

DESEMPEMHO AGRONÔMICO, CAPACIDADE COMBINATÓRIA E
ANÁLISE MOLECULAR DE LINHAGENS DE MAMOEIRO (*Carica
papaya* L.) EM TOPCROSS

GISLANNE BRITO DE ARAÚJO BARROS

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2015

DESEMPEMHO AGRONÔMICO, CAPACIDADE COMBINATÓRIA E
ANÁLISE MOLECULAR DE LINHAGENS DE MAMOEIRO (*Carica
papaya* L.) EM TOPCROSS

GISLANNE BRITO DE ARAÚJO BARROS

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

Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira

CAMPOS DOS GOYTACAZES, RJ
FEVEREIRO – 2015

DESEMPEMHO AGRONÔMICO, CAPACIDADE COMBINATÓRIA E
ANÁLISE MOLECULAR DE LINHAGENS DE MAMOEIRO (*Carica
papaya* L.) EM TOPCROSS

GISLANNE BRITO DE ARAÚJO BARROS

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

Aprovada em 5 de fevereiro de 2015

Comissão Examinadora:

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

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

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

Prof. Messias Gonzaga Pereira –(Ph.D. em Melhoramento de Plantas) -UENF
(Orientador)

A Deus, meu refúgio e minha fortaleza,
meu amor maior,

OFEREÇO

DEDICATÓRIA

Ao meu marido Francisco Calista de Araújo Junior, pelo seu amor, companheirismo e paciência, indispensáveis nessa minha caminhada.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por se fazer presente em todos os momentos da minha vida e por ter me permitido chegar até aqui;

Aos meus pais, Mirson Umbelino Barros e Gildete Oliveira Brito Barros, pelo amor incondicional e pelos esforços em prol da minha formação profissional;

Aos meus irmãos, Pollyanna e Maciel, pela amizade e companheirismo.

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

À Faperj e à Capes, pelo suporte financeiro do projeto de doutorado;

À empresa Caliman Agrícola, na pessoa de Geraldo Ferreguetti, por todo o apoio para a realização da pesquisa;

Ao professor Dr. Messias Gonzaga Pereira, pelas orientações, ensinamentos, paciência e confiança a mim dispensadas;

Aos meus conselheiros, professor Dr. Alexandre Pio Viana e professora Dra. Telma Nair Santana Pereira, pelas contribuições no desenvolvimento deste trabalho;

À Dra. Helaine Christine Cancela Ramos, pelas orientações, sugestões e apoio em todas as etapas do meu doutoramento;

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

Ao pesquisador da Embrapa, Francisco Rodrigues Freire Filho, pelo apoio e incentivo na minha formação profissional e referência de excelente conduta profissional;

Às técnicas do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Vitória e Marcela, pelo auxílio na execução dos trabalhos, paciência e, acima de tudo, amizade;

Ao secretário Daniel, pelos aconselhamentos e por estar sempre disponível em ajudar.

À equipe do Programa de Melhoramento Genético do Mamoeiro, Fernanda, Lucas, Fábio, Diego Marmolejo e Renato. Sem a ajuda de vocês, este trabalho não teria sido possível;

Às minhas amigas de república Cláudia Roberta, Pakizza Sherman, Cíntia Machado e Cláudia Lougon, pela convivência diária. Obrigada, meninas, por todas as festas que fazíamos a cada almoço juntas. Tudo isso fez com que essa caminhada se tornasse bem mais fácil;

A IBF (Igreja Batista do Flamboyant), na pessoa da Leandra, que me acolheu com muito carinho. Obrigada pelas nossas reuniões de sábado, quando separávamos um tempinho para aprender da palavra de Deus (Bíblia);

À Fernanda Abreu, pela sua amizade e paciência em repassar seus conhecimentos da área de Biologia Molecular;

Aos colegas de disciplinas, Raimundo Nonato, Josie Cloviane, Cláudia Roberta, Cíntia, Cláudia Lougon, Andréa, Artur, Fábio.

Aos colegas de laboratório, Aline, Fernanda, Keyla, Diego Marmolejo, Júlio César, Renato, Pedro Diniz e Geovana;

Ao casal Camilah Zappes e Rafael Granvilla e ao meu amigo Jardel Santos, pelo acolhimento nesta cidade e companhia nos momentos mais difíceis, os primeiros meses. Não tenho nem palavras para expressar a importância que vocês têm para mim;

Às amigas antigas e às novas, que quero guardar para sempre no meu coração: Cláudia Roberta, Cíntia Machado, Cláudia Lougon, Andréa Barros, Fernanda Santana e Helaine Christine;

A todos vocês, o meu muito obrigada....

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS	4
3. REVISÃO DE LITERATURA	5
3.1 Aspectos Gerais da Cultura	5
3.2 Importância Econômica da Cultura	7
3.3 Melhoramento Genético do Mamoeiro	7
3.4 Topcross e o Uso de Testadores no Melhoramento Genético	10
3.5 Capacidade Combinatória: Importância no Melhoramento Genético	11
3.6 Heterose	13
3.7 Marcadores moleculares.....	14
3.8 Correlação	17
4. MATERIAIS E MÉTODOS	19
4.1 Genótipos Utilizados para Obtenção dos Híbridos Topcrosses	19
4.2 Implantação dos Experimentos.....	20
4.2.1 Obtenção dos Híbridos Topcrosses e Obtenção das Progenies Autofecundadas	20
4.2.2 Ensaio de Competição	21
4.3 Características avaliadas	21
4.4 Análises Estatísticas	23

4.4.1. Análise de Variância	23
4.4.2 Capacidade Específica de Combinação	24
4.4.3 Heterose	24
4.4.4 Identificação de linhagens e/ou híbridos quanto à precocidade.....	25
4.5 Metodologia usada para obtenção das variáveis moleculares.....	25
4.5.1. Extração de DNA	25
4.5.2 Seleção dos primer e reações de PCR	26
4.5.3. Eletroforese.....	29
4.5.4. Análise dos dados Moleculares	29
4.5.5 Correlações entre a distância genética e os dados fenotípicos.	30
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	31
5.1 Variáveis Morfoagronômicas: Primeira Época de Avaliação.....	31
5.1.1 Análise de Variância e Parâmetros Genéticos	31
5.1.2 Comparações de Médias	35
5.1.3 Contrastes Ortogonais entre Grupo de Tratamentos	39
5.1.4 Capacidade Específica de Combinação	44
5.1.5 Heterose	53
5.2 Variáveis Morfoagronômicas: Somatório das Três Épocas de Avaliação	58
5.2.1 Análise de Variância e Parâmetros Genéticos	58
5.2.2 Comparações de médias	61
5.2.3 Contrastes ortogonais entre grupos de tratamentos	66
5.2.4 Capacidade Específica de Combinação	70
5.2.5 Heterose	77
5.3 Identificação de Linhagens e/ou Híbridos quanto à Precocidade	82
5.4 Correlações da distância genética molecular com caracteres agronômicos, heterose e capacidade específica de combinação.	91
6. CONCLUSÕES	97
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	99

RESUMO

BARROS, Gislanne Brito de Araújo Barros; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Fevereiro de 2015; DESEMPENHO AGRONÔMICO, E CAPACIDADE COMBINATÓRIA E ANÁLISE MOLECULAR DE LINHAGENS DE MAMOEIRO (*Carica papaya* L.) EM *TOPCROSS*; Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira; Conselheiros: Prof^a. Telma Nair Santana Pereira e Prof. Alexandre Pio Viana.

O presente trabalho objetivou avaliar linhagens de mamoeiro oriundas do genótipo 'Cariflora', convertido para hermafroditismo, selecionadas nas diferentes gerações de retrocruzamento. As linhagens obtidas foram avaliadas tanto *per se* quanto via *topcross*. Para isto, foram feitas autofecundações de 22 linhagens e seu cruzamento com dois testadores elite, de base genética estreita, um do grupo 'Formosa' e outro do grupo 'Solo'. Os híbridos *top crosses* (híbridos T₁ – obtidos de testador Formosa; 'JS-12' e híbridos T₂ – obtidos de testador Solo, 'SS-72/12'), as linhagens *per se* e as testemunhas ('Golden' e 'Tainung') foram avaliados em um delineamento em látice 8x8, parcialmente balanceado, com seis repetições e quatro plantas por parcela. Foram avaliadas as características altura da planta, diâmetro do caule, altura de inserção do primeiro fruto, número de nós sem fruto, número de frutos deformados, número de frutos comerciais, peso médio de fruto, comprimento do fruto, diâmetro do fruto, espessura da polpa, firmeza do fruto, firmeza da polpa, teor de sólidos solúveis e produção. As avaliações foram feitas aos 270, 360 e 450 dias após o plantio no campo. As análises foram feitas

considerando apenas a primeira época de avaliação e, em um segundo momento, o conjunto das três épocas. Para a análise das variáveis, a fonte de variação tratamento foi desdobrada para separar cada grupo de tratamento e verificar seu desempenho individualmente. Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) dos híbridos foram obtidas bem como de heterose com base na linhagem *per se* (heterose funcional) e com base na testemunha (heterose varietal). Na análise molecular, foram utilizados 29 primers microssatélites para quantificar a diversidade genética entre as linhagens, genitores e testadores. Além disso, foram estimados os coeficientes de correlação entre a distância genética obtida via marcador molecular com as características morfoagronômicas, heterose e capacidade específica de combinação. Com base nos resultados obtidos, observou-se diferença significativa entre e dentro dos tratamentos para todas as características. Os híbridos T₁ foram superiores à testemunha 'Tainung' nas características relacionadas à qualidade de fruto, enquanto os híbridos T₂ foram superiores à testemunha 'Golden', tanto nas características relacionadas à qualidade de fruto quanto à produtividade. Nenhum híbrido apresentou boas estimativas de CEC para todas as características, sendo possível destacar os híbridos 6xT₁, 8xT₁, 10xT₁, 16xT₁, 17xT₁ e 20xT₁ com o testador do grupo 'Formosa' e 12xT₂, 16xT₂, 17xT₂, 20xT₂, 21xT₂ e 22xT₂ com o testador do grupo 'Solo' por terem reunido as melhores estimativas para grande parte das características. Houve manifestação de heterose funcional e varietal para todas as características. Na análise molecular, os marcadores SSR foram eficientes em agrupar os genótipos bem como em estimar os parâmetros genéticos moleculares. Foi observada correlação genética significativa entre a distância genética obtida via SSR e algumas características, heterose e CEC. Nos híbridos obtidos com o testador do grupo 'Formosa', quanto maior a distância genética entre a linhagem e o testador maior foi a heterose observada para as características relacionadas ao tamanho do fruto, o que resultou em maior heterose para produção. Por outro lado, nos híbridos obtidos com o testador do grupo 'Solo', observou-se o inverso. Com este estudo, foi possível a identificação de híbridos 'Formosa' e 'Solo', agronomicamente superiores às testemunhas, com destaque maior para os híbridos 'Solo', por produzirem quase o dobro da testemunha 'Golden'. Estes híbridos serão avaliados em ensaio de VCU (Valor de Cultivo e Uso) para, posteriormente, serem indicados aos produtores.

ABSTRACT

BARROS, Gislanne Brito de Araújo; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Fevereiro de 2015; Agronomic performance, combining ability and molecular analysis of lines in papaya (*Carica papaya*L.) in *topcross*; Advisor: Messias Gonzaga Pereira; Committee members: Prof^a. Telma Nair Santana Pereira and Prof. Alexandre Pio Viana.

The present study aimed to evaluate papaya lines derived from the 'Cariflora' genotype converted to hermaphroditism, selected in different backcross generations. The lines were evaluated individually and as Top Cross. Thus, it was performed the selfing and crossing of twenty two lines with two elite testers, of restricted genetic base, one from the 'Formosa' group and the other from the 'Solo' group. Top cross hybrids (hybrids T₁ - Formosa tester; 'JS-12 and hybrid T₂ - Solo tester,' SS-72/12 '), the lines, and two commercial checks ('Golden' and 'Tainung') were evaluated using a 8x8 lattice design, partially balanced, with six replicates and four plants per plot. The following traits were evaluated: plant height, stem diameter, insertion height of the first fruit, number of nodes without fruit, number of deformed fruits, commercial fruits number, average weight of fruit, fruit length, fruit diameter, thickness of pulp, fruit firmness, pulp firmness, soluble solids content and production. Evaluations were performed at 270, 360 and 450 days after planting in the field. Analyses were performed considering only the first evaluation and, after, all three seasons. For the analysis of traits, the source of variation corresponding to treatment was split in order to separate each treatment group

and individually check their performance. Estimates of specific combining ability (SCA) of hybrids were obtained as well as heterosis, which was based on individual lines (functional heterosis) and controls (varietal heterosis). The molecular analysis used 29 microsatellite primers thus, quantify the genetic diversity between lines, genitors and testers. In addition, correlation coefficients between genetic distance and agronomic characteristics, heterosis and specific combining ability were estimated. Based on the results, it was observed significant differences between and within treatments to all traits. T₁ hybrids were superior to 'Tainung' control in regards to traits related to fruit quality, while T₂ hybrid were superior to 'Golden' controls regarding to characteristics related to fruit quality and productivity. No hybrid showed good SCA estimates for all the characteristics, however, it is possible to select the hybrid 6xT₁, 8xT₁, 10xT₁, 16xT₁, 17xT₁ e 20xT₁ with 'Formosa' tester and 12xT₂, 16xT₂, 17xT₂, 20xT₂, 21xT₂ e 22xT₂ with 'Solo' tester with the best estimates for most traits. There was expression of functional and varietal heterosis for all characteristics. During the Molecular analysis, SSR markers were efficient to group genotypes, as well as estimate the molecular genetic parameters. Significant genetic correlation was observed between genetic distance obtained via SSR and some characteristics, heterosis and SCA. For hybrids obtained by the testers of 'Formosa' group, the greater the genetic distance between line and tester, the greater will be heterosis for characteristics related to fruit size, resulting in greater heterosis for production. On the other hand, it was observed the inverse for hybrids with the tester of group 'Solo'. With this study, it was possible to identify 'Formosa' and 'Solo' hybrids that are agronomically superior to checks, with most highlight to 'Solo' hybrids, because they produce about the double produced by 'Golden' checks. Such hybrids will be evaluated in VCU test (Value for Cultivation and Use) so that they can be recommended to producers.

1. INTRODUÇÃO

A fruticultura apresenta inúmeras vantagens econômicas e sociais quando comparada com outras culturas, com destaque para um elevado nível de emprego, melhoria na distribuição de renda, gerando produtos de alto valor comercial, além de excelentes perspectivas de mercado interno e externo (Ide, 2008).

No Brasil, antes da introdução do mamoeiro do grupo 'Solo', praticamente não existiam variedades comerciais para o plantio, uma vez que as sementes utilizadas tinham elevado grau de segregação, predominando o cultivo dos mamoeiros dioicos comuns. Segundo Marin (2001), o mamoeiro cultivado no Brasil apresenta uma base genética estreita, acarretando uma limitação na escolha de cultivares e/ou híbridos comerciais para o plantio, que atendam tanto as exigências dos mercados interno e externo. Visando a minimizar esse problema, os programas de melhoramento genético têm lançado mão de hibridações. Nesse sentido, Marin (2001), estudando a capacidade geral e específica de combinação em genótipos do grupo 'Solo', 'Formosa' e Dioico, observou que o genótipo 'Cariflora' tem excelente capacidade geral e específica de combinação em relação a várias características agrônômicas, em cruzamento com cultivares do grupo Solo. Entretanto, por se tratar de um material dioico, não poderia ser utilizado em programa de melhoramento para a obtenção de linhagens endogâmicas, por não ser possível fazer autofecundações. Desse modo, a única possibilidade de exploração do genótipo 'Cariflora' para obtenção

de cultivares e híbridos uniformes é incorporar ao seu genoma a região que controla o sexo, localizada no cromossomo Y (Ming et al., 2007), responsável pelo hermafroditismo.

Silva et al. (2007a) iniciaram um estudo com o objetivo principal de conversão sexual do genótipo 'Cariflora', do estado dioico (população com plantas femininas e masculinas) para o ginoico-andromonoico (população com plantas femininas e hermafroditas), assistido por marcadores moleculares. Nesse trabalho, foram obtidas populações RC₁ e RC₂ oriundas do cruzamento entre 'Cariflora x Sunrise Solo 783' e, em seguida, selecionadas plantas com elevado grau de semelhança com o genitor recorrente ('Cariflora'). Vários estudos foram desenvolvidos associando o melhoramento clássico com marcadores moleculares para o desenvolvimento, avaliação e condução de populações segregantes oriundas desse cruzamento (Silva et al., 2007b; Silva et al., 2007c; Silva et al., 2008a; Silva et al., 2008b; Ramos et al., 2011a; Ramos et al., 2011b) com o objetivo principal de identificação e seleção de genótipos agronomicamente superiores.

Dando continuidade ao programa de melhoramento visando à conversão sexual do genótipo 'Cariflora', Ramos (2010) obteve as populações RC₃ e Ramos et al. (2012) avaliaram a distância genética entre populações derivadas de três gerações de retrocruzamentos (RC₁, RC₂ e RC₃) para selecionar genótipos superiores para avanço de gerações por autofecundação bem como analisar a eficiência dos dados morfoagronômicos e moleculares em estimar a diversidade genética e distinguir corretamente as progênes avaliadas. Ainda nestas populações, foram desenvolvidas estratégias de seleção combinada para as principais características agrônômicas, respaldadas tanto em valor fenotípico como no valor genético obtido pela metodologia dos modelos lineares mistos, via procedimento REML/BLUMP, para identificação das melhores famílias (Ramos et al., 2014a).

Entretanto, na cultura do mamoeiro, podem ser explorados, além de linhagens, híbridos. Para isso, é necessário conhecer as relações genéticas entre genótipos em cruzamentos e, a partir daí, tomar as decisões pelas melhores combinações genéticas que resultarão em maior sucesso, ou seja, na obtenção de híbridos que apresentem elevada produtividade e boas características relacionadas à qualidade do fruto. Segundo Cruz e Regazzi (1997), os estudos de

capacidade combinatória possibilitam tanto a identificação de genitores para hibridação quanto de híbridos com qualidades superiores bem como auxiliam na identificação do método de seleção mais apropriado, por permitir que parâmetros genéticos sejam conhecidos *a priori*.

