas os grupos com genótipos Solo, podemos identificar genótipos no grupo III (13 indivíduos) que apresentaram maiores médias para as características NFC e PROD, voltadas para a produtividade, enquanto os indivíduos do grupo II (2 indivíduos) apresentaram médias maiores para as características FF, FP e TSS, voltadas para a qualidade dos frutos. Para os grupos Formosa, podemos identificar genótipos no grupo XI (4 indivíduos) que apresentaram as melhores médias para ambas as características de maior importância para a cultura (Figura 3).

Para fins de seleção, os indivíduos dos grupos II, III e XI são mais indicados, pois têm fontes alélicas de interesse para as principais características. Esses indivíduos podem ser utilizados na seleção recorrente a longo prazo para aumentar a frequência dos alelos para essas características. No entanto, a curto prazo, esses mesmos indivíduos podem ser selecionados e, por algum método de melhoramento como o SSD (*Sengle Seed Descent*) entre outros, eles podem ser avançados por n gerações para identificar genótipos que possam ser utilizados como linhagens per se e/ou como genitores de novos híbridos.

Os resultados da caracterização mostram que a UCP-C0 tem ampla variabilidade genética, fonte de alelos de interesse e grande potencial para iniciar um programa de seleção recorrente no mamoeiro, principalmente para o desenvolvimento de linhagens que podem ser utilizadas como genitoras na obtenção de híbridos com diferentes tamanhos de frutos. Considerando a herança aditiva ou dominância parcial para o peso de fruto e a variabilidade genética da

população UCP-C0, no futuro, podemos identificar cruzamentos entre as linhagens Formosa x Formosa para obter híbridos padrão Formosa, cruzamentos entre linhagens Formosa x Solo para obter frutos com peso intermediário e cruzamento entre as linhagens Solo x Solo para obter híbridos com frutas tipicamente Solo (Pereira et al., 2019a). Além disso, a variabilidade para as características FF, FP e TSS permite a seleção tanto de linhagens Solo, Intermediárias e Formosa, com qualidade e sabor de fruto.

Futuramente, as linhagens selecionadas por seleção recorrente poderão ser cruzadas com materiais não aparentados, como, por exemplo, linhagens oriundas da conversão sexual do genótipo dioico Cariflora, que apresentam boa capacidade geral de combinação (Santa-Catarina et al., 2019).

3.2.5 CONCLUSÕES

A população base UCP-C0 tem ampla variabilidade genética, por consequência, a estratégia de escolha dos genótipos utilizados como genitores foi promissora para a variabilidade genética observada. O uso de progênies dioicas altamente heterogêneas e a mistura de pólen de genótipos elites genitores de híbridos comerciais contribuiu para os resultados observados, principalmente pela variabilidade genética neles presente.

Essa estratégia está sendo muito importante no melhoramento do mamoeiro, principalmente para no futuro próximo obter cultivares superiores, que sejam produtivas, com qualidade de frutos e resistência a doenças. No futuro, essas linhagens identificadas na seleção recorrente poderão ser cruzadas com genótipos não aparentados maximizando a obtenção de cultivares híbridas com potencial genético para produção e qualidade de frutos.

3.3 CORRELAÇÃO FENOTÍPICA E ANÁLISE DE TRILHA PARA CARACTERÍSTICAS RELACIONADAS À PRODUÇÃO DE FRUTOS

3.3.1 INTRODUÇÃO

O mamoeiro é caracterizado pela sua base genética estreita, apresentando limitado número de cultivares produtivas disponíveis para áreas produtoras, além de ser suscetível a uma série de doenças e pragas. Nesse contexto, os programas de melhoramento genético do mamoeiro têm grande importância no desenvolvimento de cultivares mais produtivas e com resistência a doenças e pragas.

Nestes programas, estudos que proporcionam informações sobre o quanto a alteração de uma determinada característica pode afetar as demais são de grande importância, pois facilitam a seleção de genótipos superiores. Essa informação é importante para os melhoristas, principalmente quando a seleção de uma característica é dificultada pela baixa herdabilidade ou dificuldades na mensuração e identificação (Cruz et al., 2012).

Quando duas características são correlacionadas positivamente, ambas são beneficiadas ou prejudicadas pelas mesmas causas de variações, e correlações negativas indicam que o ambiente favorece uma característica em detrimento de outra. A associação entre duas características diretamente observadas corresponde a uma correlação fenotípica (Falconer, 1987).

Determinadas situações em que o coeficiente de correlação entre duas características for alto ou baixo significam que ele pode não ser uma medida real

de causa e efeito, mas, sim, o resultado de efeitos diretos ou indiretos de uma terceira característica ou grupo de característica sobre essas duas (Cruz et al., 2012). Neste caso, o uso da metodologia de análise de trilha permite obter informações sobre os efeitos diretos ou indiretos, de um grupo de características em relação a uma determinada característica ou variável básica de maior importância (Cruz e Carneiro, 2012). Sendo assim, para fins de melhoramento do mamoeiro, as características de maior correlação com a variável básica são as que têm maior efeito direto, favorável à seleção.

Estudos de correlação e análise de trilha no mamoeiro foram feitos por Jana et al. (2005), Silva et al. (2007b), Oliveira et al. (2010b), Ferreira et al. (2012), Mahesh et al. (2014), Silva et al. (2016), Assefa et al. (2016), Cortes et al. (2017) e Moreira et al. (2018).

Dada a importância da correlação e da análise de trilha, os objetivos desse capítulo foram: a) Estimar a correlação entre características agronômicas da população recombinada de ampla base genética e b) Estimar os efeitos diretos e indiretos das características explicativas sobre a variável básica produção de frutos.

3.3.2 REVISÃO

3.3.2.1 Correlações e análise de trilha entre as características

Os programas de melhoramento visam ao desenvolvimento de cultivares superiores, com várias características de interesse para o mercado consumidor. Entretanto, a seleção, considerando o grande número de características ao mesmo tempo, tem apresentado dificuldades, pela existência de correlação entre as características (Ramalho et al., 2012).

As correlações podem ser fenotípicas, genotípicas e ambientais. De acordo com Chaudhary et al. (1973), a correlação fenotípica é obtida a partir dos dados coletados, sendo mais propensa a induzir o melhorista a erros. A correlação genética pode ser causada por pleiotropismo, fenômeno pelo qual um gene influencia duas ou mais características. De acordo com Falconer e Mackay

(1996), as ligações gênicas também podem ser a causa da correlação, mas essa correlação é transitória, ocorrendo principalmente em populações oriundas de cruzamentos entre linhagens divergentes, populações em desequilíbrio de ligação.

De acordo com Nogueira et al. (2012), na interpretação de correlações, devem ser consideradas a magnitude, a direção e a significância. Estimativa de coeficiente de correlação positiva indica a tendência de uma variável aumentar quando a outra também aumenta, e correlações negativas indicam tendência de uma variável aumentar enquanto a outra diminui.

A correlação entre características é causada pelo ambiente, quando influenciadas pelas mesmas condições. As correlações podem ser negativas quando um ambiente favorece uma característica em detrimento de outra, ou positivas, quando as duas características analisadas forem beneficiadas ou prejudicadas simultaneamente pelas mesmas condições ambientais (Cruz et al., 2014). O valor do coeficiente de correlação é adimensional e não ultrapassa a unidade, sendo que os coeficientes que apresentam valores iguais a zero evidenciam a falta de relação linear entre as características, não a ausência de relação ou dependência entre elas (Cruz et al., 2012).

