

**CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR EM MAMOEIRO VISANDO A
SELEÇÃO E PURIFICAÇÃO DE LINHAGENS GENITORAS DE
HÍBRIDOS COMERCIAIS**

ALEX SOUZA RODRIGUES

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

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO - 2021**

**CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR EM MAMOEIRO VISANDO A
SELEÇÃO E PURIFICAÇÃO DE LINHAGENS GENITORAS DE
HÍBRIDOS COMERCIAIS**

ALEX SOUZA RODRIGUES

“Dissertação 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 Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Orientadora: Prof.^a Helaine Christine Cancela Ramos

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO - 2021

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

R696

Rodrigues, Alex Souza.

Caracterização molecular em mamoeiro a visando seleção e purificação de linhagens genitoras de híbridos comerciais / Alex Souza Rodrigues. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2021.

70 f. : il.

Bibliografia: 32 - 42.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2021.

Orientadora: Helaine Christine Cancela Ramos.

1. *Carica papaya* L.. 2. Variabilidade genética. 3. Marcadores microssatélites. 4. Purificação genética. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR EM MAMOEIRO VISANDO A
SELEÇÃO E PURIFICAÇÃO DE LINHAGENS GENITORAS DE
HÍBRIDOS COMERCIAIS


ALEX SOUZA RODRIGUES


“Dissertação 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 Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.”

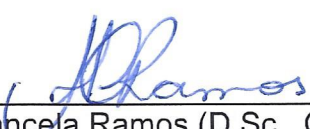
Aprovado em 24 de fevereiro de 2021

Comissão Examinadora:


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


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


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


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

DECLARAÇÃO

Aos meus pais, Alessandra Lima e Antonio Rodrigues Neto, às minhas irmãs, Michelle e Aline, às minhas sobrinhas e aos meus tios e primos por todo carinho e amor.

Dedico esta conquista!!!

AGRADECIMENTOS

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), pela oportunidade de realização do curso.

À Caliman Agrícola S/A, pelo suporte e pela infraestrutura para a realização deste trabalho.

À minha brilhante orientadora, professora doutora Helaine Christine Cancela Ramos, pelos ensinamentos, pela confiança e atenção na condução e no desenvolvimento deste trabalho.

Aos professores do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV), em especial, aos meus conselheiros Dr. Messias Gonzaga Pereira e Dr.^a Telma Nair Santana Pereira, pelas valiosas contribuições.

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

Aos colegas de laboratório, pela amizade e pela agradável convivência durante o período de mestrado, em especial, à Adriana, ao Renato, ao Julio, ao Izaias e à Rafaela.

A todos os meus amigos, em especial, ao Uéliton, Daniel, à Catiane, Katia, ao Leandro, à Helena, Adrielen, Rosimara, Rosimeire e Rosiele, por estarem sempre presentes durante todo esse período de qualificação.

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

Ao secretário do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PPGMP), Daniel, pela atenção, pela dedicação, pelo auxílio nos momentos burocráticos e pela amizade.

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

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

SUMÁRIO

RESUMO	viii
ABSTRACT	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1 Geral.....	4
2.2 Específicos	4
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	5
3.1 Aspectos gerais do mamoeiro.....	5
3.2 Importância da cultura	7
3.3 Melhoramento genético do mamoeiro.....	9
3.4 Marcadores moleculares.....	10
4. MATERIAL E MÉTODOS	12
4.1 Coleta de material genético	12
4.2 Isolamento de DNA genômico	13
4.3 Análise molecular via PCR	14
4.4 Análise estatística	19
5. RESULTADOS	21
5.1 Análise molecular da variabilidade intragenotípica	21
5.2 Análise molecular para a população.....	25
6. DISCUSSÃO	29
7. CONCLUSÕES	31
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	32

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Representação dos genótipos selecionados de *C. papaya*. **A:** genótipo 'Sekati'; **B:** genótipo SS-72/12; **C:** genótipo JS-12G; e **D:** genótipo JS-12P. 13
- Figura 2.** Qualidade do DNA extraído para o genótipo JS-12G..... 13
- Figura 3.** Esquema representando as análises em bulks para a seleção dos locos polimórficos. 18
- Figura 4.** Dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA com base na análise de 100 genótipos da linhagem JS-12 G (coeficiente de correlação cofenética = 0,77).....23
- Figura 5.** Dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA com base na análise de 100 genótipos da linhagem JS-12 P (coeficiente de correlação cofenética = 0,84).....23
- Figura 6.** Dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA com base na análise de 100 genótipos da linhagem Sekati (coeficiente de correlação cofenética = 0,86).....24
- Figura 7.** Análise de coordenadas principais baseada na distância genética obtida pelo Índice não Ponderado (Cruz, 2013). A: JS-12 G, B: JS-12 P e C: Sekati. 25
- Figura 8.** Dendrograma UPGMA com base na análise de 400 genótipos de mamoeiro baseado na distância genética obtida pelo Índice não Ponderado (Cruz, 2013) (coeficiente de correlação cofenética = 0,92)..... 27
- Figura 9.** Análise de coordenadas principais de 400 genótipos de mamoeiro utilizando o Índice não Ponderado (Cruz, 2013). 28

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Lista dos locos microssatélites de <i>C. papaya</i> L. selecionados para análise das linhagens com seu respectivo grupo de ligação (GL), sequência dos iniciadores e temperatura de anelamento (Ta °C).....	14
Tabela 2. Médias das medidas de variabilidade genética obtidas para cada uma das três linhagens de mamoeiro.	22
Tabela 3. Análise descritiva da variabilidade genética dos 26 locos analisados nos 400 genótipos de <i>C. papaya</i>	26
Tabela 4. Análise descritiva da variabilidade genética nos 400 indivíduos analisados de <i>C. papaya</i> estudados. Na : número de alelos observados; He : heterozigosidade esperada; Ho : heterozigosidade observada; e F : índice de fixação.....	44

RESUMO

SOUSA, Alex Rodrigues, M. Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, fevereiro de 2021. Caracterização molecular em mamoeiro visando a seleção e purificação de linhagens genitoras de híbridos comerciais. Orientadora: Prof.^a Helaine Christine Cancela Ramos. Conselheiros: Prof. Messias Gonzaga Pereira e Prof.^a Telma Nair Santana Pereira.

O estudo teve como objetivo caracterizar linhagens de mamoeiro por meio de marcadores microssatélites e selecionar genótipos com base no índice de fixação com o intuito de promover a purificação genética de linhagens genitoras de importantes híbridos comerciais. Foram avaliados 400 genótipos advindos de três linhagens genitoras (JS-12, SS-72/12 e Sekati), dos quais foi extraído DNA genômico para a genotipagem molecular pela análise de 56 locos microssatélites. Foi estimada a heterozigosidade esperada (H_E), Heterozigosidade observada (H_O) e o índice de fixação (F) para cada linhagem e para a população. A matriz de distância genética foi obtida por meio do Índice não Ponderado, e as distâncias genéticas foram apresentadas graficamente mediante a análise de agrupamento pelo método hierárquico UPGMA bem como pela Análise de Coordenadas Principais (PCoA). Foi detectada variabilidade intragenotípica nas linhagens JS-12 e Sekati e ausência para a linhagem SS-72/12. Essa variabilidade, embora indesejada, poderá auxiliar positivamente no ajuste dos híbridos 'UENF/Caliman 01' e 'UC-10' para as características de interesse. Quanto ao índice de fixação, 293 genótipos apresentaram o valor máximo, ou seja, $F=1$. Para a análise da população, foi observada maior proximidade entre as linhagens do grupo heterótico 'Formosa'

e maior distanciamento do grupo 'Solo', o que possibilita a exploração sistemática das linhagens. Como conclusão, foi detectada variabilidade intragenotípica em duas linhagens analisadas. A variabilidade genética, em conjunto com o índice de fixação, permitiu a seleção de genótipos que podem contribuir para a purificação genética dos genitores. Os genótipos selecionados serão usados em futuras etapas de hibridação, para obtenção de híbridos ajustados às características de interesse.

PALAVRAS-CHAVE: *Carica papaya* L., Variabilidade genética, Marcadores microssatélites, Purificação genética.

ABSTRACT

SOUSA, Alex Rodrigues, M. Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, February 2021. Molecular Characterization in Papaya Trees for Selection and Purification of Parent Lines of Commercial Hybrids. Advisor: Professor Helaine Christine Cancela Ramos. Committee members: Professor Messias Gonzaga Pereira and Professor Telma Nair Santana Pereira.

This study focused on characterizing papaya inbred lines using microsatellite markers and selecting genotypes based on the fixation index to promote genetic purification of parent lines of important commercial hybrids. A total of 400 genotypes from three parent lines (JS-12, SS-72/12, and Sekati) were evaluated. From these, genomic DNA was extracted for molecular genotyping by analysis of 56 microsatellite loci. The expected heterozygosity (H_E), observed heterozygosity (H_O) and the fixation index (F) were estimated for each line and the population. The genetic distance matrix was obtained by means of the unweighted index, and the genetic distances were presented graphically by cluster analysis by the UPGMA method and by the principal coordinate analysis (PCoA). Intragenotypic variability was detected in the JS-12 and Sekati lines and absence for the SS-72/12 line. Although unwanted, this variability may positively assist in adjusting the hybrids 'UENF/Caliman 01' and 'UC-10' for the traits of interest. As for the fixation index, 293 genotypes had the maximum value, that is, $F = 1$. For the population analysis, it was observed greater proximity among the lines of the heterotic group 'Formosa' and greater distance among the group 'Solo', which allows the systematic exploration of the lines. In conclusion, intragenotypic variability was detected in two

lines analyzed. The genetic variability along with the fixation index allowed the selection of genotypes that may contribute to the genetic purification of the parents. The selected genotypes selected should be used in future hybridization steps to obtain hybrids adjusted to the characteristics of interest.

Keywords: *Carica papaya* L., Genetic variability, Microsatellite markers, Genetic purification.

1. INTRODUÇÃO

O mamoeiro (*Carica papaya* L) é uma fruteira altamente produtiva representante da família *Caricaceae*, que encontrou, no Brasil, condições edafoclimáticas ideais para seu desenvolvimento. Atualmente, o Brasil é considerado o terceiro maior produtor mundial de mamão, sendo superado pela República Dominicana e Índia. De acordo com dados da Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura (FAO) (2020), a produção de mamão no Brasil, em 2019, foi de 1.161 milhão de toneladas, apresentando crescimento de aproximadamente 100 mil toneladas em relação ao ano anterior. Nesse sentido, podem-se destacar as Regiões Nordeste e Sudeste, responsáveis por 95,2% dessa produção (IBGE, 2019).

O grande avanço da cultura do mamoeiro no País deve-se aos programas de melhoramento genético, principalmente pelo desenvolvimento de híbridos com maior produtividade e qualidade de frutos assim como a tolerância a doenças (Ruggiero et al., 2011). Por sua vez, o programa iniciado em 1996 pela UENF em parceria com a empresa privada Caliman foi responsável por desenvolver e registrar no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) 21 cultivares híbridas (Pereira et al., 2019a). Tais híbridos são extremamente importantes para o País, uma vez que a produção até então dependia da importação de sementes.

Entre os híbridos desenvolvidos pela UENF, podemos destacar a cultivar 'UENF/Caliman 01' (Marin et al., 2006a; 2006b), que tem mostrado superioridade

em produção e qualidade de frutos em relação à cultivar híbrida 'Tainung 01', estando em utilização por agricultores brasileiros e de outros países, devido à exportação de suas sementes, e o híbrido 'UC 10' (Pereira et al., 2019b), que se mostrou superior à cultivar híbrida 'Tainung 01' no que diz respeito ao teor de sólidos solúveis totais, número de frutos comerciais, peso de fruto e rendimento. Atualmente, há relatos de que estes híbridos estão apresentando variações fenotípicas quanto ao tamanho de seus frutos, fato que pode ser causado por efeitos ambientais ou devido à existência de variabilidade genética dentro das linhagens genitoras. Contudo, presumindo que a variação existente nos híbridos seja de origem genética, algumas estratégias podem ser adotadas para solucionar este problema.

A purificação das linhagens é uma estratégia útil, uma vez que visa diminuir os efeitos negativos das combinações dos genitores, como falta de uniformidade e produção (Rocha et al., 2008). A purificação de linhagens pode ser realizada via seleção de genótipos com características de interesse por meio do uso de marcadores agronômicos e moleculares. Contudo, devido ao fato de o genoma do mamoeiro ser considerado pequeno, com 442,5 Mb (Gschwend et al., 2013), e possuir muitas regiões microssatélites distribuídas em seu genoma (Eustice et al., 2008; Chen et al., 2007; Vidal et al., 2014), o emprego de marcadores microssatélites torna-se vantajoso em estudos de variabilidade genética para a espécie.

Os marcadores microssatélites ou SSR (*Simple sequence repeat*) são ferramentas poderosas na caracterização molecular devido à natureza multialélica e, principalmente, à codominância (Turchetto-Zolet et al., 2017), pois possibilitam a seleção de genótipos com base no nível de variabilidade genética assim como o índice de fixação alélica dos genótipos. Atualmente, há muitos iniciadores microssatélites desenhados para o mamoeiro (Santos et al., 2003; Eustice et al., 2008) bem como o emprego destes no desenvolvimento de mapas de ligação e identificação de *quantitative trait locus* (QTLs) associados a características morfoagronômicas (Chen et al., 2007; Blas et al., 2012; Nantawan et al., 2019).