Diante disso, visando ao desenvolvimento de híbridos e linhagens superiores, objetivou-se, com este estudo, avaliar o desempenho agronômico e molecular das linhagens *per se* selecionadas de 'Cariflora', convertido ao hermafroditismo, bem como estimar a capacidade específica de combinação e efeito heterótico de híbridos obtidos dessas linhagens, por meio de *Topcross*.

2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Obter híbridos *top crosses* utilizando testadores dos grupos heteróticos 'Formosa' e 'Solo';
- Estimar a capacidade específica de combinação das linhagens e seu potencial para o programa de melhoramento de mamoeiro, visando à identificação de híbridos superiores;
- Avaliar o efeito heterótico dos híbridos tanto com base nas testemunhas (heterose varietal) como com base nas linhagens *per se* (heterose funcional);
- Estimar a distância genética entre as linhagens;
- Verificar se existe correlação entre a distância genética das linhagens via marcadores SSR e a heterose, capacidade específica de combinação e caracteres agronômicos dos híbridos.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Aspectos Gerais da Cultura

Há muitos anos, a origem do mamoeiro vem sendo discutida por vários autores. Badillo (1971) sugere que esta espécie tenha sido originada do Noroeste da América do Sul, mais precisamente na parte alta da Bacia Amazônica, por ser o local de maior diversidade genética da espécie. E só após a descoberta do Novo Mundo, o mamoeiro foi distribuído nos trópicos, principalmente África e Ásia.

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) é uma planta diploide ($2n=2x=18$) pertencente à classe das Dicotyledoneas, subclasse Archichlamydeae, ordem Violales, subordem Caricineae, família Caricaceae, gênero *Carica* (Nakasone e Paull, 1998). Badillo (2001) propôs uma revisão taxonômica, na qual algumas espécies classificadas anteriormente no gênero *Carica* passaram a pertencer ao gênero *Vasconcella*. Dessa forma, *Carica papaya* passou a ser a única espécie do gênero *Carica*.

Em relação aos aspectos botânicos, o mamoeiro apresenta um sistema radicular pivotante, com a raiz principal bastante desenvolvida, caule cilíndrico, variando entre 10 cm a 30 cm de diâmetro, herbáceo e ereto. Suas folhas são grandes, com longos pecíolos fistulosos (Dantas e Neto, 2000). As flores podem ser divididas em três tipos diferenciados: flor feminina, caracterizada por flores com pedúnculo curto, localizada bem junto à axila das folhas, as pétalas são totalmente livres até a parte inferior da corola e apresenta um grande ovário

arredondado cujo ápice é afunilado; flores masculinas, que têm pedúnculo comprido, localizadas longe da axila das folhas, o tubo da corola é estreito e longo, apresentando no seu final pétalas livres, tem órgão masculino e feminino, porém este último geralmente é atrofiado; e flores hermafroditas, que apresentam flores com pedúnculo curto, as pétalas se encontram soldadas da base até quase a metade do seu comprimento e têm tanto órgão feminino, como masculino funcionais (Oliveira et al., 1995). Além dos diferentes tipos florais apresentados pelo mamoeiro, outro fato importante é a reversão sexual das flores. As flores hermafroditas destacam-se como o tipo floral mais vulnerável à reversão (Damasceno Junior et al., 2008).

Storey (1953) classifica a espécie *Carica papaya* L. em três tipos distintos: população dioica, aquela que tem plantas somente com flores femininas e plantas com flores masculinas; população ginoico-andromonoica, aquela que apresenta flores femininas e hermafroditas; e população andromonoico-trioica, que tem flores femininas, hermafroditas e masculinas. Entretanto, a preferência do mercado consumidor tem sido por populações ginoico-andromonoicas, com eliminação das plantas femininas e aproveitamento apenas das hermafroditas, devido ao formato do fruto.

Segundo Hofmeyr (1938), a herança do sexo em mamoeiro é monogênica, com três formas alélicas - M_1 , M_2 e m - em que plantas portadoras do genótipo M_1m , M_2m e mm são masculinas, hermafroditas e femininas, respectivamente. E as combinações dominantes M_1M_1 e M_2M_2 são letais zigóticas. Novas pesquisas demonstraram ser uma herança controlada por um par de cromossomos sexuais. Liu et al. (2004) revelam que plantas femininas são homogaméticas e plantas masculinas e hermafroditas são heterogaméticas com as combinações cromossômicas XX , XY e XY^H , respectivamente. Ming et al. (2007) enfatizam a probabilidade da existência de dois genes estarem envolvidos na expressão do sexo, sendo um supressor do estame em flores femininas (gene feminilizante) e outro gene supressor do carpelo em flores masculinas (gene masculinizante). Um ano depois, novas pesquisas identificaram sete genes na região que controla o sexo, contudo, não foram capazes de diferenciar os três tipos sexuais, por não apresentarem expressão diferenciada (Yu et al., 2008).

3.2 Importância Econômica da Cultura

O mamoeiro é uma fruteira bastante cultivada mundialmente pelo grande aproveitamento dos frutos, que são consumidos maduros, ao natural ou com açúcar, e verdes, em doces ou para extração de papaína e pectina. Na indústria, utiliza-se o fruto maduro para a conservação da polpa. Outros produtos são feitos à base de mamão, como o purê de mamão, mamão cristalizado, saladas de frutas tropicais, geleias, confeitados, gelatina, coquetéis e aperitivos (Manica, 1982). Além disso, o mamão tem diversas características nutricionais, sendo fonte de vitamina A, cálcio e energia, auxiliando no processo digestivo (Souza et al., 2005).

Vista sua grande importância alimentícia, pode-se ressaltar também sua função social, uma vez que a produção do mamão ocorre durante todo o ano e há necessidade de renovação periódica de seus pomares, com isso, a sua produção absorve mão de obra regularmente, gerando empregos (Oliveira, 1994).

Segundo dados apresentados pela FAO (2013), a produção mundial de mamão representa 10% da produção de frutas tropicais, das quais 39% são produzidas na América Latina e Caribe. Destacam-se como os maiores produtores mundiais, Índia, Brasil, Indonésia e República Dominicana. Em 2011, o Brasil produziu 1,5 milhão de toneladas em 32,9 mil hectares (IBGE, 2013). Ainda no mesmo ano, exportou cerca de 30 mil toneladas. Os principais países importadores de mamão brasileiros são Estados Unidos, Holanda, Portugal, Reino Unido e Espanha (FAO, 2013). No Brasil, atualmente, o estado da Bahia ocupa a primeira posição com aproximadamente 683,47 mil toneladas, seguido do Espírito Santo (484,64t), Ceará (86,41t) e Rio Grande do Norte (71,29t) (IBGE, 2013). A região Nordeste destaca-se como principal produtora de mamão no Brasil. No quesito exportações, o estado do Espírito Santo responde por 50% do total (Serrano e Cattaneo, 2010).

3.3 Melhoramento Genético do Mamoeiro

Os primeiros trabalhos de melhoramento genético do mamoeiro foram desenvolvidos por Holfmeyr (1938), Storey (1938) e Horovitz (1954), que abordaram questões sobre o estudo de herança do sexo na cultura.

Atualmente, os programas de melhoramento genético do mamão têm como principais objetivos desenvolver variedades mais produtivas, com a obtenção de plantas resistentes a pragas e doenças, com ausência ou ocorrência mínima de anomalias florais, frutificação precoce, abundante e com início em altura inferior a

90 cm, peso médio de fruto do grupo “Formosa” de 800 a 1.100g e do grupo ‘Solo’ de 350 a 600g, casca lisa e sem manchas, polpa vermelho-alaranjada, cavidade ovariana pequena e em formato estrela, sólidos solúveis acima de 12º Brix e maior longevidade pós-colheita (Dantas et al., 2002).

As variedades de mamoeiro mais cultivadas comercialmente pertencem aos grupos ‘Solo’, que agrega a maioria das cultivares de mamão plantado no mundo e, ‘Formosa’, híbridos comerciais que vêm conquistando espaço tanto no mercado interno quanto externo, com um forte crescimento nas vendas principalmente para a Europa, Canadá e Estados Unidos (Dantas e Oliveira, 2009).

Segundo Costa e Pacova (2003), o Brasil tem dependência externa de germoplasma de mamão melhorado há alguns anos. Pensando na redução dessa dependência, os programas de melhoramento vêm se tornando prioritários em diversas instituições nacionais de pesquisa, contando com parcerias entre as instituições públicas, privadas, universidades e associações nacionais de produtores. Atualmente, no Brasil, as pesquisas de maior expressão na área de melhoramento genético do mamoeiro têm sido desenvolvidas pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, em Campos dos Goytacazes, no estado do Rio de Janeiro; pelo Instituto Capixaba de Pesquisa e Extensão Rural – Incaper, no estado do Espírito Santo; e pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Embrapa (Centro Nacional de Mandioca e Fruticultura), em Cruz das Almas, no estado da Bahia.

A UENF, desde 1996, estabeleceu um programa de melhoramento de mamoeiro, e em parceria com a Empresa Caliman Agrícola S. A., sediada em Linhares, Espírito Santo, vem implementando vários trabalhos de melhoramento genético da cultura. Essa parceria tem obtido bons resultados, possibilitando, em 2002, o registro de nove híbridos de mamoeiro (UENF/Caliman 01 a UENF/Caliman 09), com destaque para UENF/Caliman 01, primeiro híbrido nacional a ser lançado para os produtores, intermediário entre o grupo ‘Solo’ e o grupo ‘Formosa’. Esse híbrido tem mostrado superioridade em relação ao híbrido Tainung 01, do grupo ‘Formosa’, quanto às características do fruto, apresentando elevado teor de sólidos solúveis, aroma intermediário e ótima qualidade de mesa. Em relação à produtividade total, tem apresentado equivalência com o material importado (Pereira et al., 2003). Mais recentemente, foram registrados no

Ministério da Agricultura quatro novos híbridos (UC-10, UC12, UC-14 e UC 16): dois do grupo 'Formosa' e dois do grupo 'Solo'.

Vários estudos voltados para o melhoramento genético da cultura relacionado com as principais características agrônômicas foram desenvolvidos, entre os quais, podem ser citados: comportamento floral, modo de reprodução, predição do sexo, retrocruzamentos, heterose, capacidade combinatória, resistência a doenças, tanto utilizando características morfoagronômicas como ferramentas moleculares.

Silva et al. (2007b), trabalhando com expressão sexual em populações de mamoeiro, identificaram plantas mais estáveis a flutuações de temperatura no inverno e verão. Damasceno Junior et al. (2008), avaliando o comportamento floral de híbrido de mamoeiro em duas estações do ano, observaram que o número de flores hermafroditas foi mais influenciado por fatores ambientais durante o verão, enquanto o número de flores masculinas mostrou-se mais influenciado por fatores genéticos, tanto no verão quanto na primavera. E que o número de flores anômalas (carpeloides e pentândricas), embora não tenha sido observada diferença significativa entre as duas épocas, na primavera apresentou maior média, indicando aumento nas taxas de carpeloidia e pentandria durante os meses mais frios do ano. Ramos et al. (2011a) desenvolveram estudos semelhantes em populações segregantes de mamoeiro e chegaram à mesma conclusão, ou seja, que o inverno e a primavera são as épocas mais propícias para a seleção de genótipos superiores.

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

Oliveira et al. (2007), utilizando marcadores moleculares na predição do sexo em mamoeiro, identificaram o marcador RAPD - BC210, capaz de identificar plantas hermafroditas e femininas. No entanto, tratando-se de plantio comercial, os custos das análises moleculares dificultam a utilização dessa metodologia. Arango et al. (2008), em estudos com o híbrido Tainung 01, observaram nas plântulas que apresentavam maior vigor na emergência das sementes maior proporção de plantas hermafroditas, em contraste com a menor proporção de plantas femininas oriundas de mudas com menor velocidade de emergência de suas sementes.

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

Pinto et al. (2013a) desenvolveram um programa de retrocruzamento para a transferência da característica coloração verde-clara da casca do fruto da cultivar Golden, uma vez que está associada à tolerância à mancha fisiológica do mamoeiro, para a cultivar JS-12. Por meio desta metodologia, foi possível selecionar progênies segregantes para esta característica, detentoras de alto valor genético.

A metodologia dos Modelos Mistos tem auxiliado bastante os programas de melhoramento do mamão. Ela permite a predição dos valores genéticos aditivos e genotípicos dos candidatos à seleção, propiciando uma seleção mais acurada (Resende, 2000). É uma metodologia que proporciona grande flexibilidade de análises e permite contornar dificuldades causadas por desbalanceamento por perda de parcela, fato muito comum na cultura do mamão, em razão da erradicação das plantas com viroses. Oliveira et al. (2012), Pinto et al. (2013c) e Ramos et al. (2014a) trabalharam com modelos mistos para selecionar indivíduos superiores, utilizando características morfoagronômicas, e obtiveram resultados satisfatórios. Vivas et al. (2014) avaliaram sua eficiência na seleção de genótipos resistentes a doenças foliares ocasionadas por fungo, por meio de um dialelo circulante, e também obtiveram sucesso.

3.4 Topcross e o Uso de Testadores no Melhoramento Genético

A metodologia do *topcross* foi desenvolvida por Davis (1927). Ela consiste na avaliação de um grande número de linhagens com um testador comum e tem por objetivo avaliar o mérito relativo das linhagens em cruzamentos com testadores, eliminando aquelas de desempenho agronômico inferior, tornando mais racional e eficiente o programa de híbridos, podendo ainda ser comparado a um dialelo parcial.

Testador é um genótipo cuidadosamente escolhido pelos melhoristas para cruzar com todos os outros genótipos a serem avaliados, e desta forma poder

estimar a capacidade combinatória de cada um dos genótipos avaliados. Em programas de melhoramento, um bom testador para desenvolvimento de híbridos deve oferecer simplicidade no uso, gerar informação que classifique corretamente o potencial relativo das linhagens em cruzamento e maximizar o ganho genético (Duarte et al., 2003). No entanto, ainda é motivo de estudos e discussões sobre o problema da escolha de qual testador promove a melhor discriminação entre linhagens (Hallauer e Miranda, 1995).

A utilização de *topcross* foi então consolidada como um método de significativa importância para a avaliação da capacidade combinatória de um grande número de linhagens desenvolvidas pelos programas de melhoramento, além de conhecer o desempenho de linhagens elite em híbridos (Hallauer et al., 2010).

O *topcross* se propõe avaliar tanto a capacidade geral de combinação, caso o testador utilizado seja de base genética ampla ou a capacidade específica de combinação, caso o testador seja de base genética restrita, quanto a eliminar as linhagens que não tenham mérito considerável para que se promova sua seleção ou autofecundação, de modo a tornar mais eficiente o programa de desenvolvimento de híbridos.

Trabalhos utilizando testadores são muito comuns na cultura do milho (Elias et al., 2000; Duarte et al., 2003; Paterniani et al., 2006; Seifert et al., 2006; Ferreira et al., 2009), não sendo verificados para a cultura do mamoeiro. Há poucos relatos na literatura utilizando essa metodologia, podendo ser citados estudos desenvolvidos por Ide et al. (2009), que utilizaram testadores para selecionar híbridos com boa capacidade produtiva. Recentemente, Vivas et al. (2011) desenvolveram estudos utilizando testadores para estimação da capacidade combinatória e seleção de híbridos com resistência à pinta preta, mancha-de-phoma e mancha-chocolate.

3.5 Capacidade Combinatória: Importância no Melhoramento Genético

Visto que o mamoeiro apresenta uma estreita variabilidade genética (Oliveira et al., 1994), para que ela possa ser utilizada com maior eficiência, é necessário o conhecimento das relações genéticas entre os genótipos que podem ser usados em cruzamentos, para que esse conhecimento seja a base para a tomada de decisões na escolha das melhores combinações genéticas. Segundo

Costa e Pacova (2003), é de fundamental importância conhecer as capacidades de combinações entre os genitores utilizados na pesquisa, buscando selecioná-los para identificar combinações híbridas que resultarão em maior sucesso, ou seja, na obtenção de híbridos que apresentem características desejáveis em menor período de tempo e com melhor aplicação dos recursos financeiros. A escolha dos genitores apenas com base em caracteres desejáveis (desempenho *per se*) é insuficiente para assegurar a obtenção de progênes com elevada frequência de segregantes transgressivos. É necessário, portanto, que os genótipos utilizados nos cruzamentos evidenciem capacidade combinatória em nível expressivo para produzirem, em alta frequência, recombinações favoráveis (Allard, 1971).

Sprague e Tatum (1942) definiram 'Capacidade Combinatória' como o desempenho de linhagens ou cultivares quando usadas em combinações híbridas. A capacidade combinatória de um determinado genitor pode ser medida em termos de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC)(Cruz e Vencovsky, 1989).

A capacidade geral de combinação (CGC) está relacionada a efeitos aditivos, mostrando o comportamento médio dos pais em combinações híbridas, enquanto a capacidade específica de combinação (CEC) está relacionada a efeitos gênicos não aditivos, caracterizando os desvios de combinações híbridas em relação ao desempenho médio dos pais (Sprague e Tatum, 1942).

Marin et al. (2006a), avaliando a capacidade combinatória para características de importância econômica do mamoeiro, observaram que as variedades 'Maradol Roxo' e 'Cariflora', do grupo Formosa, e 'Sunrise Solo TJ' e 'Sunrise Solo 783', do grupo Solo, apresentaram maior capacidade geral de combinação para a característica produção total de frutos. Por outro lado, considerando as características de um modo geral, as combinações híbridas 'Sunrise Solo 72/12 × JS 12', 'Sunrise Solo TJ × JS 12', 'Baixinho de Santa Amália × JS 12', 'Sunrise Solo TJ × JS 11' e 'Sunrise Solo 72/12 × Costa Rica' foram as que se destacaram em relação à capacidade específica de combinação. Nesse mesmo estudo, foram observados efeito genético aditivo para genótipos do grupo Solo para as características peso médio dos frutos, conteúdo de sólidos solúveis, altura da planta e teste de degustação, e efeito genético não aditivo em genótipos

do grupo Formosa para as mesmas características, exceto para peso médio do fruto.