As análises de correlação entre as características são essenciais na determinação dos critérios para a seleção, mas a magnitude e o valor das correlações não são suficientes para esclarecer os efeitos diretos e indiretos dos fatores (Cruz et al., 2012). De acordo com Santos et al. (2017), a alta magnitude da correlação entre duas características pode ocorrer em virtude do efeito indireto de uma terceira ou de um grupo de características. Nessa situação, uma alternativa é a utilização da metodologia de análise de trilha, proposta por Wright (1921; 1923). Esta análise auxilia na seleção indireta, sendo muito útil aos melhoristas para compreender as causas envolvidas na associação entre as características e na decomposição da correlação existente entre os efeitos diretos e indiretos de um grupo de características explicativas sobre uma variável básica ou característica principal (Li et al., 2013).

Os efeitos diretos e indiretos são estimados por equações de regressão, e o desdobramento das correlações depende do conjunto das características estudadas, as quais são estabelecidas pelo conhecimento do melhorista de

acordo com a importância para a cultura e pelas possíveis inter-relações expressas em diagramas de trilha (Cruz et al., 2012).

Estudos com a aplicabilidade da análise de trilha na detecção de características úteis para seleção indireta quanto ao peso ou à produção de frutos foram desenvolvidos por Teixeira et al. (2012) em açaizeiro. A produção de frutos correlacionou-se ao número de meses em produção, número total de cacho, peso de frutos por cacho e ao número de ráquias por cacho. Entretanto, na análise de trilha, apenas o peso de frutos por cacho, o número de cachos e o número de ráquias por cacho se mostram como os principais determinantes na variação da produção de frutos, sendo o número de ráquias por cacho a característica menos influenciada pelo ambiente, portanto, mais promissora para obter ganhos indiretos na produção total de frutos de açaizeiro.

No maracujazeiro azedo, estudos desenvolvidos por Lúcio et al. (2013) indicam que as características peso médio de polpa e número de frutos foram as que apresentaram maior correlação com o peso total de frutos de maracujá e que o teor de sólidos solúveis total, o peso médio de frutos, o comprimento e o diâmetro do fruto, a espessura da casca e a percentagem de polpa apresentam baixa correlação com o peso total de frutos de maracujá.

No mamoeiro, foram desenvolvidos vários estudos de correlações e análise de trilha. Jana et al. (2005) verificaram correlação significativa entre produção e comprimento de fruto e que as características teor de sólidos solúveis, peso de fruto e número de frutos comerciais tiveram efeito direto positivo sobre a produção de frutos. Silva et al. (2007b), Ferreira et al. (2012) e Jambhale et al. (2014) verificaram, pela análise de correlação, que a seleção de plantas de mamoeiro com maior diâmetro do caule pode resultar em plantas mais produtivas, em virtude da alta correlação genética entre essas características. Oliveira et al. (2010b) verificaram que características como altura da planta, número de flores por pedúnculo e largura da folha são mais fáceis de serem mensuradas e se manifestam antes da produção de frutos, o que as torna mais indicadas para a seleção indireta em programas de melhoramento genético dessa cultura. Silva et al. (2016) verificaram que os componentes primários número e massa de fruto explicam quase que totalmente as variações ocorridas na produção por planta e que a espessura menor de polpa de fruto foi o componente secundário que apresentou maiores efeitos diretos e indiretos sobre a variável primária massa de

fruto. Souza et al. (2014) concluíram que a seleção de frutos com maior diâmetro se reflete também em frutos de maior comprimento, que o maior teor de sólidos solúveis depende de menor pH dos frutos e que a menor acidez permite frutos com melhor “Ratio”.

3.3.3 MATERIAL E MÉTODOS

3.3.3.1 Material genético

Para o estudo de correlação simples, foram avaliados 222 indivíduos S_0 da população base UCP-C0 do programa de seleção recorrente. Os indivíduos foram semeados em casa de vegetação, utilizando bandejas plásticas, com capacidade para 96 tubetes de 55 cm³. Foram utilizados substrato da marca HT tropstrato hortaliças e adubo de liberação lenta Basacote mini 3M®, fórmula NPK (Mg) 13-06-16 (1,4) com micronutrientes 0,0; 2,5; 5,0; 7,5; 10,0 e 12,5 kg m⁻³. Aproximadamente 20 dias após a germinação, as mudas foram aclimatizadas e, aos 30 dias, plantadas na área experimental, localizada na quadra 16 da fazenda Sta Terezinha, pertencente à empresa Caliman Agrícola S.A. As adubações e os tratamentos culturais foram os mesmos utilizados nos plantios comerciais recomendados para a cultura.

3.3.3.2 Características avaliadas

Para o estudo de correlação, foram utilizadas nove características de importância para a cultura, relacionadas à qualidade e à produção.

Para as avaliações de campo, foi utilizada a fenotipagem baseada em imagens digitais, utilizando o software livre ImageJ v50, como descrito por Cortes et al. (2017).

As características fenotipadas foram: número de nós sem frutos – NSF, obtido pela contagem dos nós sem frutos, oriundos de esterilidade obtido com o auxílio do plugin *cell counter*; número de frutos comerciais – NFC, obtido pela contagem de frutos com características comerciais, obtido com o auxílio do plugin

cell counter, produção de frutos – PROD, expresso em kg planta⁻¹, obtido pela multiplicação do NFC pelo peso médio de fruto. As imagens foram obtidas aos 180, 270 e 360 dias (verão, outono e inverno) após o plantio, ou 90 dias após a antese (DAA) em cada estação de avaliação.

Para as avaliações de laboratório, foi utilizada a metodologia de análise e processamento de imagem digital descrita por Santa-Catarina et al. (2018). As mensurações foram feitas pelas ferramentas *wand* e *straight* do software ImageJ v50. As características avaliadas em laboratório foram: comprimento do fruto - CF, expresso em cm, obtido pela mensuração do comprimento do fruto e diâmetro do fruto - DF, expresso em cm, obtido pela mensuração do diâmetro de cada fruto. Demais características como a firmeza do fruto - FF e firmeza da polpa - FP foram mensuradas por um penetrômetro digital modelo Itália TR. Ambas as firmezas foram expressas em N, obtidas por uma amostra de três perfurações por fruto, tanto para a polpa quanto para o fruto. O teor de sólidos solúveis – TSS, expresso em °Brix, foi obtido com auxílio de um refratômetro digital portátil modelo Mettler toledo Refracto 30PX. O peso médio de fruto – PMF foi obtido pela pesagem dos frutos em balança analítica digital marca Toledo, modelo 9094. As imagens foram obtidas aos 270, 360 e 450 dias após o plantio, em cada estação avaliada. Foram utilizados 5 frutos, todos apresentando o mesmo estágio RST1 de maturação (Barragán-Iglesias et al., 2018).

3.3.3.3 Análises estatísticas

Foi feito um estudo de relação entre as características, por meio da correlação simples, entre as características PROD, NFC, NNSF, PMF, CF, DF, FF, FP e TSS, relacionadas com a produção de frutos. A correlação simples entre as características foi obtida pelo seguinte estimador:

$$r = \frac{C\hat{o}v(X, Y)}{\sqrt{\hat{V}(X)\hat{V}(Y)}} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i y_i}{\sqrt{\sum_{i=1}^n x_i^2 \sum_{i=1}^n y_i^2}} = \frac{\frac{\sum(x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{n-1}}{\sqrt{\frac{\sum(x_i - \bar{x})^2}{n-1} - \frac{\sum(y_i - \bar{y})^2}{n-1}}}$$

Posteriormente, a correlação simples serviu como base para o diagnóstico de multicolinearidade para verificar a existência de multicolinearidade proposta por Montgomery & Peck (1981), no intuito de se evitar superestimativas dos coeficientes de trilha (Cruz et al., 2012).