Nesse contexto, o emprego dos marcadores microssatélites será fundamental na caracterização das linhagens genitoras (JS-12, SS-72/12 e SEKATI), permitindo a seleção dos genótipos com menor variabilidade genética assim como maior nível de fixação alélica. Dessa forma, a análise molecular pode

contribuir diretamente na purificação dos genitores, possibilitando o ajuste dos híbridos em futuras etapas do programa de melhoramento.

2. OBJETIVOS

2.1 Geral

Caracterizar linhagens genitoras dos híbridos comerciais 'UENF/Caliman 01' e 'UC 10' por meio de marcadores moleculares microssatélites visando a identificação de possível variação intragenotípica.

2.2 Específicos

- A. Avaliar a variabilidade genética intragenotípica de 400 genótipos das três linhagens sob análise (200 genótipos do genótipo JS-12, 100 do genótipo SS-72/12 e 100 do genótipo SEKATI) por meio de marcadores microssatélites;
- B. Estimar parâmetros de diversidade molecular, tais como heterozigosidade e índice de fixação das linhagens genitoras;
- C. Selecionar 20 genótipos dentro de cada linhagem com menor nível de heterozigosidade e maior nível de fixação alélica para a próxima etapa da pesquisa.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1 Aspectos gerais do mamoeiro

O mamoeiro (*C. papaya* L.) é uma das espécies representantes da família *Caricaceae*, que é composta por 35 espécies (Badillo, 2001) distribuídas em seis gêneros, *Vasconcellea* (21 espécies), *Jacaratia* (7 espécies), *Jarilla* (3 espécies), *Cylicomorpha* (2 espécies), *Horovitzia* (1 espécie) e *Carica* (1 espécie) (Badillo, 2000, Giuliatti et al., 2018), sendo a espécie *C. papaya* a única com potencial agrônomico da família. De modo geral, trata-se de uma planta herbácea de clima tipicamente tropical, podendo sobreviver até 20 anos, todavia, o período de vida em plantios comerciais é de apenas três anos devido à altura e, principalmente, ao ataque de patógenos (Jiménez et al., 2014).

É uma espécie diploide com nove pares cromossômicos ($2n = 2x = 18$) (Damasceno-Junior et al., 2009a; Araújo et al., 2010) e apresenta uma região para a determinação sexual. A respeito disso, em 1938, pesquisadores concluíram em suas pesquisas que o sexo em genótipos de mamoeiro é determinado por um gene com três formas alélicas M1, M2 e m (Hofmeyr, 1938) e M, M^h e m (Storey, 1938). Por outro lado, estudos moleculares recentes relataram que o sexo em mamoeiro é controlado por um par de cromossomos sexuais, X e Y, sendo que o cromossomo Y possui duas formas alternativas levemente diferentes denominadas Y e Y^h. O sexo masculino é determinado pela combinação cromossômica XY; o hermafrodita,

XY^h; e os genótipos femininos, XX (Liu et al., 2004; Ming et al., 2007; VanBuren et al., 2015).

O mamoeiro é classificado como uma espécie autógama facultativa com cleistogamia, podendo apresentar uma taxa de até 10% de alogamia (Damasceno-Junior et al., 2009b). Dessa forma, tanto híbridos quanto linhagens podem ser obtidos, explorados e cultivados, o que confere vantagem à cultura, principalmente pelo fato de a espécie não sofrer perdas devido à endogamia (Dantas e Lima, 2001). De certo modo, esta característica facilita o melhoramento genético da espécie, uma vez que possibilita a obtenção de linhagens endogâmicas que podem ser utilizadas no desenvolvimento tanto de variedade tipo linha pura quanto variedades híbridas.

O mamoeiro é considerado uma espécie trioica, apresentando três formas florais, sendo flores estaminada (masculina), pistilada (feminina) e hermafrodita (Storey, 1953; Ming et al., 2007; Bruce e Peter, 2008). As flores masculinas apresentam vestígios de estigmas (Aryal e Ming, 2014), e suas flores são distribuídas em pedúnculos. Estas flores apresentam o tubo da corola estreito e longo, cinco pétalas livres e possui dez estames funcionais. As flores femininas possuem o estigma bem desenvolvido e ausência de estames, dispõem de pedúnculo curto inserido nas axilas foliares e apresentam pétalas livres até a parte inferior da corola. As flores hermafroditas possuem pétalas soldadas até metade de seu comprimento e apresentam um ovário desenvolvido, geralmente alongado, podendo variar de piriforme a cilíndrico, e cinco estigmas em forma de leque (Jiménez et al., 2014).

Os frutos apresentam formas variadas conforme o sexo da planta. Os genótipos femininos apresentam frutos com formato esférico e ovoide, os quais são atualmente utilizados em programas de melhoramento genético apenas para a obtenção de sementes híbridas devido à facilidade para a realização de cruzamentos (pois exclui a necessidade de emasculação) bem como pela proporção de segregação (1:1) quando cruzada com genótipos hermafroditas (Ming et al., 2007). Já os frutos dos genótipos hermafroditas são cilíndricos ou piriformes (Badillo, 1993; Chan, 2009) e são explorados comercialmente devido à aceitabilidade e às exigências do mercado (Dantas et al., 2013). Os genótipos masculinos também podem produzir frutos se houver uma reversão sexual

ocasionada por estresse térmico (Hofmeyr, 1967) e apresentam formas relativamente menores do que as formas feminina e hermafrodita.

Os frutos do mamoeiro são climatéricos, ou seja, continuam o processo de amadurecimento mesmo após a colheita nos estádios iniciais de maturação. Uma vez que são colhidos, ocorrem drásticas mudanças bioquímicas que envolvem altas taxas respiratórias e a produção de etileno (Giovannoni, 2001, Silva et al., 2009). Essas mudanças promovem o rápido amadurecimento e amolecimento do fruto, resultando na rápida deterioração durante o processo de amadurecimento e, conseqüentemente, reduzindo a vida útil dos frutos na pós-colheita, sendo um dos obstáculos mais relevantes das atividades de armazenamento e transporte em longas distâncias na cadeia produtiva de frutos de mamoeiro (Hanif et al., 2020). A utilização de imagens digitais pode tornar-se uma ferramenta útil na previsão do amadurecimento dos frutos (Pereira et al., 2018), todavia, os autores destacam que são necessárias mais investigações para aumentar a robustez da técnica.

3.2 Importância da cultura

As principais cultivares de mamoeiro pertencem aos grupos heteróticos 'Solo' e 'Formosa', havendo uma preferência por cultivares do grupo 'Solo' (Serrana e Cattaneo, 2010), e são exploradas principalmente para a exportação (Ruggiero et al., 2011), enquanto as variedades do grupo 'Formosa' são destinadas ao mercado interno. Os frutos do grupo 'Solo' são pequenos, com peso entre 0,3 e 0,65 kg, e apresentam polpa avermelhada (Faria et al., 2009), enquanto os frutos do grupo 'Formosa' apresentam frutos de porte médio a grande com peso acima de 1 kg e cor laranja-avermelhada (Oliveira et al., 2012). Vale ressaltar que as variedades do grupo 'Formosa' são constituídas por híbridos e vêm conquistando espaço tanto no mercado interno quanto no externo, no qual se percebe um forte crescimento nas vendas, principalmente, para a Europa, o Canadá e os Estados Unidos (Farias et al., 2009; Reis et al., 2015).

Atualmente, os principais países produtores de mamão são a Índia, com 6.050.000 milhões de toneladas, seguida da República Dominicana, com 1.171.336 milhão de toneladas; do Brasil, com 1.161.808 milhão de toneladas; e do México, com 1.083.133 milhão de toneladas (FAO, 2020). No Brasil, podemos destacar as Regiões Nordeste e Sudeste, que são responsáveis por 95,2% de toda a produção

nacional, com maior produção voltada aos estados do Espírito Santo (403.278 toneladas), da Bahia (390.075 toneladas) e do Ceará (118.717 toneladas). Já a área utilizada para a produção comercial de mamão foi em torno de 27.556 hectares.

A cultura do mamoeiro encontrou no Brasil condições edafoclimáticas apropriadas à sua exploração econômica, adaptando-se bem a regiões com temperaturas variando entre 21 e 33 °C, sendo 25 °C considerada a temperatura ótima (Marin et al., 1995; Serrano e Cattaneo, 2010), e umidade relativa do ar de 60-85%.

O mamão é consumido principalmente *in natura* e é muito apreciado principalmente por ser uma fonte de fitoquímicos que incluem vitaminas, antioxidantes, flavonoides, polifenóis, vários minerais, algumas enzimas importantes, como papaína, licopeno, isotiocianato e enzimas proteolíticas, que ajudam a prevenir problemas de saúde (Pinnamaneni, 2017). O consumo de mamão também auxilia nas funções do sistema cardiovascular, protegendo-o de doenças cardíacas, além de acidente vascular cerebral, câncer de colón e reduz níveis elevados de colesterol no organismo (Oliveira et al., 1994; Aravind et al., 2013).

De acordo com alguns autores, muitos outros compostos podem ser extraídos do mamoeiro, como a papaína, enzima proteolítica fortemente utilizada pelas indústrias têxtil e farmacêutica, de alimentos e cosméticos. Das folhas, frutos e sementes, pode-se extrair também a carpaína, que é um alcaloide utilizado como ativador cardíaco (Oliveira et al., 1994), como também pode serem utilizados como uma fonte para fabricação de biodiesel (Anwar et al., 2018; Nayak et al., 2019). De modo geral, todos os benefícios apresentados pelos frutos de mamão contribuem para suas amplas formas de utilização e diretamente para sua importância social e econômica.

Segundo Hinojosa e Montgomery (1988), o mamão possui menor acidez em relação às demais frutas tropicais. Dessa forma, os frutos de mamoeiro possuem uma vantagem nutricional podendo ser consumidos por pessoas sensíveis a acidez. Todavia, os frutos apresentam pH alto, favorecendo atividades enzimáticas e crescimento de microrganismos.

3.3 Melhoramento genético do mamoeiro

Os programas de melhoramento genético do mamoeiro têm como função desenvolver novos híbridos e/ou variedades agronomicamente superiores que atendam tanto aos requisitos do mercado consumidor interno e externo como também aos produtores (Dantas et al., 2002; Barros et al., 2017; Pereira et al., 2019c). Como destacado, os objetivos dos programas de melhoramento podem ser alcançados pela aplicação de métodos de melhoramento e seleção de variedades superiores através da obtenção de linhagens ou híbridos (Harkness, 1967; Ishii e Holtzmann, 1963; Gabrovska et al., 1967). Ressalta-se que o mamoeiro é uma espécie excelente para fins de melhoramento por não apresentar depressão por endogamia, tornando possível a obtenção de linhagens. Todavia, a segregação sexual na cultura ainda é um fator a ser superado.

O germoplasma do mamoeiro é classificado em dois grandes grupos heteróticos, 'Solo' e 'Formosa'. No Brasil, antes da introdução do mamoeiro tipo 'Solo', praticamente não existiam variedades comerciais para plantio, visto que as sementes utilizadas apresentavam elevado grau de segregação (Giacometti e Ferreira, 1988), isso devido à exclusiva existência de cultivares dioicas. Contudo, a partir da introdução do mamoeiro do grupo 'Solo' em 1977, houve o desenvolvimento de cultivares comerciais e isso contribuiu para o desenvolvimento dos programas de melhoramento genético para a cultura do mamoeiro. As cultivares desse grupo são geneticamente uniformes, consistindo de linhagens puras fixadas por sucessivas gerações de autofecundação, sendo amplamente utilizadas no mundo, havendo no Brasil o predomínio das cultivares 'Sunrise Solo' e 'Golden'. Já o grupo 'Formosa' compreende, principalmente, híbridos F₁, sendo os mais utilizados 'Tainung 01', 'Tainung 02' e o híbrido 'UENF/Caliman 01'.

Os principais programas de melhoramento do mamoeiro em instituições públicas são realizados pelo Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), Embrapa Mandioca e Fruticultura e Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e Caliman Agrícola S/A (Dantas et al., 2011). Atualmente, estão disponíveis 55 cultivares de mamoeiro registradas no MAPA, sendo que a UENF/Caliman possui o maior número de registros entre diversas empresas privadas e públicas, totalizando 21 registros de

cultivares e híbridos (Marin et al., 2006a, 2006b; Luz et al., 2015, 2018a, 2018b, Pereira et al., 2019a, 2019b, 2019c).

3.4 Marcadores moleculares

Os marcadores genéticos são altamente eficientes e apresentam um mecanismo de herança simples que podem ser empregados na avaliação das diferenças entre dois ou mais indivíduos (Bered et al., 1997). A partir da introdução das técnicas moleculares na década de 1980, os estudos relacionados à avaliação, caracterização e ao mapeamento genético vêm sendo realizados com maior rapidez e eficiência, tornando-se uma ferramenta útil aos programas de melhoramento genético. O uso de marcadores moleculares na caracterização de germoplasma vem crescendo, principalmente pelo fato de não sofrerem influência ambiental (Carvalho et al., 2001; Elias et al., 2001; Zaccarias et al., 2004).