Estudos para estimar a capacidade específica de combinação em mamoeiro foram desenvolvidos por Ide et al.(2009), que observaram que nenhum genótipo apresentou capacidade específica de combinação positiva para todas as características, mas foi possível selecionar os melhores híbridos, considerando características morfológicas produtivas, que conferem qualidade ao fruto.

A metodologia de cruzamentos dialélicos é extensivamente utilizada pelos melhoristas para a estimação da capacidade combinatória. Vivas et al.(2012) e Vivas et al.(2013), utilizando um esquema de dialelo em mamoeiro, selecionaram híbridos resistentes a doenças fúngicas e obtiveram resultados que orientarão os programas de melhoramento voltados para resistência a doenças.

3.6 Heterose

A constatação da heterose foi um dos maiores acontecimentos na história do melhoramento de planta. Também conhecida como vigor híbrido, este fenômeno vem sendo um dos assuntos mais intensamente estudados há muito tempo, acumulando considerável conhecimento teórico e prático, que permitiram destacar a sua importância em programas de melhoramento genético. Segundo Paterniani (2001), a heterose é a diferente expressão genética desenvolvida entre híbridos e seus parentais. Um híbrido expressa heterose quando apresenta uma superioridade em relação à média dos genitores, por outro lado, do ponto de vista comercial, quando é superior ao melhor genitor - heterobelitose. O que se pode esperar com a exploração do seu estudo é um aumento da produtividade, entretanto, várias outras características podem ser maximizadas (Allard, 1971).

Oliveira et al. (2004), avaliando o teor de proteína total nos grãos em populações de milho, observaram uma heterose média de 17,58%, revelando uma superioridade dos híbridos em relação aos genitores.

Alves et al. (2008) estudaram o efeito da heterose em 24 híbridos de milho oriundo de um dialelo parcial e observaram em todos os híbridos heterose positiva para as características avaliadas, exceção feita para dois híbridos que obtiveram heterose negativa para as características peso da espiga (PE) e peso dos grãos (PG).

Lalla et al. (2010), trabalhando com a cultura de pepino, avaliando a capacidade combinatória e a heterose em híbridos oriundos de *topcrosses*, obtiveram heterose positiva para os híbridos H1Y e H3Y para todas as características, exceto para massa média de frutos comerciais e porcentagem de frutos comerciais.

No mamoeiro, efeitos benéficos da heterose foram observados por Lassoudiere (1968), trabalhando com um híbrido F₁, proveniente do cruzamento entre os genótipos “Philippine” x “Solo”, que se mostrou mais vigoroso e com florações mais precoces,

A heterose também foi observada e apontada por Mekako e Nakasone (1975) em cruzamentos interespecíficos de *Carica cauliflora* x *C. goudotiana* e *C. cauliflora* x *C. monoica*. Em ambos os cruzamentos, as características altura da planta, número de frutos, diâmetro e peso médio do fruto na geração F₁ foram significativamente superiores aos seus genitores. Badillo (2001), em sua revisão taxonômica, reclassificou todas estas espécies citadas acima dentro do gênero *Vasconcella*, ficando no gênero *Carica* apenas a espécie *Carica papaya*.

Trabalhos mais recentes foram desenvolvidos para avaliar a heterose no mamoeiro. Marin et al. (2006b) estudaram o efeito da heterose em híbridos de mamão oriundos de cruzamentos dialélicos parciais para oito características para estimar a heterose. Os híbridos F₁ apresentaram heterose positiva para todas as características, com valores variando de 0,83 a 35,97%, exceto para as características degustação de sabor e número de frutos por planta avaliados aos 270 dias após o transplântio. Cardoso et al. (2011) também observaram presença de efeito heterótico em híbrido de mamoeiro, possibilitando assim ganhos genéticos significativos. Cardoso et al. (2014) obtiveram híbridos promissores dentro dos grupos heteróticos Formosa e Solo. Vivas et al. (2012) identificaram heterose para resistência à pinta preta em mamão, tanto em cruzamento inter quanto intragrupo heteróticos, e no segundo caso especialmente para o grupo heterótico ‘Solo’.

3.7 Marcadores moleculares

Até meados dos anos 60, a identificação das características de importância econômica era obtida basicamente por marcadores morfológicos respaldados em características fenotípicas. E apesar de serem marcadores bastante influenciados

pelo ambiente e apresentarem um número bastante limitado, eles deram e ainda continuam dando uma contribuição enorme aos programas de melhoramento de plantas. Vinte anos depois surgiram os marcadores alicerçados no DNA. O avanço principal dessa nova classe de marcadores é a possibilidade de acessar diretamente o genótipo de um indivíduo, evitando, assim, que a expressão do fenótipo seja influenciada pelo ambiente, além de serem praticamente ilimitados em número, de fácil detecção e se comportarem como “caracteres” de herança simples e previsível.

As características do DNA que diferenciam dois ou mais indivíduos e que são herdadas geneticamente são conhecidas como marcadores moleculares. Borém e Caixeta (2009) caracterizam marcadores moleculares como ferramentas úteis para detectar variações no genoma, aumentando o poder de análises genéticas das plantas.

Os marcadores moleculares atualmente disponíveis diferenciam-se pela tecnologia utilizada para revelar a variabilidade em nível de DNA, variando quanto à habilidade de detectar diferenças entre indivíduos, custo, facilidade de uso, consistência e repetibilidade. De acordo com Milach (1998), os marcadores moleculares podem ser classificados em dois grupos: os de hibridação e os de amplificação do DNA. Destacam-se como marcadores que têm por base a hibridação o RFLP (Restriction fragment length polymorphism), minissatélites ou VNTR (Variable number of tandem repeats). Por outro lado, aqueles marcadores que têm por base a amplificação do DNA incluem os marcadores do tipo RAPD (Random amplified of polymorphic DNA), SCAR (Sequence characterized amplified regions), STS (Sequence tagged sites), microsatélites ou SSR (Single sequence repeats), AFLPs (Amplified fragment length polymorphism) e SNP (Single nucleotide polymorphism). Atualmente, este último tem por base os sequenciamentos.

A utilização de uma ou outra técnica deve sempre levar em consideração o problema que efetivamente apresenta no melhoramento da cultura, uma vez que cada um destes marcadores tem suas vantagens e desvantagens (Ferreira e Grattapaglia, 1995).

Os microsatélites constituem uma das classes de marcadores mais indicadas para estudar o polimorfismo entre sequências de DNA. Eles se caracterizam por apresentar um a seis nucleotídeos repetidos em *tandem*. São

multialélicos e apresentam padrão de herança mendeliana, além de serem co-dominantes e terem por base a PCR (reação em cadeia da polimerase) (Ferreira e Grattapaglia, 1995; Borém e Caixeta, 2009).

Entre as aplicações dos marcadores moleculares no melhoramento genético de plantas, pontificamos estudos de diversidade genética, caracterização de acessos de germoplasma e variedades, seleção de genitores, recuperação mais rápida do genoma do genitor recorrente em programas de retrocruzamentos, seleção assistida, análise de identidade genética ou fingerprinting, desenvolvimento de mapas genéticos e seleção genômica ampla. Entretanto, é importante mencionar que as avaliações fenotípicas contabilizando os efeitos ambientais e das interações genótipos versus ambiente continuarão sendo de grande importância e essenciais para subsidiar os programas de melhoramento genético (Faleiro et al., 2011).

Diversos estudos têm sido desenvolvidos empregando marcadores moleculares na cultura do mamão para as mais diferentes finalidades. Oliveira et al. (2007), utilizando marcadores de DNA do tipo RAPD, objetivando predição do sexo, encontraram um marcador capaz de identificar plantas femininas e hermafroditas, revelando grande potencial para ser usado na seleção assistida. Foi constatado também o uso de marcadores AFLP na caracterização de genótipos de mamão, mostrando ser bastante eficiente na detecção de polimorfismo, permitindo estimativas de alta variabilidade genética, mesmo entre as principais cultivares utilizadas pelos agricultores no Brasil (Oliveira et al., 2011).

Ramos et al. (2012) utilizaram marcadores RAPD e ISSR para estimar distância genética entre progênies de mamão oriundas de retrocruzamentos por meio de análise multivariada e assim selecionar os mais divergentes. Jesus et al. (2013) utilizaram marcadores do tipo ISSR e AFLP em estudos de diversidade, que permitiram o agrupamento dos genótipos com base no critério mais utilizado para a classificação do mamoeiro, que é o tipo de fruto ('Formosa' ou 'Solo'). A análise da distância genética por meio de marcadores SSR com base na estatística bayesiana mostrou-se sensível para detectar as relações entre acessos de mamoeiro (Matos et al., 2013).

Marcadores SSR foram utilizados para monitorar a transferência da característica Golden, coloração verde-clara apresentada tanto pelos frutos

quanto pelas folhas, além de quantificar a proporção do genitor recorrente nas progênes avaliadas e, assim, auxiliar na seleção de genótipos com característica 'Golden' (Pinto et al., 2013b). Ramos et al. (2014b) também lançaram mão dos marcadores SSR para verificar a proporção do genoma do genitor recorrente em progênes oriundas de três gerações de retrocruzamento em um programa de melhoramento visando à transferência do gene do hermafroditismo do genótipo 'SS 783' para o genótipo dioico Cariflora, além de estimar a distância genética entre elas.

3.8 Correlação

Em um programa de melhoramento de plantas, é de suma importância conhecer a associação entre características para então avaliar o quanto a alteração de um caráter pode afetar os demais. Estas estimativas podem auxiliar os melhoristas na seleção de caracteres que apresentam dificuldade de serem avaliados por causa de sua baixa herdabilidade ou por problemas de medição e identificação. A correlação pode ser diretamente mensurada por medidas de dois caracteres em um determinado número de indivíduos que representa uma população, sendo conhecida como fenotípica. Esta correlação tem causas genéticas e ambientais. Por outro lado, tem-se a correlação genética que é de natureza herdável, podendo ser utilizada nos programas de melhoramento (Cruz et al., 2012). Segundo Falconer. (1996), a correlação genética tem duas causas: a pleiotropia e a ligação gênica.

Quando duas características apresentam correlações genéticas favoráveis, é possível obter ganhos para uma delas por meio de seleção indireta. No entanto, se um caráter se correlacionar negativamente, é necessário tomar bastante cuidado para não provocar mudanças indesejáveis em outros caracteres.

Silva et al. (2007c), avaliando genótipos de mamoeiro, estimaram a correlação genotípica entre quinze características morfoagronômicas. Esses autores observaram que a seleção de plantas com maiores diâmetros de caule pode resultar em plantas mais produtivas em razão da alta correlação genética entre essas duas características. Oliveira et al. (2010) identificaram estimativas de correlação genética maiores do que a fenotípica, indicando maior influência do genótipo sobre os efeitos ambientais, conseqüentemente, maiores ganhos genéticos com a seleção. Além disso, ressaltaram ainda que, entre as características que apresentam facilidade de mensuração e que se manifestam

antes da produção de frutos em mamão, a altura da planta, o número de flores por pedúnculo e a largura de folhas têm alto potencial para uso em programas de melhoramento genético visando à seleção indireta de número de frutos por planta. Ferreira et al. (2012) observaram correlação positiva e significativa para quase todas as características avaliadas em um estudo desenvolvido com genótipos do banco de germoplasma da empresa Caliman Agrícola. Isso significa grande chance de ganhos com a seleção indireta.

Estudo de correlações envolvendo a distância genética via marcadores moleculares com o desempenho dos híbridos,- heterose, capacidade específica de combinação e até mesmo caracteres morfoagronômicos - tem sido conduzido para algumas culturas. Guimarães et al. (2007) identificaram correlação positiva entre heterose e distância genética obtida por marcadores AFLP e SSR, contudo, não foi observada correlação com a capacidade específica de combinação e produtividade em híbridos de milho. Resultados semelhantes foram encontrados por Paterniani et al. (2008) na cultura do milho. Costa et al. (2011) estimaram a distância genética via marcadores ISSR na cultura do maracujá amarelo e conduziram estudo de correlação com a heterose, capacidade específica de combinação e média das características e observaram ausência de correlação, não permitindo predizer o desempenho dos híbridos. Entretanto, não há na literatura nenhum estudo desta natureza para a cultura do mamoeiro.

4. MATERIAIS E MÉTODOS

4.1 Genótipos Utilizados para Obtenção dos Híbridos *Topcrosses*

Foram utilizadas 22 linhagens de mamoeiro provenientes do retrocruzamento entre o genótipo dioico ‘Cariflora’ e a variedade elite ‘Sunrise Solo 783’ (SS 783), selecionadas de trabalhos de Silva (2006), Ramos (2007) e Ramos (2010), em diferentes níveis de endogamia e gerações de retrocruzamentos. Esta seleção se baseou tanto em produtividade quanto em atributos de qualidades de fruto como firmeza do fruto, da polpa e teor de sólidos solúveis. Das 22 linhagens, nove estão na primeira geração de retrocruzamento (RC₁); uma, na segunda geração (RC₂); sete, na terceira geração (RC₃); quatro linhagens são oriundas de Bulk da RC₃ (duas linhagens do bulk 1 – formados por frutos pequenos; e duas do bulk 2 – formados por frutos grandes); um material segregante; além dos dois testadores de base genética estreita: SS-72/12, do grupo ‘Solo’; e o JS-12, do grupo ‘Formosa’ (Tabela 1).

O ‘Cariflora’ é um genótipo dioico que apresenta frutos de polpa amarela, com moderada firmeza, peso médio de aproximadamente 1,67 kg, além de agradável sabor e aroma (Conover et al., 1986). O genótipo ‘SS 783’ é uma variedade elite com fruto piriforme, pesando em torno de 0,52 kg, de polpa vermelha e de boa qualidade. Em relação aos testadores, tem-se o SS-72/12, uma cultivar bastante produtiva, precoce, com fruto piriforme a ovalado de aproximadamente 450g, polpa vermelha alaranjada, resistente ao transporte e armazenamento. O JS-12 se destaca com relação às características referentes à

qualidade do fruto, apresentando maior contribuição para a melhoria do sabor da polpa (Marin et al., 2003).

Tabela 1. Genótipos de mamoeiro utilizados na pesquisa para obtenção dos híbridos *topcross*. Linhares, Espírito Santo, 2015.

Identificação	Trat.	Rep.	Planta	Origem das linhagens
1	6	I	4	1º geração de retrocruzamento, 5ª autofecundação
2	6	IV	10	1º geração de retrocruzamento, 5ª autofecundação
3	6	IV	9	1º geração de retrocruzamento, 5ª autofecundação
4	11	II	3	1º geração de retrocruzamento, 5ª autofecundação
5	12	I	4	1º geração de retrocruzamento, 5ª autofecundação
6	14	II	4	1º geração de retrocruzamento, 5ª autofecundação
7	17	II	7	1º geração de retrocruzamento, 5ª autofecundação
8	21	II	7	1º geração de retrocruzamento, 5ª autofecundação
9	21	III	5	1º geração de retrocruzamento, 5ª autofecundação
10	22	I	4	Segregante
11	20	I	9	2º geração de retrocruzamento, 4ª autofecundação
12	26	II	3	3º geração de retrocruzamento, 3ª autofecundação
13	27	I	5	3º geração de retrocruzamento, 3ª autofecundação
14	28	IV	7	3º geração de retrocruzamento, 3ª autofecundação
15	30	I	4	3º geração de retrocruzamento, 3ª autofecundação
16	31	I	3	3º geração de retrocruzamento, 3ª autofecundação
17	32	IV	3	3º geração de retrocruzamento, 3ª autofecundação
18	34	III	1	3º geração de retrocruzamento, 3ª autofecundação
19	37	II	6	B ₁ /RC ₃ , 2ª autofecundação
20	39	II	5	B ₁ /RC ₃ , 2ª autofecundação
21	38	II	9	B ₂ /RC ₃ , 2ª autofecundação
22	40	I	9	B ₂ /RC ₃ , 2ª autofecundação
⁽¹⁾ 23	JS-12	-	-	-
⁽²⁾ 24	SS72-12	-	-	-

⁽¹⁾ testador do grupo 'Formosa'; ⁽²⁾ testador do grupo 'Solo'. As colunas 2, 3, 4 e 5 são identificações obtidas de Ramos, 2010.

4.2 Implantação dos Experimentos

4.2.1 Obtenção dos Híbridos Topcrosses e Obtenção das Progênes Autofecundadas

A obtenção dos híbridos *topcrosses* foi feita pelo cruzamento das 22 linhagens de mamoeiro com os dois testadores SS-72/12 e JS-12. Inicialmente, as sementes foram plantadas em bandejas, utilizando uma bandeja com 96 tubetes para cada linhagem e testador. O transplântio das mudas para o campo foi feito cerca de 45 dias após a germinação. Foi efetuado o plantio de quatro mudas por cova para cada linhagem e testadores, na distância de 10 cm uma da

outra. Três meses após o transplântio, procedeu-se à sexagem das mudas, mantendo uma planta por cova, num total de oito plantas.

A obtenção das progênies autofecundadas foi realizada com a proteção de flores em plantas hermafroditas em cada uma das linhagens e dos cruzamentos por meio da coleta de flores hermafroditas nas linhagens, em seguida, foi feita a polinização das flores femininas nos testadores.

4.2.2 Ensaio de Competição

O experimento foi instalado na área comercial da empresa Caliman Agrícola S/A, município de Linhares, Estado do Espírito Santo, Brasil.

Após a obtenção dos híbridos dos cruzamentos das linhagens com cada um dos testadores e das linhagens autofecundadas artificialmente, foi conduzido um ensaio de competição. Sessenta e seis genótipos, compreendendo 22 linhagens autofecundadas, 20 híbridos oriundos do cruzamento com o testador 'JS-12', 22 híbridos do testador 'SS-72/12', além de duas testemunhas comerciais, a cultivar 'Golden' e o híbrido 'Tainung', foram utilizados na pesquisa.