Foi utilizada a análise de trilha com um único diagrama causal (conforme Figura 1). Neste estudo, foram avaliados a produção de frutos - PROD e seus componentes primários peso médio de fruto - PMF, número de frutos comerciais - NFC, número de nós sem fruto - NSF, comprimento do fruto – CF, diâmetro de fruto – DF, firmeza do fruto – FF, firmeza da polpa – FP e teor de sólidos solúveis – TSS.

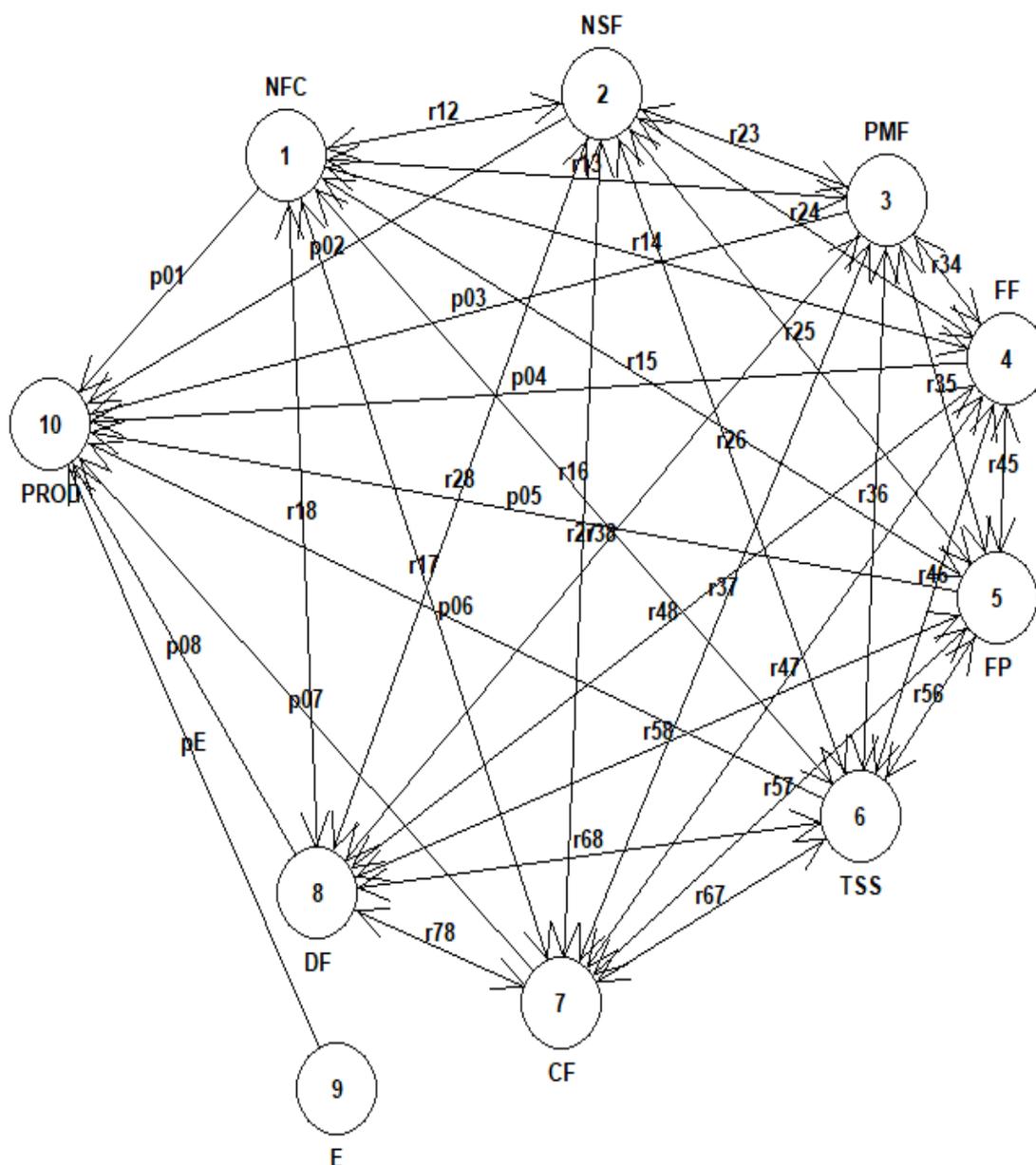


Figura 1. Diagrama causal ilustrativo dos efeitos diretos e indiretos das características número de frutos comerciais - NFC, número de nós sem frutos - NSF, peso médio de fruto - PMF, firmeza do fruto - FF, firmeza da polpa - FP, teor de sólidos solúveis - TSS, comprimento do fruto - CF e diâmetro do fruto - DF sobre a variável produção de frutos por planta – PROD; E = efeito residual.

A estimação dos efeitos diretos e indiretos foi obtida pela solução do seguinte sistema:

$$\begin{bmatrix} r_{01} \\ r_{02} \\ r_{03} \\ r_{04} \\ r_{05} \\ r_{06} \\ r_{07} \\ r_{08} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & r_{12} & r_{13} & r_{14} & r_{15} & r_{16} & r_{17} & r_{18} \\ r_{21} & 1 & r_{23} & r_{24} & r_{25} & r_{26} & r_{27} & r_{28} \\ r_{31} & r_{32} & 1 & r_{34} & r_{35} & r_{36} & r_{37} & r_{38} \\ r_{41} & r_{42} & r_{43} & 1 & r_{45} & r_{46} & r_{47} & r_{48} \\ r_{51} & r_{52} & r_{53} & r_{54} & 1 & r_{56} & r_{57} & r_{58} \\ r_{61} & r_{62} & r_{63} & r_{64} & r_{65} & 1 & r_{67} & r_{68} \\ r_{71} & r_{72} & r_{73} & r_{74} & r_{75} & r_{76} & 1 & r_{78} \\ r_{81} & r_{82} & r_{83} & r_{84} & r_{85} & r_{86} & r_{87} & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{p}_{01} \\ \hat{p}_{02} \\ \hat{p}_{03} \\ \hat{p}_{04} \\ \hat{p}_{05} \\ \hat{p}_{06} \\ \hat{p}_{07} \\ \hat{p}_{08} \end{bmatrix}$$

Tendo esse sistema como referência, foram obtidas as seguintes equações:

$$r_{01} = \hat{p}_{01} + r_{12}\hat{p}_{02} + r_{13}\hat{p}_{03} + r_{14}\hat{p}_{04} + r_{15}\hat{p}_{05} + r_{16}\hat{p}_{06} + r_{17}\hat{p}_{07} + r_{18}\hat{p}_{08} + \hat{p}_{\varepsilon}$$

$$r_{02} = r_{21}\hat{p}_{01} + \hat{p}_{02} + r_{23}\hat{p}_{03} + r_{24}\hat{p}_{04} + r_{25}\hat{p}_{05} + r_{26}\hat{p}_{06} + r_{27}\hat{p}_{07} + r_{28}\hat{p}_{08} + \hat{p}_{\varepsilon}$$

$$r_{03} = r_{31}\hat{p}_{01} + r_{32}\hat{p}_{02} + \hat{p}_{03} + r_{34}\hat{p}_{04} + r_{35}\hat{p}_{05} + r_{36}\hat{p}_{06} + r_{37}\hat{p}_{07} + r_{38}\hat{p}_{08} + \hat{p}_{\varepsilon}$$

$$r_{04} = r_{41}\hat{p}_{01} + r_{42}\hat{p}_{02} + r_{43}\hat{p}_{03} + \hat{p}_{04} + r_{45}\hat{p}_{05} + r_{46}\hat{p}_{06} + r_{47}\hat{p}_{07} + r_{48}\hat{p}_{08} + \hat{p}_{\varepsilon}$$