Os marcadores moleculares do tipo SSR (*Simple Sequence Repeat*) são sequências de DNA simples repetidas em *tandem*, variando de 2 a 6 pares de bases por unidade de repetição (Turchetto-Zolet et al., 2017). São ferramentas utilizadas pelos programas de melhoramento genético devido à sua natureza multialélica e, principalmente, à codominância, que os tornam altamente eficientes na detecção da variabilidade entre e dentro de populações, além de estarem amplamente distribuídos no genoma (Chen et al., 2007; Gois et al., 2014; Suijii, 2013; Borém e Caixeta, 2016). Esses marcadores se destacam dos demais marcadores por ser uma técnica simples com alta reprodutibilidade, além do seu alto poder de resolução.

O mamoeiro possui seu genoma relativamente pequeno, de 442,5 Mb (Gschwen et al., 2013), e muitas regiões microssatélites (Vidal et al., 2014), tornando-o uma espécie modelo para estudos moleculares (Eustice et al., 2007). Entre os primeiros estudos envolvendo o desenvolvimento de sequências de *primers* microssatélites descritos para a espécie *C. papaya*, podemos destacar alguns autores como Santos et al. (2003), que desenvolveram 32 pares de *primers* SSR para auxiliar na diferenciação sexual de genótipos de mamão. Pérez et al. (2006), por sua vez, disponibilizaram 45 sequências de clones, que possibilitaram o desenho de novos pares de *primers*. Eustice et al. (2008) desenvolveram 938 *primers* microssatélites, os quais foram utilizados por Chen et al. (2007) para a

construção de um mapa genético de alta densidade, no qual 707 marcadores microssatélites foram mapeados em doze grupos de ligação, que atualmente são utilizados como modelo para a seleção de *primers* microssatélite com ampla cobertura no genoma por diversos programas de melhoramento da cultura. Por sua vez, Vidal et al. (2014) construíram um atlas abrangente do genoma separando os marcadores gênicos e genômicos e a notação da provável função desses marcadores microssatélites, o que certamente auxiliará na eficiência da seleção assistida por marcadores em mamoeiros e estudos genéticos populacionais.

Há vários anos, a equipe de melhoramento de mamoeiro da UENF vem empregando os marcadores moleculares microssatélites associados ao melhoramento clássico, visando o desenvolvimento, a avaliação e a condução de experimento, com o objeto de selecionar os genótipos agronomicamente superiores (Pereira et al., 2019c). Entre as aplicações em mamoeiro estão a introgressão gênica do hermafroditismo em população dioica em programas de retrocruzamento monitorado por marcadores (Ramos, 2010); a seleção de genótipos para análise da eficiência da autofecundação e frequência dos sexos nas progênies (Santos et al., 2003); a seleção assistida por marcadores (Oliveira et al., 2010); a análise da divergência genética (Damasceno Junior et al., 2015); e a caracterização molecular (Pirovani et al., 2018).

4. MATERIAL E MÉTODOS

As análises moleculares por meio de marcadores microssatélites foram conduzidas no Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV) no Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias (CCTA) da Universidade Estadual do Norte Fluminense.

4.1 Coleta de material genético

Amostras de folhas jovens foram coletadas de 400 genótipos hermafroditas de *C. papaya* proveniente de três linhagens (SS-72/12, Sekati e JS-12) do BAG UENF/Caliman da Universidade Estadual do Norte Fluminense. Os genótipos foram selecionados por seleção massal, priorizando atributos como tamanho de frutos e genótipos mais produtivos. Dessa forma, foram amostrados 100 genótipos da linhagem SS-72/12, 100 genótipos da linhagem Sekati e 200 genótipos da linhagem JS-12. Para a linhagem JS-12, foram consideradas duas classes devido à variação existente quanto ao tamanho de frutos, com isso, foram selecionados 100 genótipos com frutos grandes e 100 genótipos com frutos pequenos classificados como JS-12 G e JS-12 P, respectivamente, conforme a Figura 1.

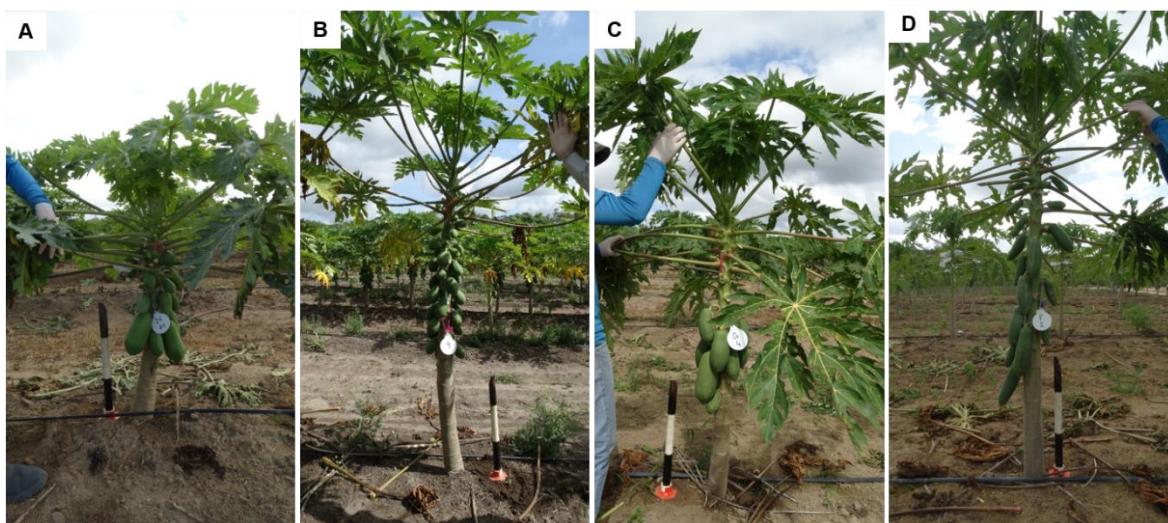


Figura 1. Representação dos genótipos selecionados de *C. papaya*. **A:** genótipo 'Sekati'; **B:** genótipo SS-72/12; **C:** genótipo JS-12G; e **D:** genótipo JS-12P.

4.2 Isolamento de DNA genômico

A extração de DNA genômico das 400 amostras seguiu o protocolo CTAB (*Cetyltrimethylammonium bromide*) descrito por Doyle & Doyle (1990).

O DNA extraído foi submetido a eletroforese em gel de agarose metaphor 1% sob voltagem constante de 100 V para averiguação da qualidade da extração por meio do perfil eletroforético das bandas obtidas (Figura 2) e quantificação das amostras de DNA utilizando o software GelQuant. As amostras foram diluídas para a concentração $5 \text{ ng } \mu\text{L}^{-1}$.

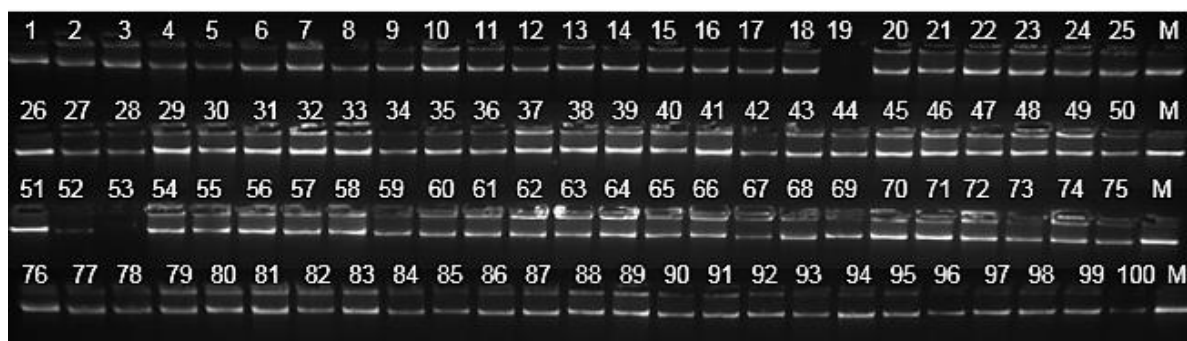


Figura 2. Qualidade do DNA extraído para o genótipo JS-12G.

4.3 Análise molecular via PCR

Os 57 pares de *primers* microssatélites utilizados neste estudo (Tabela 1) foram desenhados e descritos por Eustice et al. (2008) e foram selecionados levando em consideração dois critérios: a) a localização genômica, buscando selecionar *primers* em todos os cromossomos e, assim, alcançar uma boa cobertura do genoma da espécie. Para tanto, foram utilizadas as informações disponíveis no mapa genético desenvolvido por Chen et al. (2007); e b) a região genômica, sendo selecionados *primers* oriundos de regiões intergênicas, devido à maior possibilidade de detecção de variação genética.

Tabela 1. Lista dos locos microssatélites de *C. papaya* L. selecionados para análise das linhagens com seu respectivo grupo de ligação (**GL**), sequência dos iniciadores e temperatura de anelamento (**Ta °C**).

Locos	GL		Sequências dos iniciadores	Ta (°C)
P3K2388C0	1	F	GCACACATAAAAATGTGCTTCG	60
		R	TGCAAAGTCTCTGCTTTCAAGA	
P3K418CC	1	F	CGTAAAGACTTGTTGCCTTACGC	60
		R	CCAAGACTTGCATAACGGCTC	
CPM1554C2	1	F	TTGACGAATTCAAACCCATGC	60
		R	CACCTCGTGGCATCAAACAA	
P6K1472C0	1	F	GAAGGAGCATCCATCGCAAC	60
		R	CCAGTCCATTTTCCAGCCAA	
P6K1117CC	1	F	GAACAGGAGGGTTGCTGGTG	55
		R	CATTCCAGCTACTCAGGCGG	
P3K2530CC	1	F	TTCCCCTTCCTTTGACAGCA	55
		R	CAAGTGCTCTGCCATTGTGG	
P3K6912CC	2	F	TGAAGCCTCAGTGAATCCAAA	60
		R	CCCATGGGAACACATCTATTG	
P3K1850CC	2	F	TTTCTCCACATGACCCACA	60
		R	GGGGGTGCTTTGGAATCTTT	
P6K1268CC	2	F	GCAGTCTTCTCTCCAAGGTCA	55
		R	GTCCCCTTAGCTGCATCCAC	
P6K624CC	2	F	AAAGATGACCGGAGCCGT	50
		R	GCTCTCTGGTAAGAGAGATTGTGG	

Tabela 1. Cont.

Locos	GL		Sequências dos iniciadores	Ta (°C)
ctg-335CC	2	F	GATTCCTGTTGGTCGTTGGC	60
		R	TGGTGCATGTATGATGAATGTGA	
CPM746LCC	3	F	TTATGTTTGGGAAGAACGCC	60
		R	GCCAATCCCCACAAATCTA	
CPM1621CC	3	F	ATGGTAACCCAGCGTGAGGA	60
		R	ACGCCAAATATTCCCAACCC	
CPM765LCC	3	F	CAACGCTCTCCCTCTCTCTC	60
		R	AACTCTGACCCATGACCAGC	
P3K3407CC	3	F	TGTACGGCCTGAAATTCTTCC	55
		R	GCTGGGTGTCTGTCTTGCTG	
P8K190CC	3	F	GTGAGAAAGCCAACGCCAAT	50
		R	GGGACTAAAAATTCAAGGTACCCA	
P3K4489CC	3	F	ATTTGACGTGGCAGCACCTT	60
		R	AAGACGGTGCCGTATAAGCG	
P6K25CC	4	F	TTCAATACCTTTTGTGGAACCT	60
		R	TGCCATAGCCTCTCTTCCTG	
P3K3968A5	4	F	TGCGATCGAAAGGTTCTTGAG	60
		R	TGGAAATGGCTGGTTTTGTCA	
ctg-164CC	4	F	ACCCCAAGGTTGGTGCTTTT	55
		R	GCGGTGCCCTATTATTTGA	
P6K128CC	4	F	GCCGGCTCAGGAGGTTAAGA	50
		R	CAATGACCAAACGCCACACA	
P3K86CC	4	F	GTTGTTCTGTCCACCCCCAC	55
		R	CACCCGTGACGAGCAACAT	
P3K2152CC	5	F	CTCCAAGAAAACCTTTGACATGGG	60
		R	CAATTATGAGCCGGTCACTAACAA	
ctg-365A5	5	F	TTCTTTCACCCGCTCCTCTG	60
		R	AAACAACCTCGGCCCAACTGA	
P3K3256CC	5	F	CGACAAGGAAATTAAGCCAAATC	60
		R	ATGACCGTGTTTGGTTGCTG	
CPM681CC	5	F	AAGCTAGGCTTGGGCTGGAC	55
		R	CCGTGATGACGTGACGTGTAA	

Tabela 1. Cont.