A semeadura nas bandejas foi feita em dezembro de 2012, e as mudas transplantadas para o campo um mês após o plantio. O desbaste foi feito em abril de 2013, deixando apenas as plantas hermafroditas. O delineamento experimental utilizado foi um látice quadrado 8 x 8, parcialmente balanceado, com seis repetições e oito blocos, sendo cada parcela experimental composta por quatro plantas, em um espaçamento de 3,60 m entre fileiras e de 1,50 m entre plantas na fileira.

As adubações, o manejo, o controle de pragas e doenças e os tratamentos culturais utilizados foram os mesmos adotados nos plantios comerciais da empresa Caliman Agrícola S/A.

4.3 Características avaliadas

Foram feitas três avaliações, aos 270, 360 e 450 dias após o plantio para as seguintes características.

- Diâmetro do caule (DC-mm): diâmetro do caule a 20 cm do solo;

- Altura da planta (AP-cm): medida com o auxílio de uma régua, do nível do solo até o último par de folhas;
- Altura da inserção do primeiro fruto (AIPF-cm): medida do pecíolo do primeiro fruto até o solo;
- Número de frutos por planta (NFP-un): obtido pela contagem do número total de frutos com características comerciais;
- Deformações no fruto (DF-un): as deformações do fruto foram avaliadas pela contagem de frutos carpeloides e pentândricos presentes em cada planta;
- Produção total de frutos (PROD-Kg/p): foi obtida para cada parcela pela multiplicação do número de frutos comerciais pelo peso médio de frutos;
- Número de nós sem frutos (NNSF-un): obtido pela contagem dos nós sem frutos, que corresponderam às flores “estéreis de verão” ou às flores estaminadas que se diferenciaram no mínimo três meses antes de cada avaliação;
- Peso médio do fruto (PMF-g): expresso em gramas e obtido pela média da pesagem de cinco frutos de cada parcela, feita em balança analítica;
- Comprimento do fruto (CF-mm): obtido pela aferição a partir das extremidades do fruto, com o auxílio de um paquímetro, pela média de cinco frutos por parcela;
- Diâmetro do fruto (DF-mm): obtida através da medição de região mediana do fruto com auxílio de um paquímetro, pela média de cinco frutos por parcela;
- Espessura da polpa (EP-cm): determinada pela média de duas medidas (espessura maior e menor), após corte transversal do fruto, por meio do uso de régua;
- Teor de sólidos solúveis (°BRIX): obtido pelo uso de um refratômetro digital, em uma amostra de cinco frutos por parcela;
- Firmeza do fruto e da polpa (FF e FP): a firmeza do fruto foi medida por perfurações em três pontos equidistantes na região equatorial do fruto; de forma semelhante foi feita a medição da firmeza da polpa, porém, na parte interna do fruto. Utilizou-se o aparelho denominado Penetrômetro de Bancada (*Fruit Pressure Tester*, Italy, Modelo 53205), com adaptador de 3,0 x 3,0 cm (altura x diâmetro), expressa em Newton (N).

As análises foram feitas considerando apenas a primeira época de avaliação para identificar os híbridos e/ou linhagens mais precoces, em um segundo momento, foi feita uma análise com o somatório das épocas.

Para as análises do somatório das épocas, as características peso médio do fruto, comprimento do fruto, diâmetro do fruto, espessura média da polpa, firmeza do fruto, firmeza da polpa e teor de sólidos solúveis foram obtidas pelo somatório das médias ponderadas pelo número de frutos comerciais, obtidos por três épocas de avaliações; enquanto para produção, número de frutos comerciais, número de frutos deformados e número de nós sem frutos, foi utilizado o somatório das três épocas.

4.4 Análises Estatísticas

4.4.1. Análise de Variância

Para cada característica avaliada, foram feitas análises de variâncias individuais de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + r_j + b_{k(j)} + T_i + \varepsilon_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} é a observação referente ao i-ésimo tratamento no k-ésimo bloco, dentro da j-ésima repetição;

μ é a média geral;

r_j é o efeito da j-ésima repetição;

$b_{k(j)}$ é o efeito do k-ésimo bloco, na j-ésima repetição;

T_i é o efeito do i-ésimo tratamento; e

ε_{ijk} é o erro experimental \sim NID $(0, \sigma^2)$.

Por se tratar de um delineamento em látice, foram obtidas as médias ajustadas para bloco dentro de repetição para todas as características avaliadas por meio do módulo “proc GLM”, do software SAS. O efeito de genótipo foi considerado fixo.

Antes da análise de variância, foram verificadas as pressuposições básicas do modelo matemático (normalidade e independência dos erros). Apenas a

característica NFD não atendeu as pressuposições, sendo, portanto, submetida a uma transformação do tipo $\sqrt{x + 0,5}$.

Além destas análises, foram estimados outros parâmetros como a média (\bar{x}), o coeficiente de variação experimental (CVe) e o coeficiente de determinação genotípico (H^2).

Contrastes ortogonais entre os grupo de genótipos (linhagens, híbridos *topcrosses* obtidos do testador 1 (T_1), híbridos *topcrosses* obtidos do testador 2, (T_2) e testemunhas ('Golden' e Tainung') foram obtidos com o objetivo de comparar, pelo teste F, cada um destes grupos em relação às características avaliadas.

Todas as análises foram efetuadas com o auxílio do software SAS (Statistical Analyses System-SAS Institute, 2003), versão 9.1.

4.4.2 Capacidade Específica de Combinação

As estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) foram obtidas para cada grupo heterótico de acordo com a expressão abaixo descrita por Hallauer et al. (2010), através da diferença entre a média de cada um dos híbridos obtidos de um testador (\bar{X}_e) e a média geral dos cruzamentos (\bar{X}_g) com o mesmo testador.

$$\text{Testador 1: } CEC_{gT1} = \bar{X}_{e.T1} - \bar{X}_{g.T1}$$

$$\text{Testador 2: } CEC_{gT2} = \bar{X}_{e.T2} - \bar{X}_{g.T2}$$

Onde: T_1 = testador 1 ('JS-12') e T_2 = testador 2 ('SS-72/12')

4.4.3 Heterose

As estimativas de heterose para cada característica avaliada foram obtidas tanto com base nas linhagens *per se*, heterose funcional, quanto na variedade padrão (heterose varietal).

$$hij\% = \frac{\bar{X}_{ij} - \bar{X}_i}{\bar{X}_i} * 100$$

Em que $h_{ij}\%$ é a heterose do cruzamento das linhagens S_i com o testador j ;

\bar{S}_{ij} é a média do *topcross* da linhagem com o testador j ; e

\bar{S}_i é a média da linhagem *per se* ou da variedade padrão.

4.4.4 Identificação de linhagens e/ou híbridos quanto à precocidade

Para a identificação das linhagens e/ou híbridos precoces, utilizou-se o percentual de produção obtido na primeira época de avaliação com base no somatório das três épocas de avaliações.

4.5 Metodologia usada para obtenção das variáveis moleculares

4.5.1. Extração de DNA

A extração, a quantificação do DNA genômico e a genotipagem dos indivíduos foram feitas no Setor de Marcadores de DNA/LMGV da UENF. O DNA foi extraído de folhas jovens de mamão das 22 linhagens, dos testadores JS-12 e SS-72/12 e dos genitores 'Cariflora' e SS-783, utilizando o Kit *DNeasy Plant Mini Kit* da QIAGEN, seguindo a metodologia descrita pelo seu fabricante. As amostras foram coletadas em bulk, com isso, seria amostrado o maior número possível de formas alélicas. Após a extração, o DNA foi submetido à quantificação no aparelho espectrofotômetro NanoDrop® 2000c (Thermo Scientific®) para mensurar a concentração de DNA genômico, com leitura das absorbâncias no comprimento de onda de 260nm. Além disso, foram avaliadas a concentração e a qualidade do DNA em gel de agarose a 1%, utilizando o marcador High DNA Mass Ladder da Invitrogen, corada com a mistura de "Blue Juice" 6X com "GelRed™", na proporção de 1:1. As imagens foram reveladas pelo sistema de fotodocumentação MiniBis Pro (Bio-Imaging Systems). Posteriormente, as 26 amostras foram padronizadas na concentração de $5\text{ng}/\mu\text{l}^{-1}$ e mantidas no freezer a $-20\text{ }^\circ\text{C}$.

4.5.2 Seleção dos primer e reações de PCR

Inicialmente foi feito um *screening* dos iniciadores microssatélites com os genitores para a identificação de locos polimórficos. Foram utilizados 120 iniciadores desenvolvidos por Eustice et al. (2008), Na et al. (2012) e Vidal et al. (2014). Destes 120 iniciadores, 29 foram selecionados por possibilitaram uma diferenciação bem definida dos genitores: 10 de regiões gênicas e 19 das regiões genômicas(Tabela 2).

Tabela 2. Identificação dos *primers* utilizados na genotipagem das 26 amostras.

Lócus	Sequência dos primers 5' → 3'	GL	Ta (°C)	Referência	Natureza do primer
spctg177_445 ^a	F: TCCTACGAAGGACCAATTAAGCA R: TCTTTGCAAGTGTTTTGCATCA	1	58	Na et al. (2012)	Genômico
spctg177_492 ^a	F: ACTCCAGCTAGCTAGGGAATTTTT R: GCACCACTTTCCCAATTTCA	1	58	Na et al. (2012)	Genômico
BorderB_1029 ^a	F: TCCGAAGAAAACATTGGCCTT R: TGGTGAGATCTTGTGAGCTTGAA	1	65	Na et al. (2012)	Genômico
BorderB_1138 ^a	F: TGGGTTGGTGGAGGAAATGT R: TGGTCTCGATGCATGTAAGAATTG	1	61	Na et al. (2012)	Genômico
BorderB_1565 ^a	F: TGGATTTGAATTTGGAAGCATTG R: TGGCATGGATTCCTGCAATA	1	58	Na et al. (2012)	Genômico
BorderB_1801 ^a	F: ACTGTCCGCATTGACAGGGT R: TCAACATCCAAACGACTTCCC	1	58	Na et al. (2012)	Genômico
BorderB_242 ^a	F: TCAGCCAATGTAGTTGTCAGGA R: CAGCGGTAGCTGCTGTGAA	1	58	Na et al. (2012)	Genômico
Cpa_SRR_006491	F: GCTTAGCATCCCACAGCCT R: AGGCCAAGGAGATTACTGTTCT	1	58	Vidal et al.(2014)	Gênico
Cpa_SRR_003756	F: TGCACTGGATCGATAAGCCA R: ACATTGGCACCGGTTGTT	2	58	Vidal et al. (2014)	Gênico
Cpa_SRR_008530	F: ACGTTTGGTCACCGCGAT R: GGTTTTGAAGAATGACGGAGAGG	3	58	Vidal et al. (2014)	Gênico
Cpa_SRR_014150	F: ACCCAACCCACACCAAAAAGT R: ACCCCTACTAGATTTGTGTTGGT	4	58	Vidal et al. (2014)	Gênico
Cpa_SRR_015338	F: TCCAAAATGTATCATGCACACGT R: GCAAACCCAGATCCACCCT	4	65	Vidal et al. (2014)	Gênico
Cpa_SRR_017777	F: GGCGGCCATTGTTGAATCA R: GACCTGGATATGCGCGAGT	4	58	Vidal et al. (2014)	Gênico
Cpa_SRR_003431	F: GGTCGTGGTTCTAATTGGTGGA R: ACCCACACGAAGCTTGCT	5	58	Vidal et al. (2014)	Gênico

Tabela 2. Cont.

Lócus	Sequência dos primers 5'→ 3'	GL	Ta (°C)	Referência	Natureza do primer
Cpa_SRR_017246	F: TGGTGGGATTTTGGTGGGA R: GTGGTGGTGGCAGGATCAA	8	58	Vidal et al. (2014)	Gênico
Cpa_SRR_014627	F: TGGAGGCTCGAGTCCAAGA R: CAACCGACACCCACCAACT	9	63	Vidal et al. (2014)	Gênico
Cpa_SRR_007112	F: ACCGCCACCGTCAATCAA R: ACACCAGGCAGCATTCCA	9	58	Vidal et al. (2014)	Gênico
P8K39CC	F: CGTCAAGTTGTTGGGTTGGTC R: TGACATCTCCGAAGAGCTGAGA	1	60	Eustice et al. (2008)	Genômico
P3K6912CC	F: TGAAGCCTCAGTGAATCCAAA R: CCCATGGGAACACATCTATTG	2	60	Eustice et al. (2008)	Genômico
P3K1850CC	F: TTTCTCCCACATGACCCACA R: GGGGGTGCTTTGGAATCTTT	2	60	Eustice et al. (2008)	Genômico
CPM1621CC	F: ATGGTAACCCAGCGTGAGGA R: ACGCCAAATATTCCCAACCC	3	60	Eustice et al. (2008)	Genômico
P3K7484C0	F: CGGTAGCGACTCATCGGACT R: TTGACTCGCGAGGAAAGGAG	10	60	Eustice et al. (2008)	Genômico
P3K1200CC	F: TGGTCCTCGAACGAATAGTGA R: TGATCATCATGCATCTACCAGC	1	63,5	Eustice et al. (2008)	Genômico
ctg-14CC	F: GAAAAGGATATGGCGCAACCT R: AGTTCCAGGAAATTGCGGGT	3	60	Eustice et al. (2008)	Genômico
P6K128CC	F: GCCGGCTCAGGAGTTAAGA R: CAATGACCAAACGCCACACA	4	63,4	Eustice et al. (2008)	Genômico
CPM766CC	F: TACCAAGTTCAGCAAGCGGT R: ATACTTTCTCCCCCTTCGGA	8	60	Eustice et al. (2008)	Genômico
P6K268CC	F: ATGCTTGAGGGACAACCCTT R: AAAAGTATGCAGTCCCCAGTTG	4	63,5	Eustice et al. (2008)	Genômico
P3K3510C0	F: GTAGCCGAACGCACAACACA R: CGTGTAAGAAGCGGTAGATCG	12	60	Eustice et al. (2008)	Genômico
P3K3968A5	F: TGCGATCGAAAGGTTCTTGAG R: TGGAAATGGCTGGTTTTGTCA	4	60	Eustice et al. (2008)	Genômico

As reações de amplificações de DNA foram feitas de acordo com Ramos et al. (2011b), com algumas adaptações. Utilizou-se um mix de reagentes com volume de 13 μ L, numa concentração final de tampão 1XPCR; 0,2mM dNTP; 2,0 de $MgCl_2$; 0,52 μ M de cada primer; 0,6U de Taq DNA polimerase; 5ng de DNA e água ultra pura estéril suficiente para completar o volume de 13 μ l. O programa utilizado para a reação de PCR consistiu em um ciclo por 4 minutos a 94°C para a desnaturação inicial do DNA, seguido de 35 ciclos com 30 segundos a 94°C para desnaturação, 1 minuto a Y°C para o anelamento dos iniciadores e 1 minuto e 30 segundos a 72°C para a extensão dos primers e, posteriormente, um ciclo de 6 minutos a 72°C para a extensão final. E Y é a temperatura específica de cada primer (Tabela 2). Foi feito um gradiente de temperatura para alguns primers para identificação da temperatura de amplificação ideal. Estas temperaturas variaram entre 58 e 65°C, de acordo com cada iniciador. As amplificações foram feitas utilizando um termociclador da Eppendorf.

4.5.3. Eletroforese

Primeiramente, os produtos de amplificação foram submetidos à eletroforese em gel de agarose a 2% para quantificar o material e, posteriormente, ajustar a diluição com base nas imagens obtidas pelo gel, tendo sido visualizados pelo sistema de fotodocumentação MiniBis Pro. Em seguida, foram feitas as diluições do produto da amplificação, utilizando 2 μ l de material amplificado para 22 μ l de tampão. As amostras foram distribuídas em placas específicas contendo 96 poços para eletroforese capilar no aparelho Fragment analyser (AATI). Utilizou-se também o marcador DNA Ladder (Invitrogen, USA) com uma variação de 75 a 400pb durante as corridas para determinar o tamanho dos fragmentos amplificados. O material contido nas placas foi transportado para os capilares onde foram submetidos à corrida de 110 minutos em uma corrente de 8,0 Kw. Após esta etapa, as imagens resultantes da eletroforese capilar foram analisadas.

4.5.4. Análise dos dados Moleculares

Os dados obtidos pela amplificação dos iniciadores SSR foram convertidos em código numérico para cada alelo por loco, descrito da seguinte maneira: um loco apresentando três alelos foi representado por 11, 22 e 33 para formas

homozigotas (A_1A_1 , A_2A_2 e A_3A_3) e 12, 13 e 23 para formas heterozigotas (A_1A_2 , A_1A_3 e A_2A_3). Em seguida, com a matriz numérica, foi calculada a distância genética entre os genótipos estudados, com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2013), utilizando o Índice Ponderado. A análise de agrupamento dos genótipos via dendrograma foi feita por meio do método hierárquico Vizinho Mais Próximo (Saitou e Nei, 1987) com base na matriz de distância genética, para identificar os genótipos mais próximos, a partir do par mais semelhante, até que se estabelecesse o dendrograma, sendo utilizado, para tal, o programa Mega, versão 5 (Kumar et al., 2009). Para verificar a confiabilidade do dendrograma gerado, foi estimado o coeficiente de correlação cofenética (CCC), usando o programa GENES (Cruz, 2013), que informa o grau de concordância entre a matriz gráfica e a matriz de dissimilaridade original pelo estabelecimento de uma correlação entre os valores reais da matriz de distância e a matriz de agrupamento. A dispersão gráfica dos genótipos foi feita com base no método da Análise das Coordenadas Principais (PCA), utilizando o programa Genalex 6.3 (Peakall e Smouse, 2009).