$$r_{05} = r_{51}\hat{p}_{01} + r_{52}\hat{p}_{02} + r_{53}\hat{p}_{03} + r_{54}\hat{p}_{04} + \hat{p}_{05} + r_{56}\hat{p}_{06} + r_{57}\hat{p}_{07} + r_{58}\hat{p}_{08} + \hat{p}_{\varepsilon}$$

$$r_{06} = r_{61}\hat{p}_{01} + r_{62}\hat{p}_{02} + r_{63}\hat{p}_{03} + r_{64}\hat{p}_{04} + r_{65}\hat{p}_{05} + \hat{p}_{06} + r_{67}\hat{p}_{07} + r_{68}\hat{p}_{08} + \hat{p}_{\varepsilon}$$

$$r_{07} = r_{71}\hat{p}_{01} + r_{72}\hat{p}_{02} + r_{73}\hat{p}_{03} + r_{74}\hat{p}_{04} + r_{75}\hat{p}_{05} + r_{76}\hat{p}_{06} + \hat{p}_{07} + r_{78}\hat{p}_{08} + \hat{p}_{\varepsilon}$$

$$r_{08} = r_{81}\hat{p}_{01} + r_{82}\hat{p}_{02} + r_{83}\hat{p}_{03} + r_{84}\hat{p}_{04} + r_{85}\hat{p}_{05} + r_{86}\hat{p}_{06} + r_{87}\hat{p}_{07} + \hat{p}_{08} + \hat{p}_{\varepsilon}$$

Em que r_{0i} é a decomposição das correlações entre as características; \hat{p}_{0i} são os efeitos diretos de x_i sobre a variável básica; $r_{ij}\hat{p}_{ij}$ são os efeitos indiretos de x_i via y_j ; e \hat{p}_{ε} é o efeito da variável residual sobre a variável principal. As análises para correlação simples e a análise de trilha foram feitas no programa Genes (Cruz, 2013).

Com base nas estimativas dos efeitos diretos e indiretos para a variável principal (produção de frutos), buscou-se verificar se a alta magnitude das correlações entre as características básicas com a variável principal foi devida à contribuição indireta de uma ou mais características, primárias ou secundárias.

3.3.4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.3.4.1 Correlação simples

As estimativas de correlação simples representadas na Tabela 1 mostram que, em geral, os valores de correlação foram baixos, com exceção para as estimativas de correlação entre NFCxPROD (0,71), PMFxCF (0,64), PMFxDF (0,82) e FFxFP (0,65). Porém, mesmo com baixos valores, foi possível identificar 23 correlações significativas.

Tabela 1. Estimativa do coeficiente de correlação simples entre as características produtividade e qualidade de frutos em mamoeiro, em três épocas de avaliação.

	NFC	NSF	PMF	FF	FP	TSS	CF	DF
PROD	0,71**	-0,37**	0,43**	0,08 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,001 ^{ns}	0,35**	0,38**
NFC		-0,50**	-0,13*	0,01 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,16*	-0,11 ^{ns}	-0,09 ^{ns}
NSF			0,25**	0,11 ^{ns}	0,12 ^{ns}	-0,14*	0,25**	0,11 ^{ns}
PMF				0,17**	0,19**	-0,27**	0,64**	0,82**
FF					0,65**	0,05 ^{ns}	0,13*	0,22**
FP						-0,08 ^{ns}	0,24**	0,25**
TSS							-0,18**	-0,13 ^{ns}
CF								0,44**
DF								

NFC: número de frutos comerciais; NSF: número de nós sem frutos; PMF: peso médio de fruto; PROD: produtividade de frutos por planta; FF: firmeza do fruto; FP: firmeza da polpa; TSS: teor de sólidos solúveis; CF: comprimento do fruto; DF: diâmetro do fruto. * e **: significativo a 5 e 1% respectivamente pelo teste *t*.

Segundo Cruz et al. (2012), a magnitude e a direção das correlações devem ser consideradas para a correta interpretação dos dados. As correlações podem apresentar valores positivos, indicando tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta, ou podem apresentar correlação negativas, que evidenciam a possibilidade de uma variável aumentar enquanto a outra diminui (Nogueira et al., 2012). Isso é observado nas estimativas de correlações

obtidas. Quando ocorre aumento no número de frutos comerciais, a produção de frutos também aumenta, quanto aumenta o peso de fruto, a firmeza da polpa e a firmeza de fruto aumentam também, assim como com o aumento no comprimento e o diâmetro de fruto, o peso de fruto também aumenta. Isso ocorre devido a estas características serem correlacionadas positivamente. Resultados semelhantes foram observados por Jambhale et al. (2014), que concluíram que a produção de frutos por planta apresentou correlação altamente significativa e positiva com o número de frutos por planta (0,823) e o diâmetro do fruto (0,664).

Correlações negativas foram observadas para a taxa de esterilidade de frutos (nós sem frutos). Quando a esterilidade for elevada, ocorre diminuição no número de frutos comerciais e na produção de frutos por planta (Tabela 1). A ausência de correlação entre produção e qualidade de frutos é positiva, indicando que o aumento na produção não prejudica a seleção para qualidade de frutos.

3.3.4.2 Análise de trilha

O diagnóstico de multicolinearidade feito com base na correlação simples resultou num número de condição (NC) de 34,5, indicando multicolinearidade fraca (Montgomery & Peck, 1981). Consequentemente, não houve superestimativa dos coeficientes de correlação de trilha neste trabalho, não tendo, portanto, sido descartadas as características multicolineares. De acordo com Santos et al. (2017), somente uma multicolinearidade severa superestima tanto os valores dos coeficientes de correlações simples quanto os efeitos diretos das características, estimados por meio da análise de trilha.

Verificou-se que o diagrama utilizado permitiu explicar 83% (R^2) da variação na produção de frutos (Tabela 2). Foram observados efeitos diretos e positivos das características NFC, PMF, FP, TSS, CF e DF sobre a variável dependente PROD, embora FP, TSS, CF e DF tenham apresentado pequeno efeito direto, abaixo de 19%.

Tabela 2. Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos componentes primários número de frutos comerciais -NFC, número de nós sem frutos – NSF, peso médio de fruto – PMF, firmeza de fruto – FF, firmeza de polpa – FP, teor de sólidos solúveis – TSS, comprimento do fruto – CF e comprimento do fruto – CF sobre a característica principal produção de frutos por planta – PROD.

Características	Efeito direto	Efeitos indiretos								Totais
		NFC	NSF	PMF	FF	FP	TSS	CF	DF	
NFC	0,707		0,087	-0,061	-0,0001	-0,0008	0,004	-0,021	-0,0003	0,714
NSF	-0,173	-0,356		0,113	-0,002	0,0016	-0,003	-0,003	-0,003	-0,373
PMF	0,453	-0,095	-0,043		-0,003	0,006	0,003	0,121	0,003	0,431
FF	-0,018	0,006	-0,019	0,078		0,009	0,001	0,025	0,025	0,083
FP	0,014	-0,041	-0,020	0,084	-0,012		-0,002	0,046	0,0008	0,070
TSS	0,022	0,115	0,023	-0,121	-0,0008	-0,001		-0,034	-0,0004	0,004
CF	0,188	-0,080	-0,043	0,290	-0,002	0,003	-0,004		0,001	0,354
DF	0,003	-0,061	-0,019	0,372	-0,004	0,003	-0,003	0,084		0,375
R ²	0,83									
Efeito residual	0,41									

Os maiores efeitos diretos positivos sobre a produtividade de frutos de mamão foram expressos pelas características NFC (0,707) e PMF (0,453), cujos valores obtidos foram de magnitude igual e de mesmo sinal dos coeficientes de correlação total. Os maiores efeitos indiretos foram observados para PMF via CF (29%) e DF (37,2%). Mahesh et al. (2014) também relatam que o peso de fruto foi uma das características que apresentam efeito direto sobre a produção de frutos por planta. Jana et al. (2005) verificaram que o peso médio de fruto e o número de frutos comerciais apresentam efeito direto positivo sobre a produção de frutos por planta.