Locos	GL		Sequências dos iniciadores	Ta (°C)
P8K187CC	5	F	GCGAGGTGGGCAGTAAAGAA	60
		R	TTCACGTA CTTGATTGGCGTTTT	
P3K5113C0	6	F	CGAAACTCTCAGGCGCATC	60
		R	CCCCATCTACTCTCCCATCA	
P3K1382A5	6	F	ACAAATCCAGCAAATATCCCATT	60
		R	CAACATCTCAATTTGCAAAGCA	
P6K71CC	6	F	GGCTCTCTGTCCTCCCACCT	50
		R	CCTCGTCACCGGTTTGATCT	
P3K3490CC	6	F	GGTTGGATTGCTTTGCCTTAAA	55
		R	GGTACATACACACATGCACAAGCA	
ctg-371CC	6	F	TGCACACATATGATTCCTTGCTT	60
		R	AACTCCATCACATTCCCCTTCT	
ctg-203C0	6	F	CTTTTGCCCTTTCCTCTCCG	60
		R	TGCCCTGATCTCTTTCTCATC	
CPM1846CC	7	F	GCCCACACTCTTGATGGGAC	60
		R	TCGAGAAAGTCCCATCCTTAACA	
ctg-456CC	7	F	TGAATTCAAATGCTGCCTCAG	60
		R	GGACCTATCAGTTCAACTTCCCA	
ctg-148C0	7	F	GAATTTAGCGCGAAGTGAGC	60
		R	CTCAACAATCGACATTGAGAAGC	
ctg-41S5	7	F	TTCATCGTCTCGCTGAAATTGA	60
		R	CCAGTAGGCTCTCCAATGGG	
P3K3511CC	7	F	CCCACGAGTCACAGGGTTTC	60
		R	GGTTATGCTCGGCCAAAATG	
P3K2851CC	7	F	TAGAAGCAGATGCGGAGGGA	55
		R	TCCAGACCCAAAAACCCAAA	
CPM766CC	8	F	TACCAAGTTCAGCAAGCGGT	50
		R	ATACTTTCTCCCCCTTCGGA	
P3K170CC	8	F	CAATGGAGGGCAGTTTTGATG	60
		R	TGGGAGAAAAGGAAAGAACATGA	
P6K900CC	8	F	TTTGGATCTTGTGGGTTCCGG	50
		R	GGAAGAGGAGATGTGAAAACGG	

Tabela 1. Cont.

Locos	GL		Sequências dos iniciadores	Ta (°C)
P3K7483A5	8	F	GCAGCCCGTACAGAAGAGGA	60
		R	CTCTGAGCAGCAAGCCAACA	
P6K1498CC	8	F	AGTCAAACATCGGCTTGCGT	60
		R	CCAAC TTTGTTGCTGCCCTC	
P3K2305CC	8	F	GGTGGTGATT CACAAGTGGG	55
		R	ATGGTCCCAGAAATGTGCAA	
P3K3828CC	9	F	CCTGCTTCGTTGGAATTTGG	60
		R	ACAGAAATAAAAGGCGGGGG	
P3K178CC	9	F	AACCAGAACTCCAAAAAGAAATCC	50
		R	AACTGGACGCGTATGGAATG	
P3K4272CC	9	F	TTTCGTCACATCAGACCAAGC	60
		R	TAGTCCATGCGAAAATACACGTT	
P3K7484C0	10	F	CGGTAGCGACTCATCGGACT	60
		R	TTGACTCGCGAGGAAAGGAG	
P3K2032S3	10	F	ACGGTCTCATGATCAAATCAAATC	63
		R	AGTCATTTACCTCCCACCG	
P3K7598CC	10	F	GTGGACCCCTGCAAAAGTTG	60
		R	GAGATCTCGTG CAGAATTCAAGG	
P3K149C0	11	F	TGGTGGATGTTGATGCATGTT	60
		R	TCTGGTGGTCATGATGGTGG	
P6K710A5	11	F	TTTGTAGAAAGGCTTTGGTTGAGA	50
		R	CGAGCACGACTGAAAGCAAG	
ctg-718CC	11	F	CCAAC T CACACCATTTGCCA	60
		R	TTGACAAGGGACCAGTCGTG	
P3K3510C0	12	F	GTAGCCGAACGCACAACACA	60
		R	CGTG TAAAAGAAGCGGTAGATCG	
P3K7344CC	12	F	GGATTCTTTTGGGGTCATGGA	60
		R	GAGCAGTGCATGTGCGGTAA	
P3K917C0	12	F	CACACACTCGCAATGGTAAAGAA	60
		R	TGCAGAGCACATTGAGAGGG	

Para a amplificação dos *primers*, foi adotada a estratégia de análise em *bulk* dado o grande número de genótipos em estudo. Para o preparo dos *bulks*, foram montados 40 *bulks*, sendo 10 deles por linhagem. Cada *bulk* continha 10 indivíduos representados por uma alíquota de 10 μL de DNA na concentração de $5 \text{ ng } \mu\text{L}^{-1}$, portanto, trabalhamos com 10 *bulks* do JS-12G, 10 do JS-12P, 10 do SS-72/12 e 10 do SEKATI. Apenas os locos considerados polimórficos foram utilizados nas análises individuais.

Os *bulks* que não apresentavam variação alélica entre e dentro deles foram descartados e os que apresentavam variação alélica foram analisados individualmente para determinar o padrão alélico dos indivíduos.

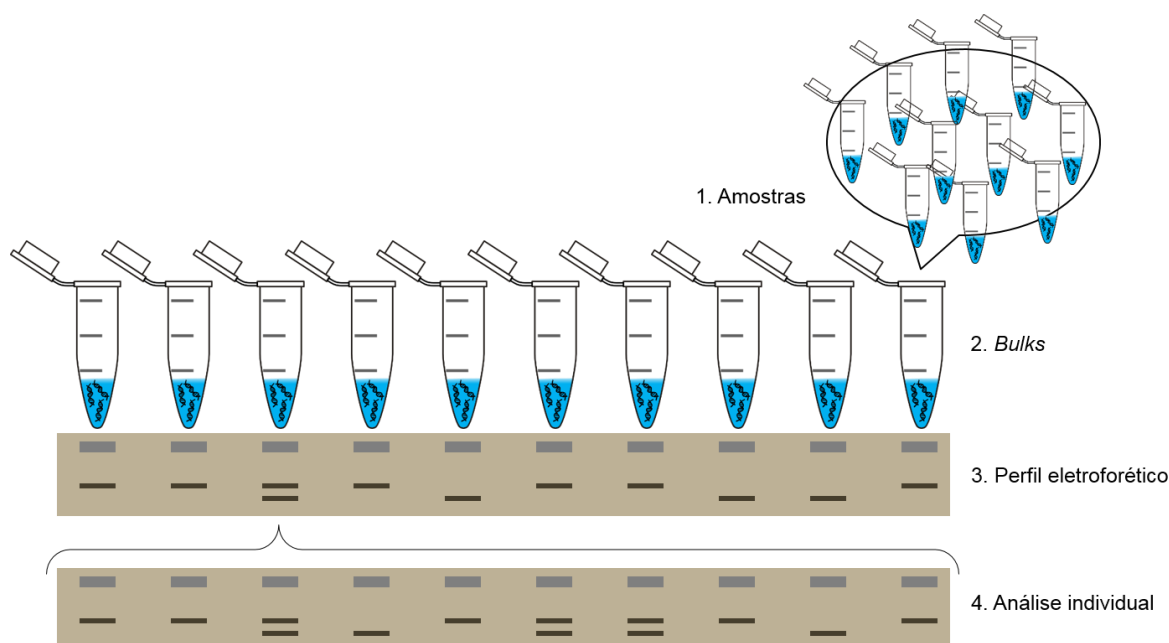


Figura 3. Esquema representando as análises em *bulks* para a seleção dos locos polimórficos.

As reações de amplificação via PCR foram realizadas com um volume final de $13 \mu\text{L}$ contendo 10 ng de DNA, 1X de Tris-Base, $0,2 \text{ mM}$ de dNTPs, $1,9 \text{ mM}$ de MgCl_2 , $0,19 \mu\text{M}$ de cada *primer*, $0,75 \text{ U}$ de Taq DNA polimerase. As amplificações foram realizadas em termociclador Gradiente Eppendorf®, conforme o seguinte programa: desnaturação inicial de $94 \text{ }^\circ\text{C}$ por 5 minutos, seguido de 35 ciclos de $94 \text{ }^\circ\text{C}$ por 1 minuto para desnaturação, anelamento do primer por 1 minuto, $72 \text{ }^\circ\text{C}$

por 3 minutos para extensão, seguidos de uma extensão final de 72 °C por 7 minutos.

Os produtos resultantes da amplificação foram corados com solução GelRed + Blue juice (1:1) e separados por eletroforese em gel de agarose metaphor 4% em tampão de corrida TAE 1X, sob voltagem (80 V) e amperagem (0,20 A) constantes. Posteriormente, os géis foram visualizados sob luz ultravioleta, e as imagens foram capturadas pelo sistema MiniBis Pro de fotodocumentação.

4.4 Análise estatística

Os dados obtidos a partir da amplificação dos 56 locos foram convertidos em uma matriz numérica, conforme descrito por Ramos et al. (2014). A partir desta matriz, foi estimada a distância genética pelo Índice não Ponderado, com auxílio do programa Genes versão 2018.23 (Cruz, 2013).

A matriz de dissimilaridade genética foi exportada para o programa Mega X (Kumar et al., 2018), no qual foram realizadas as análises de agrupamento pelo método hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method Arithmetic Mean*), e a dispersão gráfica das distâncias genéticas foi realizada com base na PCoA, utilizando o programa GenAlex 6.3 (Peakall e Smouse, 2006, 2012).

A matriz numérica foi submetida ao programa Powermarker 3.5 (Liu e Muse, 2005), em que foram estimadas as seguintes medidas de diversidade: número de alelos por loco (N_A), heterozigosidade esperada (H_E), heterozigosidade observada (H_o), índice de conteúdo polimórfico (PIC) e índice de fixação (F).

A heterozigosidade esperada foi determinada pela seguinte expressão:

$$H_E = 1 - \sum_{i=1}^k X_i^2$$

em que:

X_i : frequência do alelo i ;

K : número de alelos.

A heterozigosidade observada foi estimada pela expressão:

$$H_o = \frac{\sum_{j=1, j \neq 1}^a n_{ij}}{n}$$

em que:

N_{ij} : número de heterozigotos em cada loco;

N : total de indivíduos estudados.

O PIC foi calculado pela seguinte expressão:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^a p_i^2 - \sum_{i,j=1}^a \sum_{(i \neq j)} p_i^2 p_j^2 \text{ em que:}$$

$\sum p_i^2$: informatividade do primer;

$\sum \sum p_i^2 p_j^2$: frequência do alelo p no primer j .

O índice de fixação estima o coeficiente médio de endogamia e pode ser determinado pela seguinte expressão:

$$F = 1 - \frac{H_E}{H_O}$$

em que:

H_O : frequência de indivíduos homozigotos;

H_E : frequência de heterozigotos.

As mesmas análises foram utilizadas para a avaliação da variabilidade genética para a população.

5. RESULTADOS

5.1 Análise molecular da variabilidade intragenotípica

As três linhagens apresentaram baixas médias de H_o sendo inferiores a H_E , indicando que os alelos estão quase em sua totalidade fixados para os locos analisados neste estudo (Tabela 2). Destaca-se a linhagem SS-72/12, a qual apresentou H_o igual a zero e possui seus alelos totalmente fixados, sendo considerada a melhor linhagem em termos de fixação alélica para ser utilizada como genitora na obtenção de sementes híbridas e em futuras etapas do programa de melhoramento genético. As demais linhagens, JS-12 e Sekati, apresentaram valores de H_o variando de zero a 0,077.

Pode-se observar um resultado satisfatório a respeito da fixação dos alelos, em que 73,25% (293) dos genótipos apresentaram o valor máximo ($F=1$), especificamente (65) genótipos do JS-12 G; (69) genótipos do JS-12 P; (59) genótipos do Sekati; e (100) genótipos do SS-72/12. A linhagem JS-12 G e JS-12 P apresentou valores variando de 0,724 a 1,00, ao passo que, para a linhagem Sekati, os números variaram de 0,853 a 1,00 (Tabela 2). Esse resultado é de grande importância para o estudo, tendo em vista que o principal objetivo é a seleção genótipos totalmente fixados.

Tabela 2. Médias das medidas de variabilidade genética obtidas para cada uma das três linhagens de mamoeiro.

Linhagem	Locos	Na	He	Ho	F
SS-72/12	26,00	2,00	0,26	0,00	1,00
JS-12 G	25,99	3,00	0,26	0,02	0,94
JS-12 P	25,99	3,00	0,26	0,01	0,95
Sekati	25,85	2,13	0,50	0,02	0,97
Média geral	25,96	2,53	0,32	0,01	0,97

Legenda: **Na**: número de alelos observados; **He**: heterozigosidade esperada; **Ho**: heterozigosidade observada; e **F**: índice de fixação.

Considerando a análise de agrupamento para cada linhagem, é possível observar a presença de variabilidade intragenotípica dada a presença de grupos e subgrupos formados a partir do corte sugerido por Mojena et al. (1997) para as linhagens JS-12 G, JS-12 P e Sekati. Essa variabilidade genética detectada, embora indesejada, já era esperada e, possivelmente, está relacionada à variabilidade morfoagronômica observada nessas linhagens. Devido à inexistência de variabilidade genética para a linhagem SS-72/12, não houve a necessidade de um dendrograma.

Para a linhagem JS-12 G e P, observou-se a formação de três grupos (Figura 4 e 5), enquanto, para a linhagem Sekati, observaram-se quatro grupos (Figura 6) reforçando os resultados já obtidos na análise de variabilidade genética (Tabela 2). Essa variabilidade genética detectada nessas duas linhagens pode estar relacionada à variabilidade dos híbridos 'UENF/Caliman 01' e 'UC-10', tornando evidente a necessidade de seleção de genótipos para a obtenção de híbridos geneticamente uniformes.