Foram utilizados os programas PowerMarker, versão 3.25 (Liu e Muse, 2005), e Popgene, versão 1.31 (Yeh et al., 1999), para estimar os seguintes parâmetros: conteúdo de polimorfismo (PIC), índice de Shannon, heterozigose esperada (HE), heterozigose observada (HO) e o coeficiente de endogamia (f).

4.5.5 Correlações entre a distância genética e os dados fenotípicos.

O coeficiente de correlação de Pearson entre distância genética via marcadores moleculares do tipo SSR e heterose, capacidade específica de combinação e caracteres agronômicos dos híbridos, para os diferentes caracteres avaliados, foi estimado com a utilização do programa computacional Genes (Cruz, 2013), com base na fórmula proposta por Cruz et al. (2012).

$$r = \frac{Cov(x,y)}{\sqrt{Var(x)Var(y)}}$$

Em que X e Y são as duas características em questão; r, a correlação linear de Pearson; CovXY, a covariância entre as duas características X e Y; VarX, a variância da característica X; e Var Y, a variância da característica Y.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Variáveis Morfoagronômicas: Primeira Época de Avaliação

5.1.1 Análise de Variância e Parâmetros Genéticos

Considerando a primeira época de avaliação, houve diferença significativa para os tratamentos em todas as características avaliadas, pelo teste F ao nível de 1% de probabilidade, Tabela 3, indicando existência de variabilidade genética entre os indivíduos. Analisando o desdobramento dos tratamentos, verificou-se, para os híbridos obtidos com o testador T₁ ('JS-12' do Grupo Formosa), que as características DC, NFD e FP foram não significativas. E os híbridos T₂, oriundos do testador 'SS-72/12' ('Grupo Solo'), não apresentaram diferença significativa para as características DC e SST. Entretanto, para os contrastes entre linhagens, híbridos T₁, híbridos T₂ e testemunhas, houve diferença significativa ao nível de 1% de probabilidade para todos os caracteres, levando a inferir que existe diferença entre cada grupo (Tabela 3).

Tabela 3: Resumo da análise de variância de quatorze características morfoagronômicas na primeira época de avaliação do mamoeiro. Linhares, Espírito Santo, 2015.

FV	GL	Quadrado médio					
		AP	DC	AIPF	NNSF	NFD ⁽¹⁾	NFC
Repetição	5	9810,4002**	559,5856**	2823,5746**	4331,4453**	0,1967 ^{NS}	432,5703**
Bloco/repetição	42	335,2385 ^{NS}	111,2909 ^{NS}	152,7363 ^{NS}	4,5507 ^{NS}	0,1918 ^{NS}	44,2919 ^{NS}
Trat. (ajust.)	65	2912,7538**	368,5711**	1367,3542**	37,3564**	1,2768**	320,8483**
Linhagens	21	2657,9715**	209,0918**	767,4989**	30,9500**	1,6423**	148,7448**
Híbridos Test 1	19	1130,5743**	167,5414 ^{NS}	617,7325**	20,5406**	0,2850 ^{NS}	148,7315**
Híbridos Test 2	21	563,4466*	172,9278 ^{NS}	353,5167**	7,9313**	0,7450**	194,2329**
Testemunha	1	10407,1575**	6033,4704**	92,1886 ^{NS}	219,5252**	0,1966 ^{NS}	377,4438**
Entre categorias	3	22447,7798**	1679,4875**	13376,8969**	250,4657**	6,8111**	2612,3165**
Resíduo	351	340,2337	118,3058	166,0484	3,3130	0,1735	48,9883
Média		202,59	100,65	91,03	4,80	1,18	24,80
H²		88,32	67,90	87,86	91,13	86,41	84,73
CVe%		9,10	10,80	14,15	37,88	35,07	28,21
Eficiência %		87,40	83,90	81,90	95,90	101,50	82,80

AP= altura da planta (cm), DC = diâmetro do caule (mm), AIPF= altura de inserção do primeiro fruto (cm), NNSF= número de nós sem frutos (un), NFD= número de frutos deformados (un), NFC= número de frutos comerciais (un); **, * e ^{NS}:Significativo a 1% e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F. ⁽¹⁾NFD= $\sqrt{x + 0,5}$.

Tabela 3: Cont.

FV	GL	Quadrado médio							
		PMF	CF	DF	EP	FF	FP	SST	PROD
Repetição	5	29918,17 ^{NS}	309,5650 ^{NS}	67,27 ^{NS}	0,007 ^{NS}	885,06 ^{**}	652,31 ^{**}	3,06 ^{**}	1193,32 ^{**}
Bloco/repetição	42	34945,39 ^{NS}	458,7447 [*]	87,00 ^{NS}	0,037 ^{NS}	143,47 ^{NS}	101,26 ^{NS}	0,66 ^{NS}	115,79 ^{NS}
Trat. (ajust.)	65	827193,09 ^{**}	11871,6850 ^{**}	982,58 ^{**}	0,769 ^{**}	1315,22 ^{**}	731,20 ^{**}	4,84 ^{**}	1357,46 ^{**}
Linhagens	21	282680,83 ^{**}	2421,80779 ^{**}	507,64 ^{**}	0,717 ^{**}	782,11 ^{**}	449,82 ^{**}	4,71 ^{**}	269,17 ^{**}
Híbridos test 1	19	191077,69 ^{**}	2614,88 ^{**}	173,45 ^{**}	0,123 ^{**}	325,13 ^{**}	177,24 ^{NS}	2,25 ^{**}	453,58 ^{**}
Híbridos test 2	21	179877,01 ^{**}	2138,50 ^{**}	319,70 ^{**}	0,204 ^{**}	401,13 ^{**}	235,90 ^{**}	1,67 [*]	239,78 ^{**}
Testemunha	1	19987746,14 ^{**}	314673,58 ^{**}	20558,01 ^{**}	13,809 ^{**}	12142,21 ^{**}	8073,25 ^{**}	34,85 ^{**}	37251,86 ^{**}
Entre categorias	3	9606146,47 ^{**}	77884,12 ^{**}	5660,04 ^{**}	3,621 ^{**}	2645,10 ^{**}	5421,77 ^{**}	25,78 ^{**}	7919,19 ^{**}
Resíduo	351	26071,62	312,8137	61,98	0,037	129,88	118,91	0,84	126,28
Média		785,31	178,34	95,26	2,31	99,32	79,87	9,82	33,27
H²		96,85	97,36	93,69	95,19	90,12	83,73	82,64	90,70
CVe%		20,56	9,96	8,26	8,35	11,47	13,65	9,34	33,77
Eficiência %		99,2	101,42	96,20	92,20	97,50	94,90	90,60	83,30

PMF= peso médio de fruto (g), CF= comprimento do fruto (mm), DF = diâmetro do fruto (mm), EP= espessura da polpa (cm), FF= firmeza do fruto (N), FP= firmeza da polpa (N), SST= teor de sólidos solúveis, (°Brix), PROD= produção (t/ha); **, * e ^{NS}: Significativo a 1% e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Em relação ao coeficiente de determinação (H^2), todas as características apresentaram valores superiores a 80%, Tabela 3, exceção apenas para DC, com H^2 igual a 67,90. Valor elevado de H^2 significa uma grande chance de ganhos genéticos nos procedimentos de seleção. Os programas de melhoramento de mamoeiro podem conseguir grandes sucessos e aumento na produtividade por meio de metodologias simples. Silva et al. (2008b), avaliando populações segregantes de mamoeiro, obtiveram H^2 variando entre 53% e 99,45% em diversas características morfoagronômicas. Dias et al. (2011) observaram h^2 de 60,48% para a característica firmeza do fruto e 99,05% para comprimento do pedúnculo.

O coeficiente de variação experimental (CVe) para a maioria das características situou-se abaixo de 20%, indicando boa precisão experimental (Tabela 3). As características NNSF (37,05), NFD (35,07), NFC (28,21) e PROD (33,07) apresentaram valores elevados, corroborando os resultados de Pinto et al. (2013a) e Oliveira et al. (2014), segundo os quais, características que envolvem contagens geralmente apresentam CVe elevados.

A eficiência do delineamento em látice foi inferior a 100% para todas as características, exceção feita para CF e NFD (Tabela 3). As magnitudes destas eficiências foram de 1,50 e 1,42%. Esses resultados indicam ausência de variação devido ao efeito de bloco dentro de repetição. Silva et al. (2012) utilizaram o delineamento em látice para avaliar progênies de irmão-completo de maracujazeiro. Este delineamento se mostrou eficiente em apenas três características: número de dias para o florescimento (17,47%), teor de sólidos solúveis (3,78%) e peso da polpa (0,38%).

O delineamento em látice é utilizado para reduzir a heterogeneidade da área quando os melhoristas necessitam avaliar um grande número de indivíduos, uma vez que não há como prever se a área experimental é ou não homogênea (Ramalho et al., 2012). A eficiência de um delineamento em látice está associada à sua capacidade de proporcionar condições para a discriminação das médias dos tratamentos avaliados. Quando esse valor é menor que 100, recomenda-se que os dados sejam analisados como blocos completos casualizados (Silva et al., 2000). Contudo, é importante levar em consideração que houve a implantação do experimento, utilizando-se delineamento em blocos incompletos, ou seja, cada bloco não continha uma repetição de cada tratamento, desta maneira, apesar da

menor eficiência, optou-se pela análise do conjunto de dados, obedecendo aos critérios originais em látice.

5.1.2 Comparações de Médias

A Tabela 4 apresenta as médias fenotípicas de todos os indivíduos por grupos de tratamento para as características NFC, PMF, PROD, FF, FP, SST, obtidas com base na primeira época de avaliação, juntamente com suas respectivas DMS-Diferença Mínima Significativa. Com relação à característica NFC, os híbridos T₂ (testador 'SS-72/12') destacaram-se por apresentar maior média geral (29,80). Este resultado já era esperado, uma vez que plantas de frutos menores tendem a produzir mais frutos. A linhagem 7, o híbrido T₁(11xT₁) e o híbrido T₂ (4xT₂) apresentaram quase o dobro da média geral, com os valores 34,52; 33,40 e 42,41, respectivamente. Em todos os casos, foram superiores às testemunhas. Estes genótipos se mostraram bastante promissores para este caráter, visto que, em estudo recente de avaliação de híbridos de mamoeiro em VCU, observou-se média variando de 31,0 a 48,0 em híbridos 'Solo' e de 22,6 a 30,1 em híbridos 'Formosa', considerando a primeira época de avaliação, e ambas as avaliações foram feitas no período do inverno (Luz, 2014).

Tabela 4: Médias das características⁽¹⁾ de importância econômica, avaliadas em 66 genótipos de mamoeiro, com suas respectivas DMS-diferença mínima significativa. Linhares, Espírito Santo, 2015.

Caract.	Ident.	Tratamentos			Caract.	Ident.	Tratamentos			Caract.	Ident.	Tratamentos		
		Linh.	H T ₁	H T ₂			Linh.	H T ₁	H T ₂			Linh.	H T ₁	H T ₂
NFC	1	29,77	25,49	16,16	PMF	1	328,70	899,60	374,69	PROD	1	10,19	23,29	6,05
	2	22,03	22,51	34,32		2	326,64	760,28	333,42		2	6,91	16,97	12,58
	3	23,71	26,71	31,86		3	306,58	834,67	314,80		3	7,44	22,48	11,12
	4	20,52	27,91	42,41		4	513,54	820,57	588,67		4	12,64	22,70	23,63
	5	7,80	15,89	19,60		5	865,67	1263,08	803,60		5	8,23	20,19	14,22
	6	13,33	24,59	31,15		6	614,71	1198,41	525,77		6	7,69	28,98	16,93
	7	34,52	21,08	31,10		7	446,27	886,21	381,28		7	16,37	19,21	11,83
	8	22,51	28,19	35,65		8	492,99	1113,47	455,33		8	10,78	32,03	14,87
	9	21,36	20,98	29,97		9	483,46	1362,35	564,98		9	10,31	29,77	17,14
	10	10,39	18,94	26,53		10	635,82	1520,16	601,71		10	7,32	27,09	17,09
	11	23,18	33,40	30,47		11	304,81	605,60	494,45		11	6,76	21,32	16,86
	12	21,33	19,44	35,62		12	843,56	1064,98	583,70		12	17,17	20,79	20,93
	13	20,34	17,33	31,04		13	1000,84	935,92	577,47		13	19,52	16,69	18,05
	14	14,84	-	19,60		14	794,78	-	605,71		14	11,08	-	11,23
	15	24,91	13,00	28,28		15	438,45	1114,07	658,46		15	11,41	15,58	18,53
	16	21,85	22,22	26,01		16	1039,32	1072,76	644,44		16	23,32	24,03	17,03
	17	12,57	23,22	25,09		17	1210,32	1367,48	931,80		17	14,26	32,55	24,06
	18	14,17	20,21	27,62		18	899,21	1169,51	716,16		18	14,26	23,72	20,30
	19	14,55	-	28,13		19	703,89	-	469,11		19	10,82	-	13,05
	20	12,78	16,50	34,63		20	1250,25	1343,12	712,35		20	17,20	24,07	25,58
	21	24,51	32,84	40,47		21	567,72	856,93	417,78		21	14,10	28,77	15,30
	22	10,44	24,53	29,92		22	530,12	1287,86	536,10		22	4,54	33,51	17,39
Média		19,15	22,75	29,80		663,53	1073,85	558,72		11,92	24,19	17,24		
	Golden	30,11				Golden	338,14			Golden	10,29			
	Tainung	25,78				Tainung	1293,12			Tainung	33,30			
DMS		6,38	7,36	9,45		186,45	213,44	235,05	137,79		7,26	4,88	9,02	6,63

¹NFC (un) = número de frutos comerciais, PMF (g) = peso médio do fruto, PROD (kg/p)-produção. HT₁ (híbridos do Testador JS-12) e HT₂ (Híbridos do testador SS-72-12).

Tabela 4. Cont.

Tratamentos					Tratamentos					Tratamentos				
Caract.	Ident.	Linh.	H T ₁	H T ₂	Caract.	Ident.	Linh.	H T ₁	H T ₂	Caract.	Ident.	Linh.	H T ₁	H T ₂
FF	1	87,97	114,47	85,10	FP	1	66,15	91,34	80,00	SST	1	10,53	10,32	9,23
	2	102,06	113,95	83,80		2	81,56	86,83	67,75		2	10,92	10,90	11,32
	3	86,94	104,31	86,35		3	70,59	74,03	80,77		3	11,54	11,86	10,46
	4	105,52	110,40	82,40		4	98,19	91,63	68,39		4	9,89	9,61	10,21
	5	90,85	110,01	87,34		5	79,84	87,92	68,76		5	7,98	9,30	9,55
	6	123,42	113,30	91,64		6	92,82	94,40	72,59		6	10,01	10,06	9,95
	7	85,94	98,87	83,64		7	70,65	79,55	69,08		7	11,19	11,47	10,51
	8	84,38	90,38	84,57		8	69,23	63,19	70,07		8	11,39	9,77	10,54
	9	98,55	105,19	86,69		9	88,60	83,50	70,67		9	10,40	9,84	9,82
	10	136,63	114,32	99,35		10	101,33	88,16	80,24		10	9,67	9,79	10,03
	11	97,97	95,19	96,49		11	79,78	69,93	74,47		11	10,61	10,12	10,02
	12	93,82	118,76	91,45		12	79,10	98,11	63,31		12	9,37	8,83	9,82
	13	122,98	125,42	102,24		13	102,61	86,08	79,93		13	9,98	9,82	9,86
	14	88,53	-	94,93		14	68,53	-	75,53		14	9,71	-	12,14
	15	84,10	122,07	92,49		15	75,29	97,18	74,50		15	10,38	8,78	10,14
	16	113,86	109,04	102,23		16	89,43	91,03	86,51		16	7,94	9,76	9,47
	17	99,14	124,34	88,02		17	84,54	93,59	66,32		17	8,13	9,13	10,21
	18	115,40	105,28	95,23		18	96,26	83,60	80,15		18	9,46	9,05	9,83
	19	111,94	-	99,12		19	88,17	-	78,62		19	9,78	-	10,79
	20	121,16	124,07	91,75		20	104,27	95,52	76,32		20	9,11	9,00	10,22
	21	111,58	100,32	86,50		21	82,86	78,56	74,03		21	9,09	10,52	11,19
	22	92,51	109,60	102,11		22	85,44	82,10	81,13		22	11,51	9,58	9,71
Média		102,51	110,46	91,52			84,33	85,81	74,51			9,94	9,88	10,23
	Golden	77,21				Golden	63,96				Golden	9,80		
	Tainung	100,87				Tainung	83,22				Tainung	8,54		
DMS		15,74	14,79	10,95			13,85	12,77	13,55			1,11	1,10	1,02

¹FF (N) = Firmeza de fruto, FP (N) = firmeza de polpa, SST (%brix) = teor de sólidos solúveis. HT₁ (híbridos do Testador JS-12) e HT₂ (Híbridos do testador SS-72-12).

O PMF é uma característica útil na seleção de plantas que expressam boa produtividade. Entre as linhagens avaliadas, houve uma variação de 304,81g (11) a 1250,25g (20). Os híbridos T₁ obtiveram média geral de 1073,85g, por outro lado, os híbridos T₂ apresentaram média geral de 558,72g (Tabela 4). Isso indica que existe potencial para seleção quanto ao peso médio dos frutos que atenda tanto o mercado nacional como o internacional. Oliveira et al. (2011) enfatizam que o mercado interno tem preferência por frutos com peso entre 0,800 e 1,500Kg, enquanto o mercado externo exige frutos com peso em torno de 0,500kg. Estima-se que 80% da produção de mamão no Brasil seja proveniente de variedades do grupo 'Solo', sendo o restante da área cultivada com híbridos 'Formosa' (Ruggiero et al., 2010). Entretanto, o que se observa é que apenas duas variedades ('Golden e 'Golden THB') dominam o cenário agrícola, no que diz respeito ao grupo 'Solo'. Com isso, a grande preocupação dos melhoristas é disponibilizar aos agricultores mais opções dessas variedades.