Entre os componentes primários da produção de frutos, o número de frutos comerciais, o peso médio, o comprimento e diâmetro de fruto foram as características com maior potencial para a seleção e a identificação de genótipos superiores para a produção de frutos em mamoeiro.

O modelo de análise de trilha não explicou bem o efeito das características relacionadas à qualidade de frutos, como firmeza de fruto, firmeza de polpa e teor de sólidos solúveis, sobre a característica principal produção de frutos, embora essas características tenham alta correlação significativa, elas apresentam baixo efeito direto. De acordo com Cruz et al. (2012) características com alta correlação e baixo efeito direto indicam que a seleção truncada na variável auxiliar pode proporcionar ganhos satisfatórios na variável principal. Neste caso, a melhor estratégia é a seleção simultânea de várias características, com ênfase também naqueles cujos efeitos indiretos sejam significativos.

Do ponto de vista do melhoramento, a seleção de genótipos com alta produtividade e qualidade de frutos deve ser baseada em todas as características. Uma alternativa para a seleção de genótipos produtivos com qualidade de frutos é a utilização da seleção combinada, que tem por objetivo reunir em um mesmo genótipo várias características de interesse (Silva et al., 2008; Ramos et al., 2014).

3.3.5 CONCLUSÕES

Com respaldo na análise de correlação, foi possível identificar estimativas com significância entre o número de frutos comerciais e peso médio de fruto, o que pode indicar um ganho positivo na seleção conjunta.

As características número de frutos comerciais e peso de fruto foram as principais determinantes das variações ocorridas sobre a produção por planta.

Os dados de análise de trilha não explicam os efeitos da qualidade de frutos sobre a produtividade, sendo necessária uma seleção baseada em todas as características, principalmente de forma combinada, via índices de seleção.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Ajmal, S.U., Minhas, N.M., Hamdani, A., Shakir, A., Zubairand, M., Ahmad, Z. (2013) Multivariate analysis of genetic divergence in wheat (*Triticum aestivum*) germplasm. *Pakistan Journal of Botany* 45:1643-1648.
- Ali, M.A., Jabran, K., Awan, S.I., Abbas, A., Zulkiffal, M., Acet, T., Farooq, J., Rehman, A. (2011) Morpho-physiological diversity and its implications for improving drought tolerance in grain sorghum at different growth stages. *Australian Journal of Crop Science* 5(3):311-320.
- Alcoforado, A.T.W., Pedrozo, C.A., Mayer, M.M., Lima-Primo, H.V. (2019) Repeatability of morpho-agronomic characters of *Theobroma grandiflorum* fruits. *Revista Brasileira de Fruticultura* 41(2):e-142.
- Alvares, C.A., Stape, J.L., Sentelhas, P.C., Gonçalves, J.L.M. Sparovek, G. (2013) Koppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift* 22:711-728.
- Assefa, W., Ayele, L., Dagneu, A., Etissa, E., Kebede, G., Damtew, M., Ayalew, M. (2016) Variability, association and path coefficient analysis of yield and yield components of dioecious papaya genotypes in Ethiopia. *International Journal of Research in Agriculture and Forestry* 3(10):8-14.
- Badillo, V. M. (1971) *Monografía de la familia Caricaceae. Maracay -Venezuela:* Editorial Nuestra América C.A., 221p.

- Badillo, V.M. (2000) *Carica* L. vs *Vasconcella* St. Hil. (*Caricaceae*): con la rehabilitación de este último. *Ernstia* 10:74-79.
- Barbosa, C.D., Viana, A.P., Quintal, S.S.R., Pereira, M.G. (2011) Artificial neural network analysis of genetic diversity in *Carica papaya* L.. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 11: 224-231.
- Barragán-Iglesias, J., Méndez-Lagunas, L.L., Rodríguez-Ramírez, J. (2018) Ripeness indexes and physicochemical changes of papaya (*Carica papaya* L.cv. Maradol) during ripening on-tree. *Scientia Horticulturae* 236:272-278.
- Barros, G.B., Aredes, F.A.S., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Pereira, M.G. (2017) Combining ability of recombinant lines of papaya from backcrossing for sexual conversion. *Revista Ciência Agronômica* 48:166–174.
- Blas, A.L., Ming, R., Liu, Z., Veatch, O.J., Paull, R.E., Moore, P.H., Yu, Q. (2010) Cloning of the Papaya Chromoplast-Specific Lycopene β -Cyclase, *CpCYC-b*, Controlling Fruit Flesh Color Reveals Conserved Microsynteny and a Recombination Hot Spot^{1[W][OA]}. *Plant Physiology* 152:2013–2022.
- Borém, A., Miranda, G. V. (2009) *Melhoramento de Plantas*. 5° ed., Viçosa, MG, UFV, 529 p.
- Cardoso, D.L., Luz, L.N., Macêdo, C.M.P., Gonsalves, L.S.A., Pereira, M.G. (2014) Heterosis in papaya: inter and intragroup analysis. *Revista Brasileira de Fruticultura* 36:610-619.
- Carvalho, F. A., Renner, S. S. (2014) “*The phylogeny of the Caricaceae,*” in *Genetics and Genomics of Papaya*. Eds Ming, R., Moore, P.H. (New York, NY: Springer), 81–94.
- Castellen, M. S., Ledo, C. A. S., Oliveira, E. J., Monteiro Filho, L. S., Dantas, J. L. L. (2007) Caracterização de acessos do banco ativo de germoplasma de mamão por meio de análise multivariada. *Magistra* 4:299-303.
- Cavalcante, N.R., Viana, A.P., Almeida Filho, J.E., Pereira, M.G., Ambrósio, M., Santos, E.A., Ribeiro, R.M., Rodrigues, D.L., Sousa, C.M.B. (2019) Novel selection strategy for half-sib families of sour passion fruit *Passiflora edulis* (Passifloraceae) under recurrent selection. *Genetic and Molecular Research* 18(2):gmr18305

- Chávez-Pesqueira, M., Núñez-Farfán, J. (2017) Domestication and Genetics of Papaya: A Review. *Frontiers in Ecology and Evolution* 5:155.
- Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Barros, G.B.A., Arêdes, F.A.S., Silveira, S.F., Ferregueti, G.A., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. 2017. Model-assisted phenotyping by digital images in papaya breeding program. *Scientia Agricola* 74:294-302.
- Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Azevedo, A.O.N., Poltronieri, T.P.S., Vettorazzi, J.C.F., Moreira, N.F., Ferregueti, G.A., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2018) Papaya recombinant inbred lines selection by image-based phenotyping. *Scientia Agricola* 75(3):208-215.
- Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2019) Development of superior lines of papaya from the Formosa group using the pedigree method and REML/Blup procedure. *Bragantia* 78: 1-11.
- Costa, N.H.A.D., Seraphin, J.C., Zimmermann, F.J.P. (2002) Novo método de classificação de coeficientes de variação para a cultura do arroz de terras altas. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 37:243-249.
- Costa, P.M.A., Almeida, C.F., Silveira, G., Soares, B., Baffa, D.C.F., Peternelli, L.A., Bhering, L.L., Barbosa, M.H.P. (2014) Selfing confirmation in sugarcane by using simple sequence repeat markers: an individual reciprocal recurrent selection scheme. *Genetics and Molecular Research* 13(4):8962-8970.
- Cruz, C.D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy* 35: 271–276.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Editora UFV, v. 2. 514 p.
- Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2004) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3° 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.