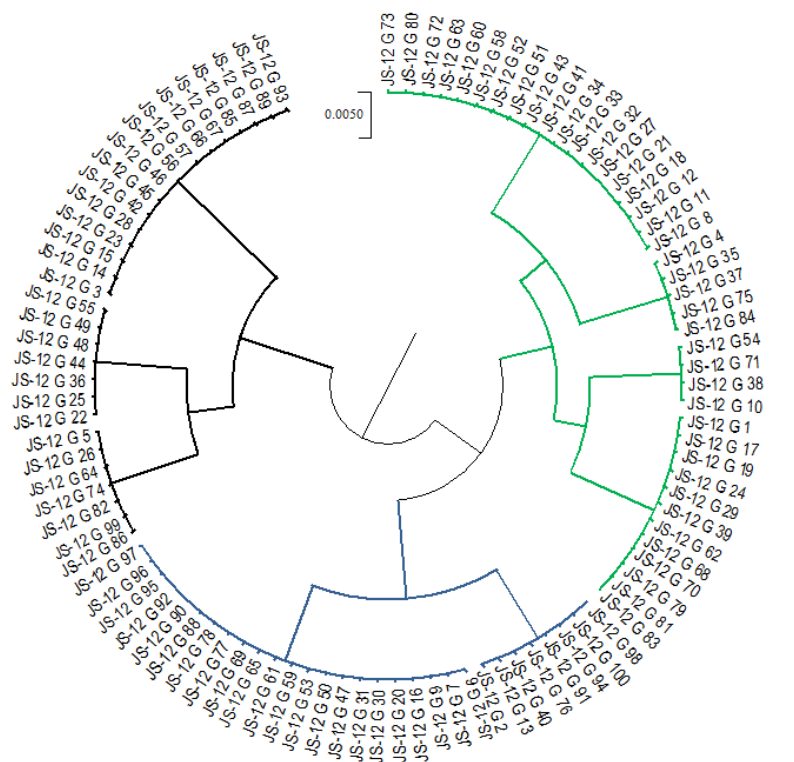


Figura 4. Dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA com base na análise de 100 genótipos da linhagem JS-12 G (coeficiente de correlação cofenética = 0,77).

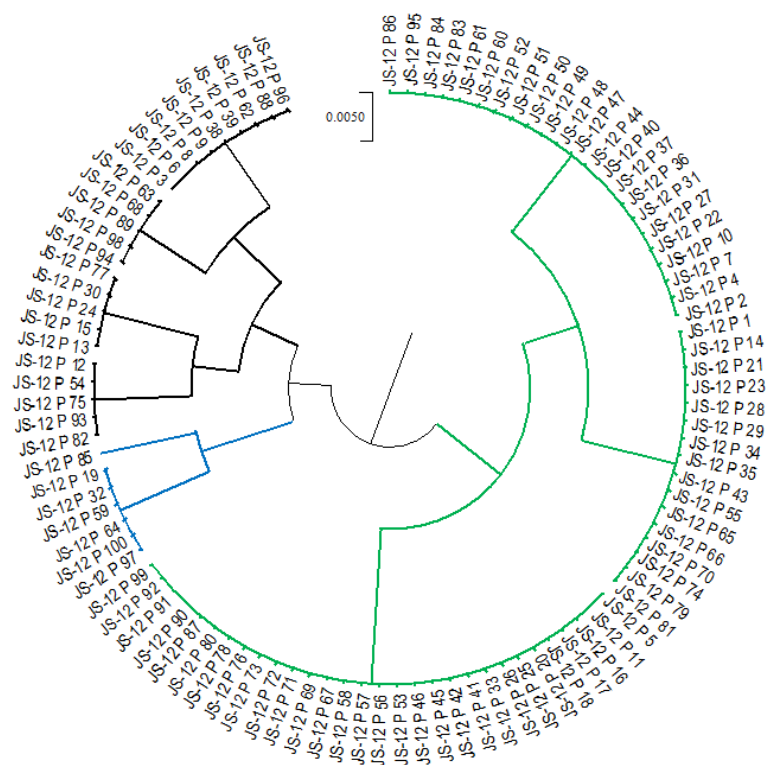


Figura 5. Dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA com base na análise de 100 genótipos da linhagem JS-12 P (coeficiente de correlação cofenética = 0,84).

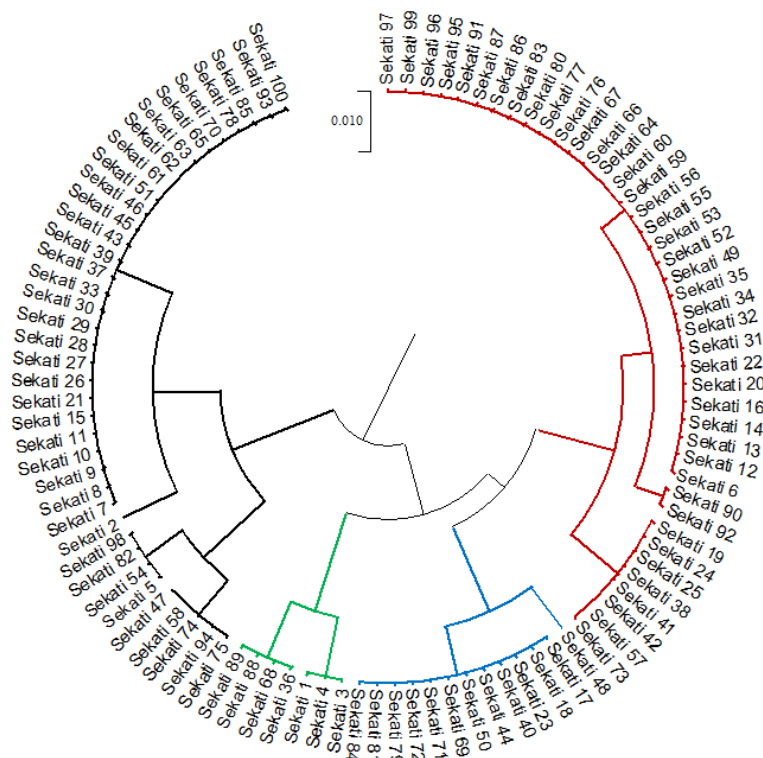


Figura 6. Dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA com base na análise de 100 genótipos da linhagem Sekati (coeficiente de correlação cofenética = 0,86).

Os resultados também foram expressos em um plano bidimensional por meio da análise de coordenada principal. A primeira coordenada (PC1) foi a que melhor explicou a variação observada em todas as linhagens. Para a linhagem JS-12 G, essa coordenada explicou 50,83%, enquanto JS-12 P apresentou 47,64% e Sekati, 67,1% (Figura 7). Nos três gráficos PCoA, foi observada uma grande distribuição dos genótipos ocupando os quatro quadrantes do gráfico. A linhagem Sekati apresentou os genótipos com maior dispersão, indicando que há uma maior variabilidade genética entre eles.

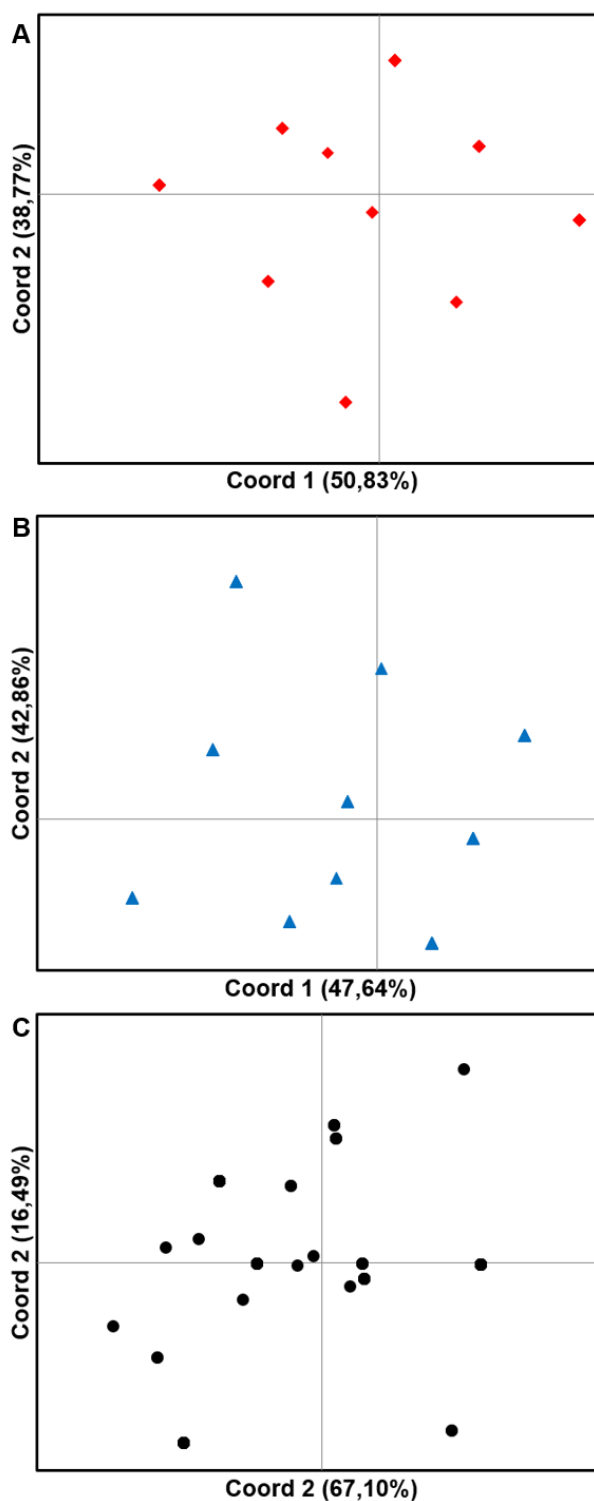


Figura 7. Análise de coordenadas principais baseada na distância genética obtida pelo Índice não Ponderado (Cruz, 2013). A: JS-12 G; B: JS-12 P; e C: Sekati.

5.2 Análise molecular para a população

Um total de 55 alelos polimórficos foram obtidos pela análise dos 26 locos SSR polimórficos, com média de 2,12 alelos por loco. O número de alelos

polimórficos variou de 2 a 4 (tabela 3). Apenas três locos apresentaram valores para a heterozigosidade observada (H_o) superior a zero, P6K128CC (0,123), ctg-365A5 (0,65) e P3K7344CC (0,104), apresentando uma média de 0,011, valor inferior à média encontrada para a heterozigosidade esperada (H_E) 0,423. O valor de PIC fornece uma estimativa do poder discriminatório dos locos, levando em consideração não apenas o número de alelos por loco, mas também suas respectivas frequências na população estudada (Botstein 1980). Neste estudo, os valores de PIC variaram de 0,555 (P6K900CC) a 0,093 (P3K7344CC) e média de 0,333, tendo sido analisados locos classificados como pouco, moderadamente e altamente informativos.

Tabela 3. Análise descritiva da variabilidade genética dos 26 locos analisados nos 400 genótipos de *C. papaya*.

Locos	GL	N	Na	H_E	H_o	PIC
CPM1554C2	1	400	2	0,375	0,000	0,305
P6K1117CC	1	400	2	0,500	0,000	0,375
P3K2530CC	1	394	4	0,377	0,000	0,327
P3K6912CC	2	400	2	0,500	0,000	0,375
P3K1850CC	2	400	2	0,375	0,000	0,305
P6K1268CC	2	400	2	0,500	0,000	0,375
P3K4489CC	3	400	2	0,375	0,000	0,305
P6K25CC	4	400	2	0,500	0,000	0,375
P6K128CC	4	400	2	0,500	0,123	0,375
P3K86CC	4	400	2	0,500	0,000	0,375
P3K2152CC	5	400	2	0,500	0,000	0,375
ctg-365A5	5	398	2	0,491	0,065	0,371
P8K187CC	5	400	2	0,375	0,000	0,305
P3K1382A5	6	400	2	0,375	0,000	0,305
P3K3490CC	6	400	2	0,375	0,000	0,305
ctg-41S5	7	400	2	0,375	0,000	0,305
P3K3511CC	7	400	2	0,500	0,000	0,375
CPM766CC	8	395	2	0,166	0,000	0,152
P3K170CC	8	400	2	0,375	0,000	0,305

Tabela 3. Cont.

Locos	GL	N	Na	H_E	H_o	PIC
P6K900CC	8	400	3	0,625	0,000	0,555
P3K3490CC	9	400	2	0,500	0,000	0,375
P3K149C0	11	400	2	0,375	0,000	0,305
P3K7344CC	12	396	2	0,098	0,104	0,093
P3K917C0	12	400	2	0,500	0,000	0,375
Médias		399,35	2,12	0,423	0,011	0,333

Legenda: **GL**: grupo de ligação; **N**: total de indivíduos amostrados; **Na**: número de alelos observados; **H_E**: heterozigiosidade esperada; **H_o**: heterozigiosidade observada; e **PIC**: índice de conteúdo polimórfico.

Pela análise de agrupamento obtido pelo método hierárquico UPGMA (Figura 8), nota-se a formação de três grupos a partir do ponto de corte estabelecido pelo método de Mojena (1997). Observa-se maior proximidade entre as linhagens do grupo heterótico 'Formosa', ou seja, entre as linhagens JS-12 P e JS-12 G (grupo I) e Sekati (grupo II), e maior distância genética com a linhagem SS-72/12 (grupo III) pertencente ao grupo 'Solo'. Também é válido ressaltar que a análise molecular não foi capaz de separar os genótipos da linhagem JS-12 nas classes determinadas inicialmente (fruto grande e fruto pequeno).