Em relação à produção, os valores médios foram de 11,92kg/pl, 24,19kg/pl e de 17,24kg/pl para as linhagens, híbridos T₁ e híbridos T₂, respectivamente (Tabela 4). Os destaques são para os híbridos do grupo 'Solo' 4xT₂ (23,63kg/pl), 12xT₂ (20,93kg/pl), 17xT₂ (24,06kg/pl), 18xT₂ (20,30kg/pl) e 20xT₂ (25,58kg/pl), que apresentaram mais que o dobro da testemunha 'Golden', a qual pertence ao mesmo grupo heterótico. Luz. (2014), avaliando novos híbridos de mamoeiro adaptados à região semiárida do Brasil, observaram em sua primeira época de avaliação uma produção oscilando de 27,90 a 38,72 kg/pl para os híbridos do grupo 'Solo', tendo estes híbridos apresentado peso médio do fruto em torno de 0,965kg.

As estimativas de FF avaliadas no estágio 1 de maturação foram superiores às testemunhas em todos os grupos de tratamentos (linhagens, híbridos T₁ e híbridos T₂), com destaque para os híbridos T₁, que apresentaram média geral de 110,46N. O mesmo foi observado para a característica FP, tanto nos híbridos T₁ quanto T₂, quando comparados com as testemunhas referência de cada grupo, 'Formosa'-Tainung e 'Solo'-Golden, respectivamente (Tabela 4). Ramos et al. (2014a) observaram valores médios para firmeza do fruto entre 108,69 e 113,90N e para firmeza da polpa entre 78,80 e 84,70N. Estes resultados estão bem próximos daqueles observados neste estudo. A firmeza do fruto é um atributo de qualidade muito importante, pois estabelece a vida útil pós-

colheita, uma vez que frutos com baixa firmeza apresentam menor resistência ao transporte, armazenamento e ao manuseio, influenciando diretamente na comercialização (Morais et al., 2007). Portanto, estas características devem ser consideradas nos programas de melhoramento do mamoeiro.

A média geral para o SST foi de 9,94; 9,88 e 10,23 °Brix para os grupos de tratamentos linhagens, híbridos T₁ e híbridos T₂, respectivamente (Tabela 4). Entretanto, os destaques foram para a linhagem 3 (11,54) e os híbridos 3xT₁ (11,86) e 14xT₂ (12,14), com valores maiores quando comparados aos reportados por Pinto et al. (2013a), que, analisando população segregante de mamoeiro para tolerância à mancha fisiológica, encontraram valores oscilando entre 9,3 e 11,0 °Brix. Dias et al. (2011) encontraram valores de SST variando de 10,35 a 11,53 °Brix ao avaliarem diferentes genótipos de mamoeiro (cultivares, variedades melhorada, variedade local e linhagens pertencentes ao programa de melhoramento da Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical). Esta característica é de suma importância para o processo de seleção de genótipos superiores, uma vez que grande parte do consumo de mamão é feito *in natura*, portanto, muito apreciado por seu valor adocicado.

Com estes resultados, é possível identificar híbridos 'Solo' superiores à testemunha 'Golden', tanto no que diz respeito à produtividade como a atributos de qualidade do fruto, por não haver híbridos deste grupo heterótico, mas sim variedades. Com isso, este programa de melhoramento estará disponibilizando aos produtores não somente híbridos 'Formosa', preferencialmente voltado para o mercado interno, mas também combinações híbridas do tipo 'Solo', preferido pelo mercado externo.

5.1.3 Contrastes Ortogonais entre Grupo de Tratamentos

A Tabela 5 apresenta os contrastes ortogonais para todos os grupos de genótipos com todas as características avaliadas. Em relação aos contrastes linhagens x híbridos T₁, apenas AIPF, FP e SST foram não significativas, mostrando a semelhança destes dois grupos de genótipos para esses caracteres (Tabela 5). Por outro lado, para AP, as linhagens apresentaram valores médios inferiores aos híbridos T₁, o que é bastante interessante nos programas de melhoramento. As plantas altas, normalmente, apresentam entrenós de maior comprimento, com isso os frutos ficam muito distantes uns dos outros,

ocasionando mais dificuldades para a colheita (Yamanishi et al., 2006). Os híbridos T_1 apresentaram DC superiores às linhagens. Silva et al. (2007c) observaram que plantas com maior diâmetro de caule podem resultar em plantas mais produtivas, em virtude da alta correlação genética entre essas características. Isto pode ser observado neste mesmo estudo, em que os híbridos T_1 apresentaram o dobro da produção das linhagens. Para PMF, CF, DF e EP, os híbridos T_1 foram superiores. Entretanto, esse resultado já era esperado em razão de os híbridos T_1 serem obtidos do cruzamento das linhagens com um testador do grupo 'Formosa'. Para a característica FF, observou-se valor médio mais elevado nos híbridos T_1 do que nas linhagens. Oliveira et al. (2010) observaram que genótipos que tinham maior firmeza de fruto tendem a ter maior espessura da polpa, corroborando os resultados deste estudo.

Tabela 5: Valores de F dos contrastes ortogonais entre médias de 15 características morfoagronômicas, avaliados em cinco grupos distintos de genótipos de mamão (linhagens, híbridos T₁, oriundos do cruzamento com o testador do grupo 'Formosa' JS-12 e híbridos T₂, obtidos com o testador do grupo 'Solo' SS 72/12 e testemunhas: 'Golden' e 'Tainung'). Linhares, Espírito Santo, 2015.

Características	Linhagens x Híbridos T ₁			Linhagens x Híbridos T ₂			Linhagens x Test (Golden)		
	\bar{X} 1° grupo	\bar{X} 2° grupo	Contraste	\bar{X} 1° grupo	\bar{X} 2° grupo	Contraste	\bar{X} 1° grupo	\bar{X} 2° grupo	Contraste
AP	187,44	210,75	46,86**	187,44	200,41	17,89**	187,44	204,79	16,77**
DC	95,71	101,45	13,68**	95,71	103,10	25,55**	95,71	95,23	0,06 ^{NS}
AIPF	86,33	88,07	0,54 ^{NS}	86,33	85,38	0,01 ^{NS}	86,33	108,76	68,77**
NNSF	5,28	6,39	9,00**	5,28	3,35	36,27**	5,28	2,49	41,72**
NFD	1,32	1,05	11,73**	1,32	1,42	1,75 ^{NS}	1,32	0,82	26,81**
NFC	19,15	22,75	9,14**	19,15	29,80	94,61**	19,15	30,11	55,18**
PMF	663,53	1073,85	129,33**	663,53	588,72	3,59 ^{NS}	663,53	338,14	49,24**
CF	164,84	212,84	163,31**	164,84	146,26	10,49**	164,84	129,86	46,73**
DF	91,89	104,27	62,41**	91,89	90,20	0,15 ^{NS}	91,89	77,35	52,87**
EP	2,23	2,52	44,59**	2,23	2,16	1,05 ^{NS}	2,23	1,92	27,69**
FF	102,51	110,46	15,27**	102,51	91,52	22,16**	102,51	77,21	94,51**
FP	84,33	85,81	1,49 ^{NS}	84,33	74,51	25,06**	84,33	63,96	75,66**
SST	9,94	9,88	0,10 ^{NS}	9,94	10,23	0,40*	9,94	9,80	0,28 ^{NS}
PROD(Kg/p)	11,92	24,19	150,06**	11,92	17,24	29,36**	11,92	10,29	1,80 ^{NS}
PROD(t/ha)	21,29	43,19	150,06**	21,29	30,78	29,36**	21,29	18,37	1,80 ^{NS}

AP = altura da planta (cm), DC = diâmetro do caule (mm), AIPF= altura de inserção do primeiro fruto (cm), NNSF = número de nós sem frutos (un), NFD = número de frutos deformados (un), NFC = número de frutos comerciais (un), PMF = peso médio de fruto (g), CF= comprimento do fruto (mm), DF = diâmetro do fruto (mm), EP = espessura da polpa (cm), FF = firmeza do fruto, FP = firmeza da polpa, SST = teor de sólidos solúveis (°Brix), PROD = produção (kg/p), PROD = produção (t/ha); **, * e ^{NS}: Significativo a 1% e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 5. Cont.

Características	Linhagens x Test (Tainung)			Híbridos T ₁ x Híbridos T ₂			Híbridos T ₁ x Test (Tainung)		
	\bar{X} 1° grupo	\bar{X} 2° grupo	Contraste	\bar{X} 1° grupo	\bar{X} 2° grupo	Contraste	\bar{X} 1° grupo	\bar{X} 2° grupo	Contraste
AP	187,44	227,38	86,17**	210,75	200,41	7,27**	210,75	227,38	16,04**
DC	95,71	111,36	59,85**	101,45	103,10	1,53 ^{NS}	101,45	111,36	23,54**
AIPF	86,33	111,45	83,73**	88,07	85,38	0,68 ^{NS}	88,07	111,45	71,92**
NNSF	5,28	5,70	0,51 ^{NS}	6,39	3,35	78,08**	6,39	5,70	2,43 ^{NS}
NFD	1,32	0,92	17,22**	1,05	1,42	22,01**	1,05	0,92	2,29 ^{NS}
NFC	19,15	25,78	19,81**	22,75	29,80	41,57**	22,75	25,78	4,48*
PMF	663,53	1293,12	176,12**	1073,85	588,72	183,68**	1073,85	1293,12	19,38**
CF	164,84	248,30	290,51**	212,84	146,26	267,12**	212,84	248,30	50,24**
DF	91,89	107,92	59,66**	104,27	90,20	71,90**	104,27	107,92	2,42 ^{NS}
EP	2,23	2,73	76,18**	2,52	2,16	61,91**	2,52	2,73	12,42**
FF	102,51	100,87	0,48 ^{NS}	110,46	91,52	76,15**	110,46	100,87	14,19**
FP	84,33	83,22	0,07 ^{NS}	85,81	74,51	39,33**	85,81	83,22	1,49 ^{NS}
SST	9,94	8,54	45,52**	9,88	10,23	5,88*	9,88	8,54	42,66**
PROD(Kg/p)	11,92	33,30	277,26**	24,19	17,24	50,63**	24,19	33,30	50,53**
PROD(t/ha)	21,29	59,46	277,26**	43,19	30,78	50,63**	43,19	59,46	50,53**

AP = altura da planta (cm), DC = diâmetro do caule (mm), AIPF= altura de inserção do primeiro fruto (cm), NNSF = número de nós sem frutos (un), NFD= número de frutos deformados (un), NFC = número de frutos comerciais (un), PMF= peso médio de fruto (g), CF= comprimento do fruto (mm), DF= diâmetro do fruto (mm), EP= espessura da polpa (cm), FF = firmeza do fruto, FP= firmeza da polpa, SST= teor de sólidos solúveis (°Brix), PROD = produção (kg/p), PROD = produção (t/ha); **, * e ^{NS}:Significativo a 1% e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 5. Cont.

Características	Híbridos T ₂ x Test (Golden)		
	\bar{X} 1º grupo	\bar{X} 2º grupo	Contraste
AP	200,41	204,79	0,77 ^{NS}
DC	103,10	95,23	16,55 ^{**}
AIPF	85,38	108,76	69,90 ^{**}
NNSF	3,35	2,49	3,58 ^{NS}
NFD	1,42	0,82	38,17 ^{**}
NFC	29,80	30,11	0,00 ^{NS}
PMF	588,72	338,14	31,75 ^{**}
CF	146,26	129,86	19,26 ^{**}
DF	90,20	77,35	50,22 ^{**}
EP	2,16	1,92	20,61 ^{**}
FF	91,52	77,21	37,97 ^{**}
FP	74,51	63,96	23,88 ^{**}
SST	10,23	9,80	4,82 [*]
PROD(Kg/p)	17,24	10,29	31,83 ^{**}
PROD(t/ha)	30,78	18,37	31,83 ^{**}

AP = altura da planta (cm), DC= diâmetro do caule (mm), AIPF = altura de inserção do primeiro fruto (cm), NNSF= número de nós sem frutos (un), NFD = número de frutos deformados (un), NFC = número de frutos comerciais (un), PMF= peso médio de fruto (g), CF= comprimento do fruto (mm), DF= diâmetro do fruto (mm), EP= espessura da polpa (cm), FF = firmeza do fruto, FP= firmeza da polpa, SST= teor de sólidos solúveis (°Brix), PROD = produção (kg/p), PROD = produção (t/ha); **, * e ns: Significativo a 1% e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Na comparação do grupo das linhagens com dos híbridos T₂, as características AIPF, NFD, PMF, DF e EP foram não significativas. Houve significância para os caracteres relacionados à qualidade de frutos CF, FF e FP ao nível de 1% de probabilidade e SST ao nível de 5% de probabilidade. Com destaque para os híbridos T₂ no caráter SST e para as linhagens nas demais características relacionadas à qualidade de fruto (Tabela 5). No que se refere ao NFC e PROD, os híbridos T₂ superaram as linhagens, sugerindo existência de heterose.

Considerando o contraste entre linhagens e a testemunha 'Golden'-(grupo Solo), apenas as características DC, SST e PROD foram não significativas. Todas as demais diferiram dos dois grupos ao nível de 1% de probabilidade. O grupo das linhagens superou o das testemunhas em todas as características, exceto para NNSF, NFD e NFC, Tabela 5, evidenciando o potencial agrônomo das

linhagens. Por outro lado, quando se compara com a testemunha 'Tainung' (Grupo Formosa), nota-se que, para os caracteres relacionados à produtividade (NFC, PMF, CF, DF e PROD), a testemunha foi superior em decorrência de o tamanho do fruto ser bem maior que o das linhagens, o que se reflete em valores elevados para estes caracteres. Contudo, destaca-se o SST nas linhagens com valor superior a testemunha.

Tomando-se o contraste entre o grupo de híbridos T_1 e híbridos T_2 , observou-se que os caracteres DC e AIPF foram não significativos. O destaque foi para os híbridos T_2 nas características AP, NNSF, NFC e SST. Entretanto, as características PMF, CF, DF, EP e PROD foram superiores nos híbridos T_1 , Tabela 5, em razão de eles serem obtidos do cruzamento com um testador do grupo heterótico 'Formosa', que apresenta frutos em torno de 800 a 1100g, enquanto os híbridos T_2 são obtidos do cruzamento das linhagens com um testador do grupo heterótico 'Solo', que apresenta frutos oscilando entre 350 e 550g.

Em relação aos contrastes dos híbridos T_1 com a testemunha 'Tainung' observou-se diferença não significativa entre os grupos nas características NNSF, NFD e DF. A ênfase na comparação entre estes grupos está nas características morfológicas AP e AIPF e naquelas relacionadas à qualidade do fruto FF, FP e SST, em que os grupos de híbridos T_1 são superiores às testemunhas (Tabela 5).

Considerando o contraste entre os grupos de tratamentos híbridos T_2 e a testemunha 'Golden', observou-se superioridade dos híbridos em grande parte das características DC, PMF, CF, DF, EP, FF, FP, SST e PROD, o que mostra a possibilidade de seleção de híbridos T_2 que tenham maior potencial agrônomico que a testemunha. No que se refere às características AP e AIPF, os híbridos T_2 foram inferiores às testemunhas, Tabela 5, o que é um resultado satisfatório, uma vez que plantas de frutos baixos têm grande importância econômica, por facilitar a colheita, permitindo a ampliação do seu período.

5.1.4 Capacidade Específica de Combinação

As Tabelas 6 e 7 mostram as estimativas dos efeitos da capacidade específica (CEC) dos híbridos T_1 obtidos do cruzamento com o testador JS-12 (Grupo 'Formosa') para as características agrônomicas qualidade de fruto e produção.

Em todas as características avaliadas, foram observados valores positivos e negativos de CEC, indicando existência de desvio de dominância, ocorrendo genes que aumentam a expressão do caráter e outros, igualmente dominantes, que reduzem esta expressão (Cruz & Vencovsky, 1989).

As estimativas dos efeitos de capacidades específicas de combinação para AP variaram de -33,19 ($12xT_1$) a 36,45 ($15xT_1$), enquanto, para AIPF houve uma variação de -17,34 ($5xT_1$) a 21,11 ($7xT_1$) (Tabela 6). No processo de seleção para ambas as características, buscam valores negativos. No caso de AP, é necessário que a planta cresça, mas que atinja uma estatura que favoreça a colheita, com entrenós curtos, promovendo menor espaço entre os frutos, o que se refletirá em maior produtividade. Para AIPF, quanto mais baixo estiverem os frutos, maior a facilidade para a colheita, além de prolongar a vida útil do pomar (Ide et al., 2009). Em relação ao DC, as estimativas de CEC oscilaram de -13,28 ($5xT_1$) a 9,37 ($2xT_1$) (Tabela 6). Durante a seleção, a preferência é por plantas com maiores DC (CEC positivo) por apresentarem menor tendência ao acamamento e sustentação de uma maior quantidade de frutos e, de acordo com Silva et al. (2007c), tenderem a ser mais produtivas. A característica NNSF está relacionada com a esterilidade das plantas, desse modo, a procura é por plantas

Tabela 6. Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) de híbridos utilizando-se testador 'Formosa' JS-12 para seis características agrônômicas. Linhares, Espírito Santo, 2015.