- Chaudhary, D., Srivasta, D.P., Ghosh, A.K., Seethara, R. (1973) Genetic variability and correlation for yield components in rice. *Indian Journal of Agricultural Science* 43:181–184.
- Damasceno Junior, P.C., Costa, F.R., Pereira, T.N.S., Neto, M.F., Pereira, M.G. (2009a) Karyotype determination in three Caricacea species emphasizing the cultivated form (*Carica papaya* L.). *Caryologia* 62:10-15.
- Damasceno Junior, P.C., Pereira, T.N.S., Pereira, M.G., Silva, F.F., Souza, M.M., Nicoli, R.G. (2009b) Preferential reproduction mode of hermaphrodite papaya plant (*Carica papaya* L.; Caricaceae). *Revista Brasileira de Fruticultura* 31(1):182-189.
- Damasceno Junior, P.C., Pereira, T.N.S., Neto, M.F., Pereira, M.G. (2010) Meiotic behavior of *Carica papaya* and *Vasconcellea monoica*. *Caryologia* 63:229-236.
- Damasceno Junior, P.C., Pereira, T.N.S., Silva, F.F., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2008) Comportamento floral de híbridos de mamoeiro (*Carica papaya* L.) avaliados no verão e na primavera. *Revista Ceres* 55(4):310-316.
- Dantas, J.L.L. (2000) Introdução. In: TRINDADE, A. V. *Mamão Produção: aspectos técnicos*. 1ª ed. 98 Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, p. 9-9.
- Dantas, J.L.L., Lima, J.F. (2001) Seleção e recomendação de variedades de mamoeiro: avaliação de linhagens e híbridos. *Revista Brasileira de Fruticultura* 3:617-621.
- Emede, T.O., Ajayo, B.S., Agho, C. (2017) Genetic diversity and variability among papaya (*Carica papaya* L.) genotypes using multivariate analysis. *International Journal of Plant Soil & Science* 15(2):1-9.
- Falconer, D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. Editora UFV, Viçosa, 279p.
- Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996) *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th.ed. Edinburgh: Longman, 464p.
- FAOSTAT (2019) Food and Agriculture Organization of the United Nations. *Crops production*. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>> . Acesso em: 22 ago, 2019.

- Ferreira, R.T., Viana, A.P., Silva, F.H.L., Santos, E.A., Santos, J.O. (2016a) Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. *Revista Brasileira de Fruticultura* 38:158-166.
- Ferreira, J.P., Schmildt, E.R., Schmildt, O., Cattaneo, L.F., Alexandre, R.S., Cruz, C.D. (2016b) Comparison of methods for classification of the coefficient of variation in papaya. *Revista Ceres* 63(2):138-144.
- Ferreira, J.P., Schmildt, O., Schmildt, E.R., Piantavinha, W.de.C., Cattaneo, L.F. (2012) Correlações entre características morfo-agronômicas de acessos de mamoeiro. *Enciclopédia Biosf* 8:246–257.
- Fraire Filho, G.A., Dantas, J.L.L., Leite, J.B.V., Oliveira, J.R.P. (2001) Avaliação de variedades de mamoeiro no extremo sul da Bahia. *Magistra* 1:37-41.
- Freiria, G.H., Perini, L.S., Zeffa, D.M., Novais, P.S., Lima, W.S., Gonçalves, L.S.A., Prete, C.E.C. (2019) Comparison of non-parametric indexes to select soybean genotypes obtained by recurrent selection. *Semina: Ciências Agrárias* 40(5):1761-1774.
- Freitas Júnior, S.P., Amaral Júnior, A.T., Rangel, R.M., Viana, A.P. (2009) Genetic gain prediction on UNB-2U popcorn population under recurrent selection by using different selection indexes. *Semina: Ciências Agrárias* 30:803-814.
- Ganopoulos, I., Moysiadis, T., Xanthopoulou, A., Ganopoulou, M., Avramidou, E., Aravanopoulos, F.A., Tani, E., Madesis, P., Tsiftaris, A., Kazantzis, K. (2015) Diversity of morpho-physiological traits in worldwide sweet cherry cultivars of GeneBank collection using multivariate analysis. *Scientia Horticulturae* 197:381–391.
- Ganopoulos, I., Moysiadis, T., Xanthopoulou, A., Osathanunkul, M., Madesis, P., Zambounis, A., Avramidou, E., Aravanopoulos, F.A., Tsiftaris, A., Sotiropoulos, T., Chatzicharisis, I., Kazantzis, K. (2016) Morpho-physiological diversity in the collection of sour cherry (*Prunus cerasus*) cultivars of the Fruit Genebank in Naoussa, Greece using multivariate analysis. *Scientia Horticulturae* 207:225-232.
- Hallauer, A.R., Miranda Filho, J.B., Carena, M.J. (2010) *Quantitative genetics in maize breeding*. Springer, New York, 663p.

- Hofmyer, J.D.J. (1938) Genetical studies of *Carica papaya* L. *So. Afr. Dept. Agr. and For. Sci. Bui.* 187. 64pp.
- Hazel, L.N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28:476-490.
- Hofmeyr, J.D.J (1938) Genetical studies of *Carica papaya* L. *South African Journal of Science* 35:300–304
- Huerta-Ocampo, J.Á., Osuna-Castro, J.A., Lino-López, G.J., Barrera- Pacheco, A., Mendoza-Hernández, G., De León-Rodríguez, A., Barba de la Rosa, A.P. (2012) Proteomic analysis of differentially accumulated proteins during ripening and in response to 1-MCP in papaya fruit. *Journal of Proteomics* 77:2160–2169.
- Hull FH (1945) Recurrent selection for specific combining ability in corn. *Journal of the american society of agronomy* 37:134-145.
- IBGE. (2019) *Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística*. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/>. Acessado em 22 de agosto de 2019.
- Ide, C.D., Pereira, M.G., Viana, A.P., Pereria, T.N.S. (2009) Use of testers for combining ability and selection of papaya hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 1:60-66.
- Jambhale, V.M., Kute, N.S., Pawar, S.V. (2014) Studies on genetic variability parameters, character association and path analysis among yield and yield contributing traits in papaya (*Carica papaya* L.). *The Bioscan* 9(4):1711-1715.
- Jana, B.R., Rai, M., Das, B., Nath, V. (2005) Genetic variability and association of component for fruit yield in papaya (*Carica papaya* L.). *The Orissa Journal of Horticulture* 33:90-95.
- Jeffer, J.N.R. (1967) Two case studies in the application of principal component analysis. *Journal of the Royal Statistical Society: Series C (Applied Statistics)* 16: 225-236.
- Jolliffe, I.T. (2002) *Principal Component Analysis*. 2nd Edn., Springer-Verlag, New York, USA.
- Khadivi, A. (2018) Phenotypic characterization of *Elaeagnus angustifolia* using multivariate analysis. *Industrial Crops & Products* 120:155-161.