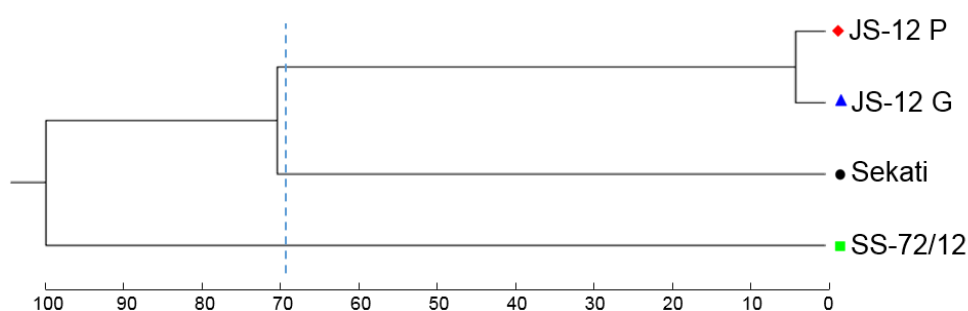


Figura 8. Dendrograma UPGMA com base na análise de 400 genótipos de mamoeiro baseado na distância genética obtida pelo Índice não Ponderado (Cruz, 2013) (coeficiente de correlação cofenética = 0,92).

Os genótipos também foram analisados quanto à dispersão gráfica com base na PCoA (Figura 9). As duas coordenadas juntas explicaram 97,72% da variação total, com 82,72% dela sendo explicada pela coordenada 1 e 15% explicada pela

coordenada 2. A análise mostrou uma distinção clara entre as linhagens como observado no dendrograma. Os quadrantes I, II e IV reuniram apenas genótipos das linhagens JS-12 G, JS-12 P e Sekati, enquanto o quadrante III reuniu a linhagem SS-72/12 em um único ponto no gráfico, evidenciando a ausência de variabilidade genética para esta última linhagem.

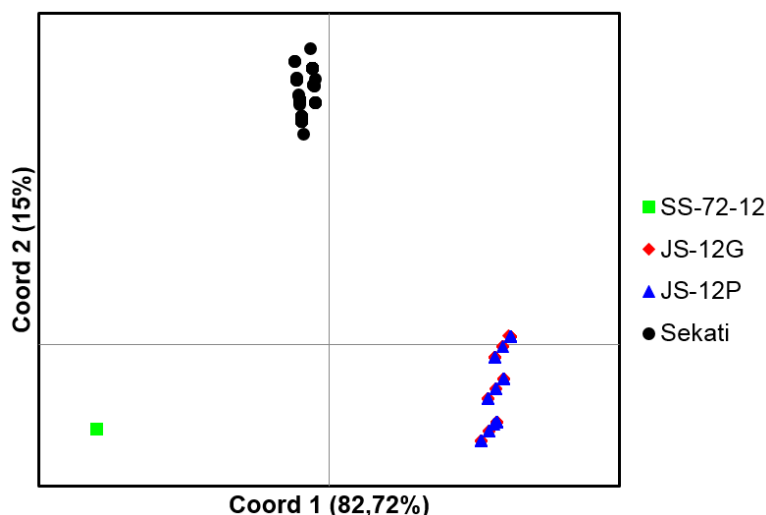


Figura 9. Análise de coordenadas principais de 400 genótipos de mamoeiro utilizando o Índice não Ponderado (Cruz, 2013).

Considerando que o principal objetivo deste estudo é a seleção de genótipos com menor variabilidade genética assim com maior índice de fixação, foram selecionados 20 genótipos em cada linhagem com índice de fixação máximo ($F=1$). Tais genótipos irão compor futura etapa de cruzamentos biparentais visando a obtenção de híbridos com peso e tamanho de frutos ajustados associados às demais características de interesse. Embora os genótipos selecionados apresentem fixação máxima para os locos analisados, eles possuem constituições alélicas diferentes tornando-os passíveis de seleção. Sendo assim, foram selecionados, para a linhagem JS-12 G, os genótipos 06, 07, 09, 16, 20, 30, 31, 47, 50, 53, 59, 61, 65, 69, 77, 78, 88, 90, 92 e 95; para a linhagem JS-12 P, os genótipos 03, 05, 06, 08, 09, 11, 16, 17, 18, 20, 25, 26, 33, 38, 39, 41, 42, 45, 46 e 53; e, para a linhagem Sekati, os genótipos 07, 08, 09, 10, 11, 15, 21, 27, 28, 29, 30, 33, 36, 37, 39, 43, 45, 36, 51 e 61.

6. DISCUSSÃO

A observação de variação morfoagronômica em linhagens genitoras de importantes híbridos de mamoeiro somada à necessidade de ajuste no tamanho do fruto de tais híbridos justificaram a realização do presente estudo, o qual buscou avaliar em nível molecular a existência de variação intragenotípica em tais linhagens. Apesar de ser indesejável no processo de desenvolvimento de híbridos por resultar em segregação na geração F_1 , a existência de variação genética é um fator importante que pode viabilizar a exploração no melhoramento de características agronômicas em linhagens genitoras e, conseqüentemente, modificar tais características nos híbridos.

Por meio da análise molecular, detectou-se maior variabilidade genética intragenotípica para a linhagem Sekati, seguida da linhagem JS-12 G e JS-12 P, ambas pertencentes ao grupo heterótico 'Formosa'. Esse resultado pode estar relacionado com a biologia reprodutiva do grupo que apresenta maior taxa de fertilização cruzada em relação ao grupo heterótico 'Solo', representado pela linhagem SS-72/12. Essa linhagem também se reproduz por autofecundação, mas possui menor taxa de fertilização cruzada (Damasceno Junior et al., 2009b) e mostrou valores de heterozigosidade observada iguais a zero.

Os genótipos JS-12, Sekati e SS-72/12 são matérias já exploradas em ensaios de hibridação tanto pelas características morfoagronômicas quanto pela sua capacidade combinatória (Marin et al., 2006a 2006b; Pereira et al., 2019b). A partir desses esforços anteriores, foram desenvolvidos dois híbridos que

apresentam um grande potencial para o desenvolvimento da cultura no País: 'UENF/Caliman 01', já em utilização por agricultores nacionais e internacionais, e 'UC-10', que apresenta grande potencial para exploração comercial. Entretanto, está sendo observada a necessidade de ajustes no seu peso e tamanho de frutos para aumentar o potencial produtivo desses híbridos bem como para facilitar o processo de embalagem e transporte.

A existência de variabilidade genética intragenotípica nas linhagens JS-12 e Sekati provavelmente ocorreu durante as etapas de avanço de geração via autofecundação, em que os diferentes alelos de um mesmo loco foram fixados nessas linhagens. Também foi observado que alguns genótipos apresentaram locos em heterozigose, e isso pode ser justificado pela taxa de fertilização cruzada que pode ocorrer em genótipos do grupo 'Formosa'. Essa variação pode ser controlada, e até mesmo evitada, pela adoção de práticas mais acuradas no processo de avanço de geração por autofecundação, rejuvenescimento do germoplasma e produção de sementes pela proteção adequada do botão floral.

A variabilidade genética também pôde ser observada nas análises de agrupamentos para as linhagens JS-12 G, JS-12 P e Sekati nos dendrogramas assim como a congruência com as análises gráficas bidimensionais reforçando os resultados obtidos. Em relação aos agrupamentos para a população, é observado que os grupos foram formados de acordo com os grupos heteróticos. Essa organização permite a exploração sistemática das linhagens tornando-as promissoras em programas de cruzamentos, reforçando resultados já obtidos em outros estudos (Pirovani et al., 2021; Vivas et al., 2018).

A seleção dos genótipos foi possível devido à presença de variabilidade intragenotípica bem como pela presença de genótipos com máxima fixação alélica para os locos analisados. Essa variabilidade genética detectada poderá auxiliar positivamente no ajuste dos híbridos, uma vez que resultará em diferentes combinações alélicas, aumentando as chances de se encontrar o híbrido desejado. Nesse sentido, sugerimos que, em futuras etapas de hibridação, seja realizado um dialelo parcial entre os genitores selecionados nas JS-12 P x Sekati e um *top-cross* para os genitores JS-12 G utilizando um genitor da linhagem SS-72/12 como testador. Uma vez identificada a melhor combinação de genitores para as características de interesse, os genitores serão selecionados e autofecundados para dar continuidade as próximas gerações desses genitores.

7. CONCLUSÕES

A utilização dos marcadores microssatélites possibilitou a identificação de variabilidade intragenotípica nas linhagens JS-12 e Sekati, enquanto, para a linhagem SS-72/12, não foi observada variabilidade genética para os locos analisados. A presença de variabilidade assim como o índice de fixação máximo possibilitaram a seleção dos genótipos nas linhagens analisadas, contribuindo para a purificação genética dessas linhagens. Esses genótipos possivelmente possibilitarão a obtenção de híbridos com tamanho e peso de fruto ajustados em futuras etapas de hibridação.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Anwar, M., Rasul, M.G., Ashwath, N. (2018) Otimização da produção e avaliação da qualidade do biodiesel de mamão (*Carica papaya*) com metodologia de superfície de resposta. *Conversão e gerenciamento de energia*, 156:103-112.
- Araújo, F.S., Carvalho, C.R., Clarindo, W.R. (2010) Genome size, base composition and karyotype of *Carica papaya* L. *The Nucleus*, 53(1-2):25-31.
- Aravind, G., Bhowmik, D., Duraivel, S., Harish, G. (2013) Tradicional and medicinal uses of *Carica papaya*. *Journal of Medicinal Plants Studies*, 1(1):7-15.
- Aryal, R., Ming, R. (2014) Sex determination in flowering plants: papaya as a model system. *Plant science*, 217-218:56-62.
- Badillo, V.M. (1993) Caricaceae, segundo esquema. *Revista de la Facultad de Agronomía*, 43:1-111.
- Badillo, V.M. (2000) *Carica* L. vs *Vasconcella* St. Hil. (*Caricaceae*): conlarehabilitación de este último. *Ernstia*, 10(2):74-79.
- Badillo, V.M. (2001) Nota correctiva *Vasconcella* St. Hil. Y no *Vasconcella* (*Caricaceae*). *Ernstia*, 11(1):75-76.
- Barros, G.B.A., Aredes, F.A.S., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Pereira, M.G. (2017) Capacidade combinatória de linhagens recombinadas de mamoeiro

oriundas de retrocruzamento para conversão sexual. *Revista Ciência Agronômica*, 48(1):166-174.

Bered, F., Barbosa-Neto, J.F., Carvalho, F.I.F. (1997) Marcadores Moleculares e sua Aplicação no Melhoramento Genético de Genótipos. *Ciência Rural*, 27(3):513-520.

Blas, A.L., Yu, Q., Veatch, O.J., Paull, R.E., Moore, P.H., Ming, R. (2012) Genetic mapping of quantitative trait loci controlling fruit size and shape in papaya. *Molecular Breeding*, 29:557-466.

Borém, A., Caixeta, E.T. (2016) *Marcadores Moleculares*. Viçosa: Editora UFV, 384p.

Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M., Davis, R.W. (1980) Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32(3):331.

Bruce, S., Peter, C.A. (2008) *Handbook of environmental physiology of fruit crops*. 1st Ed. 217p.

Carvalho, L.J.C.B., Achaal, B.A. (2001) Assessing genetic diversity in the cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm collection in Brazil using PCR based markers. *Euphytica*, 120(1):130-140.

Chan, Y.K. (2009) Breeding papaya (*Carica papaya* L.). In: Jain, S. M., Priyadarshan, P. M. *Breeding plantation tree crops: Tropical species*. New York: Springer p. 121-159.

Chen, C., Yu, Q., Hou, S., Li, Y., Eustice, M., Skelton, R.L., Veatch, O., Herdes, R. E., Diebold, L., Saw, J., Feng Y., Qian, W., Bynum, L., Wang, L., Moore, P.H., Paull, R.E., Alam, M., Ming, R. (2007) Construction of a sequence-tagged highdensity genetic map of papaya for comparative and evolutionary genomics in Brassicales. *Genetics*, 177:2481–2491.

CRUZ, C.D. (2013) GENES: software para análise de dados em estatística experimental e em genética quantitativa. *Acta Scientiarum Agronomy*, 35(3):271-276.

- 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., Silva, F.F., Reis, M.V.M., Pereira, M.G. (2015) Diversidade genética em duas espécies de Caricáceas e suas relações genéticas com *Carica papaya* L. *Revista Ciência Agronômica*, 46(4):733-739.
- Dantas, J. L. L.; Oliveira, E. J. de; Pererira, M. G.; Cattaneo, L. F. Melhoria genética do mamoeiro no Brasil. In: SIMPÓSIO DO PAPAYA BRASILEIRO, 5., 2011, Porto Seguro. Inovação e sustentabilidade: anais. Porto Seguro: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2011. 1 CD-ROM.
- Dantas, J.L.L., Dantas, A.C.V.L., Lima, J.F. (2002) Mamoeiro. In: *Melhoramento de fruteiras tropicais*. 1 ed. Viçosa – MG: UFV, p. 309-349.
- 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.
- Dantas, J.L.L., Oliveira, E.J. (2013) Melhoria genética do mamoeiro: avanços, desafios e perspectivas. In: Vidal Neto, F. das C.; Cavalcanti, J. J. V. (ed). *Melhoramento Genético de Genótipos no Nordeste*. Brasília, DF: Embrapa Agroindústria Tropical, 175-208.
- Doyle, J. J., Doyle J. L. (1990) Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12: 13-15.
- Elias, M., Mckey, D., Panaud, O., Anstett, M.C., Robert, T. (2001) Traditional management of cassava morphological and genetic diversity by the Makushi Amerindians (Guyana, South America): Perspectives for on-farm conservation of crop genetic resources. *Euphytica*, 120(1):143-157.