Híbridos	Características											
	AP		DC		AIPF		NNSF		NFD		NFC	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
1	205,97	-4,78	110,36	8,91	100,36	12,29	4,61	-1,78	0,92	-0,13	25,49	2,74
2	213,69	2,94	110,82	9,37	96,67	8,60	6,96	0,57	0,84	-0,21	22,51	-0,24
3	228,04	17,29	110,53	9,08	101,09	13,02	4,58	-1,81	1,13	0,08	26,71	3,96
4	201,50	-9,25	97,06	-4,39	72,10	-15,97	4,90	-1,49	0,80	-0,25	27,91	5,16
5	195,78	-14,97	88,17	-13,28	70,73	-17,34	9,06	2,67	1,15	0,10	15,89	-6,86
6	197,15	-13,60	99,70	-1,75	74,05	-14,02	4,62	-1,77	1,20	0,15	24,59	1,84
7	223,62	12,87	104,57	3,12	109,18	21,11	7,27	0,88	0,78	-0,27	21,08	-1,67
8	228,53	17,78	101,84	0,39	86,77	-1,30	4,79	-1,60	1,14	0,09	28,19	5,44
9	199,38	-11,37	100,07	-1,38	81,50	-6,57	7,10	0,71	0,81	-0,24	20,98	-1,77
10	186,29	-24,46	98,25	-3,20	78,29	-9,78	4,23	-2,16	1,68	0,63	18,94	-3,81
11	207,60	-3,15	106,04	4,59	86,34	-1,73	3,25	-3,14	1,12	0,07	33,40	10,65
12	177,56	-33,19	95,84	-5,61	78,10	-9,97	6,45	0,06	1,11	0,06	19,44	-3,31
13	213,12	2,37	93,10	-8,35	82,41	-5,66	7,34	0,95	1,36	0,31	17,33	-5,42
15	247,20	36,45	105,55	4,10	100,83	12,76	11,54	5,15	0,98	-0,07	13,00	-9,75
16	230,84	20,09	96,74	-4,71	99,59	11,52	6,89	0,50	0,67	-0,38	22,22	-0,53
17	212,84	2,09	105,34	3,89	92,27	4,20	8,00	1,61	0,69	-0,36	23,22	0,47
18	226,13	15,38	104,58	3,13	103,02	14,95	9,70	3,31	0,78	-0,27	20,21	-2,54
20	205,84	-4,91	103,14	1,69	92,52	4,45	9,98	3,59	0,94	-0,11	16,50	-6,25
21	207,82	-2,93	97,99	-3,46	74,03	-14,04	3,46	-2,93	1,41	0,36	32,84	10,09
22	206,11	-4,64	99,28	-2,17	81,45	-6,62	3,00	-3,39	1,42	0,37	24,53	1,78
Média	210,75		101,45		88,07		6,39		1,05		22,75	

AP- altura da planta (cm), DC =- diâmetro do caule, AIPF- altura de inserção do primeiro fruto (cm), NNSF- número de nós sem frutos (un), NFD= número de frutos deformados (un), NFC= número de frutos comerciais (un).

que apresentem menor valor para este caráter, destacando-se os híbridos 11xT₁, 21xT₁ e 22xT₁ por apresentarem os menores valores de CEC (Tabela 6). Valores de CEC negativos também são necessários na seleção de plantas para o caráter NFD. Os híbridos que obtiveram boas CEC foram 4xT₁, 7xT₁, 9xT₁, 16xT₁, 17xT₁ e 18xT₁(Tabela 6). Esta característica reflete a variação das flores hermafroditas para as formas carpeloides e pentândricas. A variável NFC está diretamente relacionada com a produtividade, por quantificar os frutos sem defeito, isto é, os que têm padrão aceito pelo mercado consumidor. Portanto, as estimativas de CEC devem ser positivas. Houve uma variação para este caráter de -9,75 (15xT₁) a 10,65 (11xT₁), e metade dos híbridos com este testador apresentou estimativas positivas (Tabela 6).

As características PMF, CF e DF estão diretamente relacionadas com o tamanho do fruto. Os híbridos T₁, por serem obtidos do cruzamento com o testador 'Formosa', selecionam plantas com frutos maiores, isto é, que apresentem CEC positivas. Para CF, podem ser destacados os híbridos 10xT₁, 15xT₁, 16xT₁, 18xT₁ e 20xT₁. Os híbridos 5xT₁, 9xT₁, 10xT₁, 17xT₁ e 22xT₁ foram os que apresentaram maiores valores de CEC para DF. E para PMF, destacaram-se as combinações 9xT₁, 10xT₁, 17xT₁, 20xT₁ e 22xT₁ (Tabela 7). Pode-se observar que nem sempre foram os mesmos híbridos selecionados para tais características. Resultados semelhantes foram encontrados por Cardoso. (2012) ao avaliar CGC e CEC em genótipos de mamão do grupo heterótico Solo e Formosa a partir de um dialelo completo.

Para a característica FF e FP, houve uma variação de -20,1 a 15,0 e de -22,6 a 12,3, respectivamente. As estimativas de CEC a serem consideradas para avaliação destes caracteres devem ser positivas. Os híbridos que se destacaram por apresentar valores elevados tanto para FF quanto para FP foram 12xT₁, 15xT₁, 17xT₁ e 20xT₁. As características EP e SST foram as que apresentaram menor variação de CEC entre as demais. Para produção, as combinações híbridas que obtiveram valores de CEC positivos e elevados foram 8xT₁, 9xT₁, 17xT₁ e 22xT₁(Tabela 7).

Tabela 7. Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) de híbridos utilizando-se testador 'Formosa' JS-12 para oito características relacionadas à qualidade de fruto e produção. Linhares, Espírito Santo, 2015.

Híbridos	Características															
	CF		DF		FF		FP		EP		SST		PMF		PROD	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
1	193,7	-19,2	101,6	-2,7	114,5	4,0	91,3	5,5	2,3	-0,2	10,3	0,4	899,6	-174,2	41,6	-1,6
2	182,7	-30,1	95,7	-8,6	114,0	3,5	86,8	1,0	2,3	-0,2	10,9	1,0	760,3	-313,6	30,3	-12,9
3	180,1	-32,8	101,5	-2,8	104,3	-6,1	74,0	-11,8	2,4	-0,1	11,9	2,0	834,7	-239,2	40,1	-3,0
4	181,6	-31,3	95,2	-9,1	110,4	-0,1	91,6	5,8	2,4	-0,2	9,6	-0,3	820,6	-253,3	40,5	-2,7
5	224,4	11,6	113,5	9,2	110,0	-0,5	87,9	2,1	2,7	0,2	9,3	-0,6	1263,1	189,2	36,0	-7,1
6	225,9	13,1	109,5	5,3	113,3	2,8	94,4	8,6	2,5	0,0	10,1	0,2	1198,4	124,6	51,8	8,6
7	185,1	-27,7	103,1	-1,2	98,9	-11,6	79,6	-6,3	2,3	-0,2	11,5	1,6	886,2	-187,6	34,3	-8,9
8	216,8	3,9	108,1	3,9	90,4	-20,1	63,2	-22,6	2,5	0,0	9,8	-0,1	1113,5	39,6	57,2	14,0
9	215,6	2,7	120,3	16,0	105,2	-5,3	83,5	-2,3	2,9	0,4	9,8	0,0	1362,4	288,5	53,2	10,0
10	266,7	53,9	114,2	10,0	114,3	3,9	88,2	2,3	2,5	0,0	9,8	-0,1	1520,2	446,3	48,4	5,2
11	170,3	-42,5	85,9	-18,4	95,2	-15,3	69,9	-15,9	2,2	-0,3	10,1	0,2	605,6	-468,3	38,1	-5,1
12	218,3	5,5	103,3	-1,0	118,8	8,3	98,1	12,3	2,7	0,2	8,8	-1,1	1065,0	-8,9	37,1	-6,1
13	209,8	-3,0	95,6	-8,7	125,4	15,0	86,1	0,3	2,5	0,0	9,8	-0,1	935,9	-137,9	29,8	-13,4
15	239,4	26,6	100,6	-3,7	122,1	11,6	97,2	11,4	2,4	-0,1	8,8	-1,1	1114,1	40,2	27,8	-15,4
16	259,5	46,7	101,2	-3,0	109,0	-1,4	91,0	5,2	2,4	-0,2	9,8	-0,1	1072,8	-1,1	42,9	-0,3
17	213,6	0,7	110,3	6,0	124,3	13,9	93,6	7,8	3,0	0,4	9,1	-0,7	1367,5	293,6	58,1	14,9
18	227,1	14,2	105,4	1,1	105,3	-5,2	83,6	-2,2	2,5	0,0	9,0	-0,8	1169,5	95,7	42,4	-0,8
20	229,8	16,9	108,5	4,2	124,1	13,6	95,5	9,7	2,9	0,3	9,0	-0,9	1343,1	269,3	43,0	-0,2
21	190,8	-22,0	97,6	-6,7	100,3	-10,1	78,6	-7,2	2,4	-0,1	10,5	0,6	856,9	-216,9	51,4	8,2
22	225,6	12,8	114,4	10,1	109,6	-0,9	82,1	-3,7	2,6	0,1	9,6	-0,3	1287,9	214,0	59,8	16,7
Média	212,8		104,3		110,5		85,8		2,5		9,9		1073,9		43,2	

CF= comprimento do fruto (mm), DF = diâmetro do fruto (mm), FF = firmeza do fruto (N), FP- firmeza da polpa (N), EP= espessura da polpa (cm), SST= teor de sólidos solúveis, em grau ° brix, PMF = peso médio do fruto (g) e PROD = produção (t/ha).

Nenhum híbrido reuniu boas estimativas de CEC para os aspectos agronômicos, qualidade de frutos e produção, simultaneamente. Entretanto, há possibilidade de selecioná-los considerando características de maior importância econômica como número de frutos comerciais, firmeza do fruto e polpa, teor de sólidos solúveis e produtividade.

Ide et al. (2009) utilizaram testadores para estimar os efeitos da capacidade específica de combinação e, semelhantemente, ao observado neste trabalho, não houve genótipo que conciliasse resultado satisfatório para produtividade de frutos por planta com características que conferem qualidade de fruto. No entanto, selecionaram os melhores híbridos com respaldo na capacidade específica de combinação.

Marin et al. (2006a), visando a estimar os efeitos de capacidade combinatória, realizaram um dialelo parcial e avaliaram algumas características de importância agronômica em mamoeiro. Para isto, utilizaram oito genótipos do grupo heterótico 'Solo' e oito de grupo 'Formosa'. De acordo com os resultados obtidos, observaram que o genótipo 'JS-12' se destacou em relação à qualidade de fruto como um dos melhores genitores do grupo 'Formosa'.

As Tabelas 8 e 9 mostram as estimativas dos efeitos de capacidades específicas de combinação dos híbridos obtidos do cruzamento com o testador do grupo 'Solo', SS-72/12. A combinação híbrida 12xT₂ destacou-se por apresentar valores baixos de CEC para os caracteres agronômicos avaliados (AP, AIPF, NNSF e NFD). O híbrido 3xT₂ mostrou-se superior aos demais para a característica DC com CEC de 9,01. Para NFC, os destaques foram os híbridos 4xT₂, 8xT₂, 12xT₂, 20xT₂ e 21xT₂, com os valores de CEC de 12,61; 5,85; 5,82; 4,83 e 10,67, respectivamente (Tabela 8).

Tabela 8. Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC), utilizando o testador 'Solo' SS-72/12 para seis características agronômicas. Linhares, Espírito Santo, 2015.

Híbridos	Características											
	AP		DC		AIPF		NNSF		NFD		NFC	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
1	184,73	-15,68	95,21	-7,89	82,11	-3,27	3,68	0,33	1,83	0,41	16,16	-13,64
2	202,87	2,46	108,83	5,73	94,28	8,90	2,61	-0,74	1,53	0,11	34,32	4,52
3	204,93	4,52	112,11	9,01	82,52	-2,86	3,98	0,63	1,64	0,22	31,86	2,06
4	194,14	-6,27	92,28	-10,82	73,27	-12,11	1,75	-1,60	1,27	-0,15	42,41	12,61
5	207,38	6,97	109,13	6,03	81,75	-3,63	5,76	2,41	2,11	0,69	19,60	-10,20
6	194,98	-5,43	101,64	-1,46	87,88	2,50	3,19	-0,16	1,66	0,24	31,15	1,35
7	205,06	4,65	102,63	-0,47	93,43	8,05	1,87	-1,48	1,55	0,13	31,10	1,30
8	207,20	6,79	101,79	-1,31	86,34	0,96	1,23	-2,12	1,79	0,37	35,65	5,85
9	189,33	-11,08	102,08	-1,02	67,70	-17,68	3,12	-0,23	1,31	-0,11	29,97	0,17
10	194,92	-5,49	103,40	0,30	83,01	-2,37	2,27	-1,08	1,74	0,32	26,53	-3,27
11	188,83	-11,58	105,41	2,31	80,24	-5,14	3,95	0,60	1,59	0,17	30,47	0,67
12	174,32	-26,09	104,99	1,89	73,96	-11,42	5,10	1,75	0,75	-0,67	35,62	5,82
13	198,75	-1,66	90,15	-12,95	92,11	6,73	2,67	-0,68	1,03	-0,39	31,04	1,24
14/1	209,54	9,13	101,81	-1,29	88,56	3,18	4,74	1,39	1,92	0,50	19,60	-10,20
14/2	215,30	14,89	100,81	-2,29	95,00	9,62	2,85	-0,50	1,90	0,48	28,28	-1,52
16	211,45	11,04	103,07	-0,03	98,11	12,73	3,33	-0,02	1,45	0,03	26,01	-3,79
17	213,39	12,98	107,40	4,30	95,38	10,00	5,08	1,73	0,89	-0,53	25,09	-4,71
18	209,78	9,37	110,96	7,86	81,77	-3,61	4,38	1,03	1,02	-0,40	27,62	-2,18
19	193,53	-6,88	96,86	-6,24	77,11	-8,27	3,18	-0,17	1,31	-0,11	28,13	-1,67
20	193,34	-7,07	104,55	1,45	73,73	-11,65	3,62	0,27	1,11	-0,31	34,63	4,83
21	214,49	14,08	109,28	6,18	90,99	5,61	2,35	-1,00	0,83	-0,59	40,47	10,67
22	200,83	0,42	103,71	0,61	99,12	13,74	2,95	-0,40	0,92	-0,50	29,92	0,12
Média	200,41		103,10		85,38		3,35		1,42		29,80	

AP= altura da planta (cm), DC = diâmetro do caule, AIPF = altura de inserção do primeiro fruto (cm), NNSF=número de nós sem frutos (un), NFD= número de frutos deformados (un), NFC= número de frutos comerciais (un).

Em relação aos caracteres relacionados ao tamanho do fruto (CF, DF e PMF), procura-se selecionar plantas com frutos de tamanho entre 350 e 550g, uma vez que se utilizou o testador do grupo 'Solo' para a obtenção destes híbridos. Dessa forma, as combinações $1xT_2$, $2xT_2$, $3xT_2$, $7xT_2$, $19xT_2$ e $21xT_2$ são as mais indicadas por contribuírem geneticamente para a redução do tamanho do fruto por terem estimativas de CEC negativas. Considerando as características FF e FP, destacam-se os híbridos $16xT_2$ e $22xT_2$ por apresentarem os mais elevados valores de CEC, em ambas os caracteres. Semelhantemente ao observado com os híbridos oriundos do cruzamento com o testador 1 ('JS-12'), houve pouca variação para a característica SST (-1,0 a 1,91). Os valores mais elevados de estimativas de CEC para produção foram para os híbridos $1xT_2$, $4xT_2$, $12xT_2$, $17xT_2$ e $20xT_2$. Observou-se que a linhagem 17 teve um bom desempenho produtivo tanto em cruzamento com T_1 quanto T_2 (Tabela 9).

Os efeitos relacionados à CEC enfatizam a importância de interações não aditivas resultantes de complementação gênica entre os genitores, permitindo prever respostas de ganho genético com a exploração da heterose (Bastos et al., 2003).

Tabela 9. Valores referentes à Capacidade específica de combinação (CEC) utilizando o testador ‘Solo’ SS-72/12 para oito características relacionadas à qualidade do fruto e à produção. Linhares, Espírito Santo, 2015.

Híbridos	Características															
	CF		DF		EP		FF		FP		SST		PMF		PROD	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
1	140,20	-6,06	79,10	-11,10	1,90	0,26	85,10	-6,42	80,00	5,49	9,23	-1,00	374,69	-184,03	10,80	-19,98
2	121,31	-29,48	75,80	-16,05	1,84	-0,34	83,80	-9,79	67,75	-7,48	11,32	1,09	333,42	-225,30	22,46	-8,32
3	117,66	-33,13	78,05	-13,80	1,84	-0,34	86,35	-7,24	80,77	5,54	10,46	0,23	314,80	-243,92	19,86	-10,92
4	152,00	1,21	91,34	-0,51	2,11	-0,07	82,40	-11,19	68,39	-6,84	10,21	-0,02	588,67	29,95	42,20	11,42
5	157,36	6,57	108,02	16,17	2,35	0,17	87,34	-6,25	68,76	-6,47	9,55	-0,68	803,60	244,88	25,39	-5,39
6	149,50	-1,29	91,56	-0,29	2,44	0,26	91,64	-1,95	72,59	-2,64	9,95	-0,28	525,77	-32,95	30,23	-0,55
7	124,49	-26,30	83,47	-8,38	1,78	-0,40	83,64	-9,95	69,08	-6,15	10,51	0,28	381,28	-177,44	21,12	-9,66
8	135,73	-15,06	85,29	-6,56	1,88	-0,30	84,57	-9,02	70,07	-5,16	10,54	0,31	455,33	-103,39	26,56	-4,22
9	131,94	-18,85	92,00	0,15	2,26	0,08	86,69	-6,90	70,67	-4,56	9,82	-0,41	564,98	6,26	30,60	-0,18
10	144,55	-6,24	93,27	1,42	1,96	-0,22	99,35	5,76	80,24	5,01	10,03	-0,20	601,71	42,99	30,51	-0,27
11	142,15	-8,64	88,20	-3,65	2,06	-0,12	96,49	2,90	74,47	-0,76	10,02	-0,21	494,45	-64,27	30,11	-0,67
12	147,91	-2,88	93,81	1,96	2,33	0,15	91,45	-2,14	63,31	-11,92	9,82	-0,41	583,70	24,98	37,38	6,60
13	157,28	6,49	86,62	-5,23	2,21	0,03	102,24	8,65	79,93	4,70	9,86	-0,37	577,47	18,75	32,24	1,46
14/1	139,52	-11,27	94,55	2,70	2,16	-0,02	94,93	1,34	75,53	0,30	12,14	1,91	605,71	46,99	20,06	-10,72
14/2	166,06	15,27	92,40	0,55	2,23	0,05	92,49	-1,10	74,50	-0,73	10,14	-0,09	658,46	99,74	33,08	2,30
16	174,03	23,24	90,54	-1,31	2,28	0,10	102,23	8,64	86,51	11,28	9,47	-0,76	644,44	85,72	30,41	-0,37
17	164,38	13,59	108,05	16,20	2,51	0,33	88,02	-5,57	66,32	-8,91	10,21	-0,02	931,80	373,08	42,95	12,17
18	166,73	15,94	97,04	5,19	2,37	0,19	95,23	1,64	80,15	4,92	9,83	-0,40	716,16	157,44	36,25	5,47
19	136,66	-14,13	85,58	-6,27	2,14	-0,04	99,12	5,53	78,62	3,39	10,79	0,56	469,11	-89,61	23,32	-7,46
20	167,70	16,91	98,50	6,65	2,40	0,22	91,75	-1,84	76,32	1,09	10,22	-0,01	712,35	153,63	45,68	14,90
21	134,89	-15,90	81,32	-10,53	2,08	-0,10	86,50	-7,09	74,03	-1,20	11,19	0,96	417,78	-140,94	27,33	-3,45
22	145,56	-5,23	89,89	-1,96	2,34	0,16	102,11	8,52	81,13	5,90	9,71	-0,52	536,10	-22,62	31,05	0,27
Média	146,26		90,20		2,16		91,52		74,51		10,23		588,72		30,78	

CF= comprimento do fruto (mm), DF = diâmetro do fruto (mm), EP= espessura da polpa (cm), FF = firmeza do fruto, FP= firmeza da polpa, SST= teor de sólidos solúveis, (°Brix), PMF= peso médio de fruto (g), PROD= produção (t/ha).