- Khadivi-Khub, A., Jafari H.R., Zamani, Z. (2013) Phenotypic and genotypic variation in Iranian sour and duke cherries. *Trees* 27:1455–1466.
- Kumar, S., Volz, R.K., Alspach, P.A., Vincent, G.M.B. (2010) Development of a recurrent apple breeding programme in New Zealand: a synthesis of results, and a proposed revised breeding strategy. *Euphytica* 173:207–222.
- Li, Y.S., Du, M., Zhang, Q.Y., Hashemi, M., Liu, X.B., Hebert, S.J. (2013) Correlation and path coefficient analysis for yield components of vegetable soybean in Northeast China. *Legumes Research* 36:284–288.
- Lingle, S.E., Johnson, R.M., Tew, T.L., Viator, R.P. (2010) Changes in juice quality and sugarcane yield with recurrent selection for sucrose. *Field Crops Research* 118:152–157.
- Leão, P.C.S., Nunes, B.T.G., Souza, E.M.C. (2018) Repeatability coefficients and genetic gains in table grape progenies for the Brazilian semi-arid region. *Scientia Agricola* 75(50):387-392.
- Luciano-Rosario, D., Cruz-Saavedra, L.A., Siritunga, D. (2018) Genetic Diversity of Puerto Rican Farmer-held Papaya (*Carica papaya*) Using SSR Markers. *Hortscience* 53(8):1109-1114.
- Lúcio, A.D.C., Stork, L., Krause, W., Gonçalves, R.Q., Nied, A.H. (2013) Relações entre os caracteres de maracujazeiro azedo. *Ciência Rural* 43:225-232.
- Luz, L.N.Da., Pereira, M.G., Barros, F.R., Barros, G.B.A., Ferregueti, G.A. (2015) Novos híbridos de mamoeiro avaliados nas condições de cultivo tradicional e no semiárido brasileiro. *Revista Brasileira de Fruticultura* 37:159-171.
- Luz, L.N., Santa-Catarina, R., Barros, G.B.A., Barros, F.R., Vettorazzi, J.C.F., Pereira, M.G. (2018a) Adaptability and stability of papaya hybrids affected by production seasonality. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 18:357-364.
- Luz, L.N.Da., Vettorazzi, J.C.F., Santa-Catarina, R., Barros, F.R., Barros, G.B.A., Pereira, M.G., Cardoso, D.L. (2018b) Sensory acceptance and qualitative analysis of fruits in papaya hybrids. *Anais da Academia Brasileira de Ciências* 90:3693-3703.

- Mahesh, K., Yogesh, P., Singh, K.V., Ankur, K., Singh, A. (2014) Studies on path coefficient analysis in papaya (*Carica papaya* L.). *Progressive Agriculture* 14:185-188.
- Malik, R., Sharma, H., Sharma, I., Kundu, S., Verma, A., Sheoran, S., Kumar, R., Chatrath, R. (2014) Genetic diversity of agro-morphological characters in Indian wheat varieties using GT biplot. *Australian Journal of Crop Science* 8:1266-271.
- Marin, S.L.D., Pereira, M.G., Amaral Junior, A.T., Marteletto, L.A.P., Ide, C.D. (2006a) Heterosis in papaya hybrids from partial diallel of Solo and Formosa parents. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 1:24-29.
- Marin, S.L.D., Pereria, M.G., Amaral Junior, A.T., Marteletto, L.A.P., Ide, C.D. (2006b) Partial diallel to evaluate the combining ability for economically important traits of papaya. *Scientia Agricola* 6:540-546.
- Ming, R., Yu, Q., Moore, P.H. (2007) Sex determination in papaya. *Seminars in Cell & Developmental Biology* 18(3):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. (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.
- Molenaar, W.S., Schipprack, W., Brauner, P.C., Melchinger, A.E. (2019) Haploid male fertility and spontaneous chromosome doubling evaluated in a diallel and recurrent selection experiment in maize. *Theoretical and Applied Genetics* 132:2273–2284.
- Montgomery, D.C., Peck, E.A. (1981) *Introduction to linear regression analysis*. New York: John Wiley, 504p.
- 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

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., 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.

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.

Mulamba, N.N., Mock, J.J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt Journal of Genetics and Cytology* 7:40-51.

Nascimento, A.L., Schimdt, O., Ferregueti, G.A., Krause, W., Schimdt E.R., Cavatte, P.C., Amaral, J.A.T. (2019) Genetic diversity of segregating *Carica papaya* genotypes using the Ward-MLM strategy. *Genetic and Molecular Research* 18(2): gmr18186.

Neves, L.G., Bruckner, C.H., Cruz, C.D., Barelli, M.A.A. (2010) Avaliação da repetibilidade no melhoramento de famílias de maracujazeiro. *Revista Ceres* 57(4):480-485.

Negreiros, J.R.da.S., Neto, R.deC.A., Miqueloni, D.P., Lessa, L.S. (2014) Estimativas de repetibilidade para caracteres de qualidade de frutos de laranja doce. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 49(1):40- 48.

Nogueira, A.P.O., Sedyama, T., Sousa, L.B. de., Hamawaki, O.T., Cruz, C.D., Pereira, D.G., Matsuo, É. (2012) Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. *Bioscience Journal* 28:877–888.

Oliveira, E.J.de., Silva, A.S., Carvalho, A.M., Santos, L.F., Costa, J.L., Amorim, V.B.O., Dantas, J.L.L. (2010a) Polymorphic microsatellite marker set for *Carica papaya* L. and its use in molecular-assisted selection. *Euphytica* 173:279-287.

Oliveira, E.J.de., Lima, D.S.de., Lucena, R.S., Motta, T.B.N., Dantas, J.L.L. (2010b) Correlações genéticas e análise de trilha para número de frutos comerciais por planta em mamoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 45:855-862.

- Oraguzie, N.C., Whitworth, C., Fraser, J., Alspach, P.A., Morgan, C.G.T. (2003). First generation of recurrent selection in apple: Estimation of genetic parameters. *Acta Horticulturae* 538:191-195.
- Paiva, C.L., Viana, A.P., Santos, E.A., Freitas, J.C.O., Amaral Junior, A.T. (2016) Genetic gain estimated by different selection criteria in guava progenies. *Bragantia* 75:418-427.
- 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.
- 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, A.V., Vencovsky, R., Cruz, C.D. (1992) Selection of botanical and agronomical descriptors for the characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm. *Revista Brasileira de Genética* 15:115–124.
- Pinto, F.O., Luz, L.N., Pereira, M.G., Cardoso, D.L., Ramos, H.C.C. (2013) Metodologia dos modelos mistos para seleção combinada em progênes segregantes de mamoeiro. *Agrária* 8:211-217.
- Pires, M.R.G., Horst, B.C.H., Pereira, S.D.F., Carneiro, P.C.S., Silva, J.O.C. (2015) Repetibilidade de caracteres de fruto em pessegueiro. *Revista Brasileira de Fruticultura* 37(4):1001-1008.

- Quintal, S.S.R., Viana, A.P., Gonçalves, L.S.A., Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T. (2012) Divergência genética entre acessos de mamoeiro por meio de variáveis morfoagronômicas. *Semina: Ciências Agrárias* 33:131-142.
- Ramalho, M.A.P., Abreu, A.F.B., Santos, J.B., Nunes, J.A.R. (2012) *Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas*. Lavras MG: UFLA, 522p.
- Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Gonçalves, L.S.A., Berilli, A.P.C.G., Pinto, F.O., Ribeiro, E.H. (2012) Multivariate analysis to determine the genetic distance among backcross papaya (*Carica papaya* L.) progenies. *Genetics and Molecular Research* 11(2):1280-1295.
- Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Viana, A.P., Luz, L.N., Cardoso, D.L., 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.
- Rangel, R.M., Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, L.S., Freitas Júnior, S.P., Candido, L.S. (2011) Biometric analysis of selection gains in popcorn population of the fifth cycle of recurrent selection. *Revista Ciência Agronômica* 42:473-481.
- Rembe, M., Zhao, Y., Jiang, Y., Reif, J.C. (2019) Reciprocal recurrent genomic selection: an attractive tool to leverage hybrid wheat breeding. *Theoretical and Applied Genetics* 132:687–698.
- Resende, M.D.V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 16:330-339.
- Saito, T., Takada, N., Kato, H., Terakami, S., Nishio, S. (2019) Variação genotípica e componentes de variância ambiental da composição do açúcar em frutos de pera japoneses. *HortScience* 54(9):1465-1469.
- Sales, W.da.S., Ishikawa, F.H., Souza, E.M.C., Nascimento, J.H.B., Souza, E.R., Leão, P.C.de.S. (2019) Estimates of repeatability for selection of genotypes of seedless table grapes for Brazilian semiarid regions. *Scientia Horticulturae* 245:131-136.
- Sánchez, C.F.B., Alves, R.S., Garcia, A.P., Teodoro, P.E., Silva, L.A., Bhering, L.L., Resende, M.D.V. (2017) Estimates of repeatability coefficients and the

number of the optimum measure to select superior genotypes in *Annona muricata* L. *Genetic and Molecular Research* 16:1–8.