- Eltaher, S., Sallam, A., Belamkar, V., Emara, H.A., Nower A.A., Salem, K.F., Poland, J., Baenziger, P.S. (2018) Genetic diversity and population structure of F3: 6 Nebraska winter wheat genotypes using genotyping-by-sequencing. *Frontiers in genetics*, 9:76.
- Eustice, M., Yu, Q., Lai, C.W., Hou, S., Thimmapuram, J., Liu, L., Alam, M., Moore, P.H., Presting, G.G., Ming, R. (2008) Development and application of microsatellite markers for genomic analysis of papaya. *Tree Genetics and Genomes*, 4:333–341.
- Fang, J., Wood, A., Chen, R., Ming, R. (2016) Molecular basis of off-type microsatellite markers in papaya. *Euphytica*, 209(2):323-339.
- FAO, 2020. FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy. Disponível em: < <http://www.fao.org/faostat/en/>>. Acesso em: 09 nov. 2020.
- Faria, A.R.N., Noronha, A.C.D.S., Oliveira, A.A.R., Oliveira, A.M.G., Cardoso, C.E.L., Ritzinger, C.H.S.P., Oliveira, E.J. De., Coelho, E.F., Santos Filho, H.P., Cruz, J.L., Oliveira, J.R.P., Dantas, J.L.L., Souza, L.D., Oliveira, M.D.A., Coelho Filho, M.A., Sanches, N.F., Meissner Filho, P.E., Medina, V.M., Cordeiro, Z.J.M. (2009) *A Cultura Do Mamão*. 3. Ed. Brasília: Embrapa informação tecnológica, 119p.
- Gabrovska, I., Valdivieso, A.S., Becquer, A., Saenz, B. (1967) Las enfermedades virósicas de la fruta bomba (*Carica papaya* L.) en Cuba. *Revista de Agricultura Piracicaba*, 1:1-21.
- Giacometti, D.C., Ferreira, F.R. (1988) *Melhoramento genético do mamão no Brasil e perspectivas*. In: RUGGIERO, C. ed. Mamão. Jaboticabal, SP. p.377- 388.
- Giovannoni, J. (2001) Molecular biology of fruit maturation and ripening. *Annual Review of Plant Physiology*, 52:725-749.
- Giulietti, A.M., Oliveira, R.P., Santos, H.A., Caneiro-Torres, D.S., Lima, C.T. (2018) Flora da Bahia: Caricaceae, *Sitientibus série Ciências Biológicas*, 18:1-7.

- Gois, I.B., Ferreira, R.A., Silva-Mann, R., Blank, M.F.A., Santos-Neto, E.M. (2014) Diversidade genética entre indivíduos de *Spondias lutea* L. procedentes do Baixo São Francisco Sergipano, por meio de marcadores RAPD. *Revista Árvore*, 38(2): 261-269.
- Gschwend, A.R., Wai, C.M., Zee, F., Arumuganathan, A.K., Ming, R. (2013) Genome size variation among sex types in dioecious and trioecious Caricaceae species. *Euphitica*, 189:461-469.
- Hanif, A., Ahmad, S., Jaskani, M.J., Ahmad, R. (2020) Papaya treatment with putrescine maintained the overall quality and promoted the antioxidative enzyme activities of the stored fruit. *Scientia Horticulturae*, 268:109367.
- Harkness, R.W. (1967) Papaya growing in Florida. University of Florida, Agricultural Experiment Station.
- Hasibuzzaman, A.S.M., Aminul Islam, A.K.M., Miah, M.G., Hasan, M. (2020) Phylogeographic diversity and population structure of *Carica papaya* L. revealed through nuclear micorsatellites, *Brazilian Journal of Botany*, 43:146-154.
- Hinojosa, R.L., Montgomery, M.W. (1988) Industrialização do mamão. Aspectos bioquímicos e tecnológicos da produção de purê asséptico. In: RUGGIERO, C. (Ed.). *Mamão*. Jaboticabal: FCAV-UNESP, 89-110p.
- Hofmeyr, J.D.J. (1967) Some genetic breeding aspects of *Carica papaya* L. *Agronomia Tropical*, 17:345-51.
- IBGE - Produção Agrícola Municipal, 2019. Disponível em: <<https://cidades.ibge.gov.br/brasil/pesquisa/15/11985>>. Acesso em: 30 dez. 2020.
- Ishii, Y., Holtzmann, O.W. (1963) Papaya mosaic disease in Hawaii. *Plant Disease Reporter*, 47:947-951
- Jiménez, V.M., Mora-Newcomer, E., Gutiérrez-Soto, M. (2014) Biology of the Papaya Plant. In: Ming, R., Moore, P.H. *Genetics and Genomics of Papaya*. 1. ed. New York: Springer, p. 17-33.

- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., Tamura, K. (2018) MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution* 35:1547-1549.
- Liu, K., Muse, S. V. (2005) PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*, 21(9):2128-2129.
- Liu, Z., Moore, P.H., Ma, H., Ackerman, C.M., Ragiba, M., Yu, Q., Pearl, H.M., Kim, M.S., Charlton, J.W., Stiles, J.I., Zee, F.T., Paterson, A.H., Ming, R. (2004) A primitive Y chromosome in papaya marks incipient sex chromosome evolution. *Nature* 427: 348–352.
- Luciano-Rosario, D., Crz-Saavedra, L.A., Siritunga, D. (2018) Genetic Diversity of Puerto Rican Farmer-held Papaya (*Carica papaya*) Using SSR Markers, *HortScience*, 53(8):1109-1114.
- Luz, L.N., 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., 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(4):3693-3703.
- Marin, S.L.D., Gomes, J.A., Salgado, J.S., Martins, D.S., Fullin, E.A. (1995) *Recomendações para a cultura do mamoeiro dos grupos Solo e Formosa no Estado do Espírito Santo*. 4. ed. rev. EMCAPA, 57p. (EMCAPA, Circular Técnica, 3).
- 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., Pereira, 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.
- Matos, A.P. (2012) *Produção integrada de fruteiras tropicais*. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 374p.
- Matos, E.L.S. (2013) Caracterização molecular de acessos de mamoeiro com o uso de marcadores microssatélites. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Cruz das Almas – BA – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 69p.
- Ming, R., Yu, Q., Moore, P.H. (2007) Sex determination in papaya. *Seminars in cell & developmental biology*, 18(3):4001-4008.
- Mojena, R. (1977) Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. *The Computer Journal* 20:359-363.
- Nantawan, U., Kanchana-udomkan, C., Bar, I., Ford, R. (2019) Linkage mapping and quantitative trait loci analysis of sweetness and other fruit quality traits in papaya, *BMC Plant Biology*, 19:449.
- Nayak, M.G., Vyas, A.P. (2019) Otimização da produção de biodiesel assistida por microondas a partir do óleo de mamão utilizando metodologia de superfície de resposta. *Energia renovável*, 138:18-28.
- Oliveira, A.M.G., Farias, A.R.N., Santos-Filho, H.P., Oliveira, J.R.P., Dantas, J.L.L., Santos, L.B., Oliveira, M.A., Silva, M.J., Almeida, O.A., Nickel, O., Medina, V.M., Cordeiro, Z.J.M. (1994) *Mamão para exportação: aspectos técnicos da produção*. Brasília: Embrapa – SPI, 1994. 52p. (Série Publicações Técnica FRUTEX, 9).
- Oliveira, A.M.G., Oliveira, M.A. (1995) *Identificação das flores do mamoeiro para o desbaste de genótipos*. Cruz das Almas: Embrapa/CNPMPF, 2-(Circular técnica, 2).
- Oliveira, E.J., Amorim, V.B.O., Matos, E.L.S., Costa, J.L., Castellen, M.S., Pádua, J.G., Dantas, J L.L. (2010) Polymorphism of microssatélite markers in papaya (*Carica papaya* L.). *Plant Molecular Biology Reporter*, 28:519-530.

- Oliveira, E.J., Dantas, J.L.L., Castellen, M.S., Machado, M.D. (2008) Identificação de microssatélites para o mamoeiro por meio da exploração do banco de dados de DNA. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30:841–845.
- Oliveira, E.J., Oliveira, G.A.F., Costa, J.L., Oliveira, V.J.S., Dantas, A.C.V.L., Dantas, J.L.L., Pádua, J.G. (2012) Genetic diversity and marker-assisted inbreeding in papaya, *Scientia Horticulturae*, 147:20-28.
- Oliveira, G.A.F., Dantas, J.L.L., Oliveira, E.J. (2015) Development and validation of minisatellite markers for *Carica papaya*, *Biologia Plantarum*, 59(4):686-694.
- Peakall, R., Smouse, P.E. (2006) GenAEx 6: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology*, 6:288-295.
- Peakall, R., Smouse, P.E. (2012) GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics*, 28(19):2537-2539.
- Pereira, L.F.S., Barbon-Jr, S., Valous, N.A., Barbin, D.F. (2018) Predicting the ripening of papaya fruit with digital imaging and random forests, *Computers and Electronics in Agriculture*, 145:76-82.
- Pereira, M.G., Luz, L.N., Santa-Catarina, R., Ramos, H.C.C., Pereira, T.N.S., Barros, G.B., Ferregueti, G.A., Vivas, M., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.B., Azecedo, 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., Ferregueti, G. A., Vivas, M., Cortes, D. F. M., Vettorazzi, J. C. B., Azecedo, A. O. N., Silveira, S. F., Oliveira J. G., Viana, A. P. (2019c) 'UC14' a new papaya cultivar with intermediate fruit size. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19: 226-229.
- Pereira, M.G., Poltronieri, T.P.S., Pereira, T.N.S., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Arêdes, F. A.S., Boechat, M.S.B., Venâncio, T.M., Azevedo, A.O.N., Cortes, D.F.M., Moreira, N.F., Bohry, D., Silveira, F.S., Vivas, M., Ferreguet, G.A. (2019a) Twenty-two-year papaya breeding program: from

breeding strategy establishment to cultivar development. *Functional Plant Breeding Journal*, 1(2):9-27.

Pérez, O.J., Dambier, D., Ollitrault, P., Coppens, D.G., Brottier, P., Froelicher, Y., Risterucci, A.M. (2006) Microsatellite markers in *Carica papaya* L.: isolation, characterization and transferability to *Vasconcellea* species. *Molecular Ecology Notes*, 6: 212-217.

Pinnamaneni, R. (2017) Nutritional and medicinal value of papaya (*Carica papaya* Linn.). *World Journal of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences*, 6(8):2559-2578.

Pinto, F.O., Pereira, M.G., Luz, L.N., Cardozo, D.L., Ramos, H.C.C., Macedo, C.M.P. (2013) Use of microsatellite markers in molecular analysis of segregating populations of papaya (*Carica papaya* L.) derived from backcrossing. *Genetics and Molecular Research*, 12(3):2248-2259.

Pirovani, A.A.V., Ramos, H.C.C., Duarte, R.P., Miranda, D.P., Bohry, D., Santana, J.G.S., Santos, P. H. A. D., Pereira, M. G. (2021). Molecular characterization of elite lines of papaya (*Carica papaya* L.) via SSR markers. *Functional Plant Breeding Journal*, 3(1): 49-58.

Pirovani, A.A.V., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Cortes, D.F.M., Boechat, M.S.B., Bohry, D., Pereira, M. G. (2018) A hermaphrodite genotype in dioecious papaya progeny: sex reversal or contamination?. *Euphytica*, 214(12): 227.

Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Pereira, T.N.S., Barros, G.B.A., Ferreguetti, G.A. (2014) Genetic-molecular characterization of backcross generations for sexual conversion in papaya (*Carica papaya* L.). *Genetics and Molecular Research*, 13(4): 10367-10381.

Ramos, H.C.C. (2010) Retrocruzamento em mamoeiro: avanço de gerações e seleção de linhagens via procedimentos clássicos e moleculares. Tese (Doutorado em Genética e melhoramento de genótipos) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 134p.

- Reis, R.C., Viana, E.S., Jesus, J.L., Dantas, J.L.L., Lucena, R.S. (2015) Caracterização físico-química de frutos de novos híbridos e linhagens de mamoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 50(3):210-217.
- Rocha, M.M., Oliveira, J.T.S., Freire-Filho, F.R., Câmara, J.A.S., Ribeiro, V.Q., Oliveira, J.A. (2008) *Purificação genética e seleção de genótipos de feijão-caupi para a região semi-árida piauiense*. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento: Embrapa Meio-Norte, 28p.
- Ruggiero, C., Marin, S.L.D., Durigan, J.F. (2011) Mamão, uma história de sucesso. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 23(1):76-82.
- Santos, M., Barreto, M. (2003) Estudo epidemiológico da varíola do mamoeiro em cultivares submetidos a tratamentos com fungicidas. *Summa Phytopathologica*, 29(2):141-146.
- Serrano, L.A.L., Cattaneo, L.F. (2010) O cultivo do mamoeiro no Brasil, *Revista Brasileira de Fruticultura*, 32(3):657-959.
- Silva, D.F.P., Salomão, L.C.C., Siqueira, D.L.D., Cecon, P.R., Rocha, A. (2009) Potassium permanganate effects in postharvest conservation of the papaya cultivar Sunrise Golden. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 44(7):669-675.
- Storey W.B. (1953) Genetics of the papaya. *Journal of Heredity*, 44(2): 70–78.
- Storey, W.B. (1938) Segregations of sex types in Solo papaya and their application to the selection of seed. *Proceedings of the American Society for Horticultural Science*, 35:83–85.
- Sujii, P.S., Fernandes, E.T.M.B., Azevedo, V.C.R., Ciampi, A.Y., Martins, K., Wadt, L.H.O. (2013) Morphological and molecular characteristics do not confirm popular classification of the Brazil nut tree in Acre, Brazil. *Genetics and Molecular Research*, 12(3):40018-40027.
- Turchetto-Zolet, A.C., Turchetto, C., Zanella, C.M., Passaia, G. (2017) *Marcadores Moleculares na Era genômica: Metodologias e Aplicações*. (Org). Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 181p.

- VanBuren, R., Zeng, F., Chen, C., Zhang, J., Wai, C.M., Han, J., Aryal, R., Gschwend, A.R., Wang, J., Na, J.K., Huang, L., Zhang, L., Miao, W., Gou, J., Arro, J., Guyot, R., Moore, R.C., Wang, M.L., Zee, F., Charlesworth, D., Moore, P.H., Yu, Q., Ming, R. (2015) Origin and domestication of papaya Yh chromosome. *Genomeresearch*, 25(4):524-533.
- Vidal, N.M., Grazziotin, A.L., Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Venancio, T.M. (2014) Development of a gene-centered SSR atlas as a resource for papaya (*Carica papaya*) marker-assisted selection and population genetic studies. *PLoS One*, 9(11):12654.
- Vivas, M., Carodoso, 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.
- Warnacula, W.A.D.L.R., Kotterachchi, N.S., Yakandawala, K. (2017) Morphological, SSR and ISSR marker based genetic diversity assessment of mountain papaya germplasm in comparison with *Carica papaya*. *Journal of the National Science Foundation of Sri Lanka*, 45(3):255-264.
- Wei, F., Wing, R.A. (2008) A fruitful outcome to the papaya genome project. *Genome Biology*, 9:227.
- Weir, B.S. (1996) *Genetic data analysis II: Methods for discrete population genetic data*. Sunderland: North Carolina State University, Sinauer Associates Inc. Pub. 445p.
- Wright, S. (1922) Coefficients of inbreeding and relationship. *The American Naturalist*, 56:330-338.
- Zacarias, A.M.; Botha, A.M.; Labuschagne, M.T.; Benesi, I.R.M. (2004) Characterization and genetic distance analysis of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm from Mozambique using RAPD fingerprinting. *Euphytica*, 138(1):49-53.

ANEXOS

Tabela 4. Análise descritiva da variabilidade genética nos 400 indivíduos analisados de *C. papaya* estudados. **Na**: número de alelos observados; **He**: heterozigosidade esperada; **Ho**: heterozigosidade observada; e **F**: índice de fixação.

Genótipo	Locos	Na	He	Ho	F
SS-72/12 01	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 02	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 03	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 04	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 05	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 06	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 07	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 08	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 09	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 10	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 11	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 12	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 13	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 14	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 15	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 16	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 17	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 18	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 19	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 20	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 21	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 22	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 23	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 24	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 25	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 26	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 27	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 28	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 29	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000

Tabela 4. Cont.

Genótipo	Locos	Na	H_E	H_O	F
SS-72/12 30	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 31	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 32	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 33	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 34	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 35	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 36	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 37	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 38	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 39	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 40	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 41	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 42	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 43	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 44	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 45	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 46	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 47	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 48	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 49	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 50	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 51	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 52	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 53	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 54	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 55	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 56	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 57	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 58	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 59	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 60	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000

Tabela 4. Cont.

Genótipo	Locos	Na	HE	Ho	F
SS-72/12 61	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 62	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 63	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 64	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 65	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 66	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 67	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 68	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 69	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 70	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 71	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 72	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 73	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 74	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 75	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 76	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 77	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 78	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 79	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 80	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 81	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 82	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 83	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 84	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 85	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 86	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 87	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 88	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 89	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 90	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 91	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000

Tabela 4. Cont.

Genótipo	Locos	Na	H_E	H_O	F
SS-72/12 92	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 93	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 94	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 95	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 96	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 97	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 98	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 99	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
SS-72/12 100	26,00	2,00	0,260	0,000	1,000
Média	26,00	2,00	0,26	0,00	1,00
JS-12 G 1	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 2	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 3	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 4	26	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 G 5	26	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 G 6	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 7	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 8	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 9	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 10	26	3,00	0,269	0,077	0,724
JS-12 G 11	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 12	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 13	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 14	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 15	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 16	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 17	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 18	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 19	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 20	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 21	26	3,00	0,269	0,000	1,000

Tabela 4. Cont.

Genótipo	Locos	Na	HE	Ho	F
JS-12 G 22	26	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 G 23	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 24	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 25	26	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 G 26	26	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 G 27	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 28	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 29	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 30	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 31	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 32	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 33	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 34	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 35	26	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 G 36	26	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 G 37	26	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 G 38	26	3,00	0,269	0,077	0,724
JS-12 G 39	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 40	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 41	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 42	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 43	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 44	26	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 G 45	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 46	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 47	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 48	26	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 G 49	26	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 G 50	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 51	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 52	26	3,00	0,269	0,000	1,000

Tabela 4. Cont.

Genótipo	Locos	Na	HE	Ho	F
JS-12 G 53	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 54	26	3,00	0,269	0,077	0,724
JS-12 G 55	26	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 G 56	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 57	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 58	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 59	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 60	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 61	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 62	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 63	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 64	26	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 G 65	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 66	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 67	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 68	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 69	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 70	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 71	26	3,00	0,269	0,077	0,724
JS-12 G 72	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 73	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 74	26	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 G 75	26	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 G 76	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 77	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 78	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 79	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 80	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 81	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 82	26	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 G 83	26	3,00	0,240	0,038	0,846

Tabela 4. Cont.

Genótipo	Locos	Na	He	Ho	F
JS-12 G 84	26	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 G 85	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 86	26	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 G 87	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 88	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 89	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 90	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 91	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 92	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 93	26	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 G 94	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 95	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 96	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 97	26	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 G 98	26	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 G 99	26	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 G 100	25	3,00	0,218	0,000	1,000
Média	25,99	3,00	0,26	0,02	0,94
JS-12 P 1	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 2	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 3	26,00	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 P 4	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 5	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 6	26,00	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 P 7	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 8	26,00	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 P 9	26,00	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 P 10	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 11	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 12	26,00	3,00	0,269	0,077	0,724
JS-12 P 13	26,00	3,00	0,297	0,038	0,875

Tabela 4. Cont.

Genótipo	Locos	Na	H_E	H_O	F
JS-12 P 14	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 15	26,00	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 P 16	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 17	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 18	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 19	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 20	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 21	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 22	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 23	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 24	26,00	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 P 25	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 26	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 27	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 28	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 29	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 30	26,00	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 P 31	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 32	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 33	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 34	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 35	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 36	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 37	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 38	26,00	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 P 39	26,00	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 P 40	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 41	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 42	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 43	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 44	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000

Tabela 4. Cont.

Genótipo	Locos	Na	H_E	H_O	F
JS-12 P 45	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 46	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 47	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 48	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 49	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 50	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 51	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 52	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 53	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 54	26,00	3,00	0,269	0,077	0,724
JS-12 P 55	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 56	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 57	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 58	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 59	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 60	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 61	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 62	26,00	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 P 63	26,00	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 P 64	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 65	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 66	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 67	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 68	25,00	3,00	0,278	0,000	1,000
JS-12 P 69	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 70	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 71	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 72	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 73	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 74	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 75	26,00	3,00	0,269	0,077	0,724

Tabela 4. Cont.

Genótipo	Locos	Na	H_E	H_O	F
JS-12 P 76	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 77	26,00	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 P 78	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 79	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 80	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 81	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 82	26,00	3,00	0,269	0,077	0,724
JS-12 P 83	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 84	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 85	26,00	3,00	0,240	0,038	0,846
JS-12 P 86	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 87	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 88	26,00	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 P 89	26,00	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 P 90	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 91	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 92	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 93	26,00	3,00	0,269	0,077	0,724
JS-12 P 94	26,00	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 P 95	26,00	3,00	0,210	0,000	1,000
JS-12 P 96	26,00	3,00	0,322	0,000	1,000
JS-12 P 97	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 98	26,00	3,00	0,297	0,038	0,875
JS-12 P 99	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
JS-12 P 100	26,00	3,00	0,269	0,000	1,000
Média	25,99	3,00	0,26	0,01	0,95
SEKATI 1	26,00	2,00	0,493	0,038	0,925
SEKATI 2	26,00	2,00	0,499	0,038	0,926
SEKATI 3	26,00	2,00	0,493	0,038	0,925
SEKATI 4	26,00	2,00	0,493	0,038	0,925
SEKATI 5	23,00	2,00	0,499	0,000	1,000

Tabela 4. Cont.

Genótipo	Locos	Na	He	Ho	F
SEKATI 6	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 7	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 8	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 9	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 10	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 11	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 12	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 13	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 14	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 15	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 16	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 17	26,00	3,00	0,530	0,000	1,000
SEKATI 18	26,00	3,00	0,530	0,000	1,000
SEKATI 19	26,00	2,00	0,488	0,000	1,000
SEKATI 20	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 21	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 22	25,00	2,00	0,487	0,040	0,921
SEKATI 23	26,00	3,00	0,530	0,000	1,000
SEKATI 24	26,00	2,00	0,488	0,000	1,000
SEKATI 25	25,00	2,00	0,493	0,000	1,000
SEKATI 26	25,00	2,00	0,499	0,000	1,000
SEKATI 27	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 28	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 29	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 30	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 31	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 32	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 33	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 34	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 35	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 36	26,00	2,00	0,497	0,000	1,000

Tabela 4. Cont.

Genótipo	Locos	Na	HE	Ho	F
SEKATI 37	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 38	26,00	2,00	0,488	0,000	1,000
SEKATI 39	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 40	26,00	3,00	0,530	0,000	1,000
SEKATI 41	26,00	2,00	0,488	0,000	1,000
SEKATI 42	26,00	2,00	0,488	0,000	1,000
SEKATI 43	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 44	26,00	3,00	0,530	0,000	1,000
SEKATI 45	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 46	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 47	26,00	2,00	0,497	0,000	1,000
SEKATI 48	26,00	3,00	0,524	0,038	0,929
SEKATI 49	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 50	26,00	3,00	0,530	0,000	1,000
SEKATI 51	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 52	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 53	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 54	26,00	2,00	0,493	0,038	0,925
SEKATI 55	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 56	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 57	26,00	2,00	0,488	0,000	1,000
SEKATI 58	26,00	2,00	0,497	0,000	1,000
SEKATI 59	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 60	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 61	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 62	25,00	2,00	0,499	0,000	1,000
SEKATI 63	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 64	25,00	2,00	0,487	0,040	0,921
SEKATI 65	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 66	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 67	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923

Tabela 4. Cont.

Genótipo	Locos	Na	He	Ho	F
SEKATI 68	26,00	2,00	0,497	0,000	1,000
SEKATI 69	26,00	3,00	0,530	0,000	1,000
SEKATI 70	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 71	25,00	3,00	0,525	0,000	1,000
SEKATI 72	26,00	3,00	0,530	0,000	1,000
SEKATI 73	26,00	2,00	0,488	0,000	1,000
SEKATI 74	26,00	2,00	0,497	0,000	1,000
SEKATI 75	26,00	2,00	0,497	0,000	1,000
SEKATI 76	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 77	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 78	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 79	25,00	2,00	0,493	0,000	1,000
SEKATI 80	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 81	26,00	3,00	0,530	0,000	1,000
SEKATI 82	26,00	2,00	0,493	0,038	0,925
SEKATI 83	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 84	25,00	3,00	0,525	0,000	1,000
SEKATI 85	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 86	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 87	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 88	26,00	2,00	0,497	0,000	1,000
SEKATI 89	26,00	2,00	0,497	0,000	1,000
SEKATI 90	25,00	2,00	0,487	0,040	0,921
SEKATI 91	23,00	2,00	0,491	0,000	1,000
SEKATI 92	26,00	3,00	0,504	0,077	0,853
SEKATI 93	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
SEKATI 94	26,00	2,00	0,497	0,000	1,000
SEKATI 95	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 96	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 97	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 98	26,00	2,00	0,493	0,038	0,925

Tabela 4. Cont.

Genótipo	Locos	Na	HE	Ho	F
SEKATI 99	26,00	2,00	0,482	0,038	0,923
SEKATI 100	26,00	2,00	0,500	0,000	1,000
Média	25,85	2,13	0,50	0,02	0,97
Média geral	25,96	2,53	0,318	0,011	0,966