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. *Genetic and Molecular Research* 16(2):gmr16029681.

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., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C., Ferregueti, G.A., Pereira, M.G. (2018) Image-based phenotyping of morpho-agronomic traits in papaya fruits (*Carica papaya* L. THB var.). *Australian Journal of Crop Science* 12(11):1750-1756.

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. (2020) Papaya (*Carica papaya* L.) S1 family recurrent selection: Opportunities and selection alternatives from the base population. *Scientia Horticulturae* 260:108848.

Santos, F.S., Amaral Júnior, A.T., Freitas Júnior, S.P., Rangel, R.M., Pereira, M.G. (2007) Predição de ganhos genéticos por índices de seleção na população de milho-pipoca unB-2u sob seleção recorrente. *Bragantia* 66(3):389-396.

Saran, P.L., Choudhary, R., Solanki, I.S., Patil, P., Kumar, S. (2015) Genetic variability and relationship studies in new Indian papaya (*Carica papaya* L.) germplasm, using morphological and molecular markers. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry* 39:310-321.

Silva, M.G.M., Viana, A.P., Gonçalves, G.M., Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G. (2009) Intrapopulation recurrent selection in yellow passion fruit: alternative to accumulate genetic gains. *Ciência e agrotecnologia* 33:170-176.

Silva, F.F., Pereira, M.G., Damasceno Júnior, P.C., Pereira, T.N.S., Viana, A.P., Daher, R.F., Ramos, H.C.C., Ferregueti, G.A. (2007a) Evaluation of the sexual

expression in segregation BC1 papaya population. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 7:16-23.

Silva, F.F., Pereira, M.G., Ramos, H.C.C., Damasceno Júnior, P.C., Pereira, T.N.S., Ide, C.D. (2007b) Genotypic correlations of morpho-agronomic traits in papaya and implications for genetic breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 7:345-352.

Silva, F.F., Pereira, M.G., Ramos, H.C.C., Damasceno Júnior, P.C., Pereira, T.N.S., Gabriel, A.P.C., Viana, A.P., Ferregueti, G.A. (2008) Selection and estimation of the genetic gain in segregating generations of papaya (*Carica papaya* L.). *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 8: 1-8.

Silva, F.H.L., Viana, A.P., Santos, E.A., Freitas, J.C.O., Rodrigues, D.L., Amaral Júnior, A.T. (2017) Prediction of genetic gains by selection indexes and REML/BLUP methodology in a population of sour passion fruit under recurrent selection. *Acta Scientiarum Agronomy* 39:183-190.

Clemilton Alves da Silva, A.C., Schimdt, E.R., Schimdt, O., Alexandre, R.E., Cattaneo, L.F., Ferreira, J.P., Nascimento, A.L. (2016) Correlações fenotípicas e análise de trilha em caracteres morfoagronômicos de mamoeiro. *Revista Agro@ambiente* 10(3):217-227.

Smiderle, É.C., Furtini, I.V., Silva, C.S.C., Botelho, F.B.S., Resende, M.P.M., Botelho, R.T.C., Filho, J.M.C., Castro, A.P., Utumi, M.M. (2019) Index selection for multiple traits in upland rice progenies. *Revista de Ciências Agrárias* 42:4-12.

Smith, H.F. (1936) A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics* 7:240-250.

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 relationships of the papaya. In: Papaya production in the Hawaiian Islands. *Hawaii Agricultural Experiment Station* 87:5-22.

Storey, W.B. (1953) Genetics of the papaya. *Journal of Heredity* 44(2):70-78.

- Syaffi, M., Cartika, I., Ruswandi, D. (2015) Multivariate analysis of genetic diversity among some maize genotypes under aze-Albizia cropping system in Indonesia. *Asian Journal of Crop Science* 7(4):244-255.
- Teixiera, D.H.L., Oliveira, M. do S.P. de., Gonçalves, F.M.A., Nunes, J.A.R. (2012) Correlações genéticas e análise de trilha para componentes da produção de frutos de açaizeiro. *Revista Brasileira de Fruticultura* 34:1135-1142.
- Vale, J.C., Silva, P.S.P., Fialho, G.S., Mariguelo, K.H., Fritsche-Neto, R. (2011) Repeatability and number of growing seasons for the selection of custard apple progenies. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 11:59-63.
- Vázquez, M., Zavala, M., Contreras, F., Espadas, F., Navarrete, A., Sánchez, L., Santamaria, J.M. (2014) New cultivars derived from crosses between commercial cultivar and a wild population of Papaya rescued at its center of origin. *Journal of Botany* 2014:1-10.
- Viana, A.P., Resende, M.D.V. (2014) *Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras*. 1. ed. Rio de Janeiro: Interciência. 282p.
- Vivas, M., Silveira, F.V., Vivas, J.M.S., Viana, A.P., Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G. (2014a) Seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência à mancha-de-phoma via modelos mistos. *Bragantia* 73(4):446-450.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Vivas, J.M.S., Pereira, M.G. (2013a) Prediction of genetic gain and progenies selection of papaya for resistance to black-spot. *Tropical Plant Pathology* 38:142-148.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Amaral Júnior, A.T., Cardoso, D.L., Pereira, M.G. (2013b) Inheritance of papaya resistance to fungal disease based on Hayman's diallel analysis. *Bragantia* 72:332-337.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Vivas, J.M.S., Pereira, M.G. (2012). Pathometry, genetic parameters and papaya progenies reaction to black-spot disease. *Bragantia* 71: 235-238.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Terra, C.E.P.S., Pereira, M.G. (2010) Reação de germoplasma e híbridos de mamoeiro à mancha-de-phoma (*Phoma caricae-papayae*) em condições de campo. *Tropical Plant Pathology* 35(5):323-328.

- Vivas, M., Silveira, S.F., Viana, A.P., Amaral Junior, A.T., Cardoso, D.L., Pereira, M.G. (2014b) Efficiency of circulant diallels via mixed models in the selection of papaya genotypes resistant to foliar fungal diseases. *Genetics and Molecular Research* 13:4797-4804.
- Vivas, M., Cardoso, D.L., Ramos, H.C.C., Santos, P.H.D., Silveira, S.F., Moraes, R., Pereira, M.G. (2018) Genetic diversity between papaya lines and their correlation with heterosis in hybrids for disease resistance and morpho-agronomic traits. *Summa Phytopathologica* 44(2):110-115.
- Wright, S. (1921) Wright_Correlation and Causation.pdf. *Journal of Agricultural Research* 20:557–585.
- Wright, S. (1923) The theory of path coefficients a reply to niles's criticism. In: *Genetics*. p.239–255.
- Zou, S., Yao, X., Zhong, C., Zhao, T, Huang, H. (2019) Effectiveness of recurrent selection in *Akebia trifoliata* (Lardizabalaceae) breeding. *Scientia Horticulturae* 246:79–85.