5.1.5 Heterose

Na cultura do mamoeiro, é possível desenvolver tanto linhagens como híbridos pelo fato de sua autopolinização não ocasionar perda de vigor (Dantas e Lima, 2001). Desse modo, híbridos que obtiveram estimativas dos efeitos de heterose negativas para as características avaliadas sugerem o aproveitamento das linhagens *per se*, por outro lado, para aqueles que expressaram valores positivos, o ideal é a exploração do híbrido.

Para que haja heterose, é necessária a existência de genes com grau parcial a completo de dominância controlando o caráter, além da diversidade genética entre as linhagens (Hallauer e Miranda, 1995; Falconer e Makay, 1996).

As estimativas dos efeitos de heterose funcional para a característica NFC mostraram que a grande maioria dos híbridos apresentou valores positivos (Tabela 10). Isto significa um desempenho superior destes híbridos em relação às linhagens. Apenas nas combinações híbridas $1xT_1$, $7xT_1$, $9xT_1$, $12xT_1$, $13xT_1$ e $15xT_1$, foram observados valores negativos. Para a heterose varietal neste caráter, os híbridos que lograram êxito foram $4xT_1$, $8xT_1$, $11xT_1$ e $21xT_1$ por apresentarem magnitudes mais elevadas e positivas (Tabela 10). Em relação ao híbrido $11xT_1$, é importante mencionar que, além de ter se sobressaído para heterose varietal, revelou também elevada magnitude para CEC.

Tabela 10. Valores referentes à heterose de híbridos, utilizando o testador 'Formosa'- JS-12 para quatro características de importância econômica do mamoeiro. Linhares, Espírito Santo, 2015.

Híbrido	Características											
	NFC			PMF			PROD (t/ha)			SST		
	Média	HF	HV	Média	HF	HV	Média	HF	HV	Média	HF	HV
1	25,49	-14,38	-1,12	899,60	173,69	-30,43	41,58	128,49	-30,07	10,32	-1,98	20,85
2	22,51	2,18	-12,68	760,28	132,76	-41,20	30,30	145,47	-49,04	10,90	-0,27	27,58
3	26,71	12,66	3,61	834,67	172,25	-35,45	40,14	202,21	-32,49	11,86	2,78	38,85
4	27,91	36,01	8,25	820,57	59,79	-36,54	40,54	79,54	-31,83	9,61	-2,86	12,53
5	15,89	103,67	-38,36	1263,08	45,91	-2,32	36,05	145,35	-39,37	9,30	16,53	8,91
6	24,59	84,51	-4,60	1198,41	94,95	-7,32	51,75	276,79	-12,96	10,06	0,56	17,82
7	21,08	-38,93	-18,22	886,21	98,58	-31,47	34,30	17,37	-42,31	11,47	2,47	34,28
8	28,19	25,24	9,34	1113,47	125,86	-13,89	57,20	197,24	-3,80	9,77	-14,19	14,42
9	20,98	-1,76	-18,61	1362,35	181,79	5,35	53,17	188,87	-10,58	9,84	-5,41	15,22
10	18,94	82,24	-26,55	1520,16	139,09	17,56	48,38	270,35	-18,64	9,79	1,30	14,65
11	33,40	44,11	29,56	605,60	98,68	-53,16	38,07	215,48	-35,97	10,12	-4,56	18,53
12	19,44	-8,86	-24,58	1064,98	26,25	-17,64	37,12	21,03	-37,58	8,83	-5,86	3,34
13	17,33	-14,81	-32,79	935,92	-6,49	-27,62	29,80	-14,51	-49,89	9,82	-1,54	15,05
15	13,00	-47,83	-49,59	1114,07	154,09	-13,85	27,82	36,49	-53,21	8,78	-15,37	2,86
16	22,22	1,72	-13,79	1072,76	3,22	-17,04	42,91	3,06	-27,83	9,76	22,86	14,27
17	23,22	84,82	-9,91	1367,48	12,99	5,75	58,13	128,22	-2,24	9,13	12,35	6,94
18	20,21	42,56	-21,62	1169,51	30,06	-9,56	42,36	66,37	-28,76	9,05	-4,37	5,96
20	16,50	29,05	-36,01	1343,12	7,43	3,87	42,98	39,92	-27,71	9,00	-1,23	5,37
21	32,84	34,03	27,40	856,93	50,94	-33,73	51,36	104,01	-13,62	10,52	15,79	23,18
22	24,53	134,85	-4,86	1287,86	142,94	-0,41	59,84	638,06	0,64	9,58	-16,72	12,23

HF = heterose em relação às linhagens *per se*, HV = heterose em relação às testemunhas, NFC = número de fruto comercial (un), PMF = - peso médio do fruto(g), PROD = produção (t/ha), SST= teor de sólidos solúveis (°Brix).

Houve manifestação de heterose funcional positiva para PMF e PROD em todos os híbridos, com valores oscilando de 3,22% (16xT₁) a 181,79% (9xT₁) e de 3,06% (16xT₁) a 638,06% (22xT₁), respectivamente, com exceção do híbrido 13xT₁, no qual foi observado valor negativo em ambas as características. Novamente, pode-se observar a expressão da heterose. Logo, para a heterose varietal, as combinações híbridas 9xT₁, 10xT₁, 17xT₁ e 20xT₁ obtiveram valores positivos no caráter PMF; enquanto, no que se refere à PROD, apenas a combinação híbrida 22xT₁ obteve estimativa de heterose varietal positiva. É importante mencionar que a inferioridade destes híbridos neste caráter foi devido ao fato de a PMF ter sido menor que a testemunha 'Tainung', o que não seria um problema para a cultura, pois aumentaria as opções de seleção de híbridos 'Formosa' de diferentes tamanhos de fruto. Além disso, observou-se aumento no NFC em alguns híbridos. (Tabela 10).

Para a característica SST, as maiores magnitudes heteróticas funcionais foram expressas nas combinações 5xT₁, 16xT₁, 17xT₁ e 21xT₁, com as respectivas estimativas de heterose 16,53%, 22,86%, 12,35% e 15,79%. Em se tratando de heterose varietal, todos os híbridos obtiveram estimativas positivas, com uma variação de 2,85% (15xT₁) a 38,85% (3xT₁) (Tabela 10). Nota-se que para este caráter ocorreu o inverso do observado para produção, em que todos os híbridos superaram a testemunha. No que se refere à heterose varietal, embora não tenham sido observados híbridos que superassem a testemunha para o caráter produção, nos atributos relacionados à qualidade do fruto, os híbridos foram bastante superiores. Dessa forma, é possível selecionar híbridos que produzam tanto quanto a testemunha, porém, com excelentes atributos de qualidade.

Marin et al. (2006b) avaliaram a heterose com base na média dos pais em híbridos obtidos de dialelo parcial e destacaram as combinações de 'JS11' e 'JS 12' com 'Sunrise Solo- TJ', 'Sunrise Solo-72/12-IS', 'Santa Bárbara', 'Baixinho de Santa Amália', 'São Mateus' e 'Sunrise Solo-783' por terem excelentes características morfoagronômicas (AP, AIPF, DC, NFC) relacionadas à qualidade do fruto (PROD, SST e teste de degustação). Dessa forma, estes híbridos têm potencial para lançamento no mercado interno e comercialização no mercado internacional.

Considerando as estimativas dos efeitos de heterose dos híbridos T₂, ou seja, obtidos do cruzamento com o testador 'SS-72/12' (Grupo Solo), observou-se

para a característica NFC que todos os híbridos expressaram magnitudes elevadas de heterose funcional, exceção feita apenas para $1xT_2$ (-45,73%) e $7xT_2$ (-9,90%). Entretanto, para heterose varietal, metade dos híbridos apresentou valores elevados, com destaque para $4xT_2$, $8xT_2$, $12xT_2$, $20xT_2$ e $21xT_2$ com as estimativas de 40,85%, 18,39%, 18,30%, 15,01% e 37,40%, respectivamente (Tabela 11).

Para a característica PMF, as estimativas de heterose funcional observadas foram de elevada magnitude nos híbridos $1xT_2$, $4xT_2$, $9xT_2$ e $11xT_2$. Porém, para a heterose varietal, todos os híbridos obtiveram estimativas positivas, exceção apenas para as combinações $2xT_2$ e $3xT_2$, o que implica frutos maiores que a testemunha 'Golden'. Em relação à produção, grande parte dos híbridos obteve elevadas valores de heterose funcional e, quanto à heterose varietal, todos os híbridos expressaram estimativas elevadas, exceção apenas para o híbrido $1xT_2$. Assim como observado ao utilizar o testador do grupo 'Formosa', o testador do grupo 'Solo' permitiu identificar híbridos bastante produtivos e superiores à testemunha 'Golden'.

As estimativas de heterose funcional para SST variaram de -15,65% ($22xT_2$) a 25,60% ($17xT_2$); e para a heterose varietal, variaram de -5,82% ($1xT_2$) a 23,87% ($14/1xT_2$). Contudo, esta última foi mais expressiva, tendo sido observada na maioria dos híbridos.

Com a utilização deste testador, há possibilidade de selecionar híbridos que sejam superiores à testemunha e ainda apresentem qualidades degustativas desejáveis.

Tabela 11. Valores referentes à heterose de híbridos, utilizando o testador ‘Solo’ SS-72/12 para quatro características de importância econômica do mamoeiro. Linhares, Espírito Santo, 2015.

Híbridos	Características											
	Média	NFC HF	HV	Média	PMF HF	HV	Média	PROD HF	HV	Média	SST HF	HV
1	16,16	-45,73	-46,33	374,69	13,99	10,97	10,80	-4,24	-7,57	9,23	-12,34	-5,82
2	34,32	55,81	13,99	333,42	2,07	-1,42	22,46	81,91	22,24	11,32	3,60	15,49
3	31,86	34,38	5,80	314,80	2,68	-7,01	19,86	49,50	8,10	10,46	-9,36	6,70
4	42,41	106,70	40,85	588,67	14,63	75,20	42,20	86,93	129,74	10,21	3,17	4,14
5	19,60	151,23	-34,90	803,60	-7,17	139,72	25,39	72,78	38,20	9,55	19,61	-2,58
6	31,15	133,72	3,46	525,77	-14,47	56,32	30,23	120,08	64,55	9,95	-0,58	1,51
7	31,10	-9,90	3,29	381,28	-14,56	12,95	21,12	-27,73	14,98	10,51	-6,11	7,23
8	35,65	58,39	18,39	455,33	-7,64	35,18	26,56	38,00	44,56	10,54	-7,47	7,52
9	29,97	40,30	-0,48	564,98	16,86	68,09	30,60	66,26	66,58	9,82	-5,60	0,20
10	26,53	155,33	-11,89	601,71	-5,36	79,12	30,51	133,55	66,07	10,03	3,73	2,31
11	30,47	31,49	1,21	494,45	62,21	46,92	30,11	149,53	63,91	10,02	-5,49	2,29
12	35,62	66,96	18,30	583,70	-30,81	73,71	37,38	21,88	103,47	9,82	4,79	0,25
13	31,04	52,62	3,08	577,47	-42,30	71,84	32,24	-7,50	75,50	9,86	-1,23	0,57
14/1	19,60	32,10	-34,90	605,71	-23,79	80,32	20,06	1,44	9,21	12,14	25,05	23,87
14/2	28,28	90,62	-6,07	658,46	-17,15	96,15	33,08	67,27	80,09	10,14	4,44	3,46
16	26,01	19,07	-13,60	644,44	-37,99	91,94	30,41	-26,98	65,53	9,47	19,24	-3,35
17	25,09	99,69	-16,66	931,80	-23,01	178,20	42,95	68,66	133,83	10,21	25,60	4,18
18	27,62	94,89	-8,26	716,16	-20,36	113,47	36,25	42,39	97,34	9,83	3,90	0,32
19	28,13	93,29	-6,58	469,11	-33,35	39,31	23,32	20,62	26,92	10,79	10,27	10,08
20	34,63	170,91	15,01	712,35	-43,02	112,33	45,68	48,68	148,65	10,22	12,14	4,26
21	40,47	65,13	34,40	417,78	-26,41	23,91	27,33	8,54	48,76	11,19	23,17	14,18
22	29,92	186,48	-0,64	536,10	1,13	59,42	31,05	283,00	69,05	9,71	-15,65	-0,95

HF = heterose em relação às linhagens *per se*, HV= heterose em relação às testemunhas, NDC = número de fruto comercial (un), PMF = peso médio do fruto(g), PROD = produção (t/ha), SST= teor de sólidos solúveis (°Brix).

5.2 Variáveis Morfoagronômicas: Somatório das Três Épocas de Avaliação

5.2.1 Análise de Variância e Parâmetros Genéticos

A Tabela 12 mostra o resumo da análise de variância das variáveis, os valores dos quadrados médios dos tratamentos e suas respectivas significâncias, bem como seu desdobramento em linhagens, híbridos T₁, híbridos T₂ e testemunhas. Além disso, são apresentadas as médias, herdabilidade, coeficiente de variação experimental e eficiência do delineamento em látice, considerando o somatório das três épocas de avaliações. Houve diferença altamente significativa entre os tratamentos para todas as características avaliadas, evidenciando variação genética entre eles, que é de fundamental importância em estudos desta natureza. Os quadrados médios do desdobramento dos tratamentos foram altamente significativos, indicando ocorrência de diferenças entre os genótipos de cada grupo. A exceção é apenas para a característica diâmetro do fruto no grupo dos híbridos T₁, diâmetro do fruto e produção no grupo dos híbridos T₂ e número de frutos deformados no grupo das testemunhas (Tabela 12).

Tabela 12. Resumo da análise de variância de doze características morfoagronômicas obtidas pela soma de três épocas de avaliação na cultura do mamoeiro. Linhares, Espírito Santo, 2015.

Fonte de Variação	GL	Quadrado médio					
		NNSF	NFD ⁽¹⁾	NFC	PMF	CF	DF
Repetição	5	260,58**	2,90**	1906,33**	27244,35 ^{NS}	564,87 ^{NS}	106,92 ^{NS}
Bloco/rep	42	41,36 ^{NS}	0,56 ^{NS}	202,95 ^{NS}	26339,10 ^{NS}	377,68 ^{NS}	159,79 ^{NS}
Trat. (ajust.)	64	418,84**	5,04**	1799,81**	872520,28**	12645,93**	1023,64**
Linhagens	19	353,05**	5,06**	975,20**	389716,08**	2655,15**	507,10**
Híbridos test 1	19	158,50**	1,76**	792,05**	146976,24**	2216,10**	134,78 ^{NS}
Híbridos test 2	21	187,75**	2,85**	1026,76**	172336,35**	2047,99**	208,65 ^{NS}
Testemunha	1	3888,24**	0,32 ^{NS}	18897,00**	22616059,34**	357926,32**	21168,67**
Entre categorias	3	2225,60**	31,96**	10044,00**	4754826,21**	78288,20**	6814,92**
Resíduo	311	44,13	0,51	252,48	24571,15	412,85	193,20
Média		23,13	2,02	64,41	851,23	180,49	98,98
H ²		89,46	89,88	85,97	97,18	96,73	81,13
CV%		28,72	35,71	24,67	18,41	11,26	14,04
Eficiência %		85,34	98,88	82,35	99,28	101,87	107,42

NNSF = número de nós sem frutos (un), NFD = número de frutos deformados (un), NFC = número de frutos comerciais (un), PMF = peso médio de fruto (g), CF = comprimento do fruto (mm), DF = diâmetro do fruto (mm); **, * e ^{NS}: Significativo a 1% e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F. ¹NFD = $\sqrt{x + 0,5}$.

Tabela 12. Cont.

Fonte de Variação	GL	Quadrado médio					
		EP	FF	FP	SST	PROD (kg/p)	PROD (t/ha)
Repetição	5	0,04 ^{NS}	245,90 ^{**}	148,35 ^{**}	4,26 ^{**}	1765,60 ^{**}	5585,57 ^{**}
Bloco/rep.	42	0,02 ^{NS}	45,88 ^{NS}	35,68 ^{NS}	0,27 ^{NS}	182,99 ^{NS}	591,74 ^{NS}
Trat (ajust.)	64	0,71 ^{**}	111,12 ^{**}	541,88 ^{**}	3,79 ^{**}	1586,47 ^{**}	5064,88 ^{**}
Linhagens	19	0,62 ^{**}	608,40 ^{**}	365,76 ^{**}	4,67 ^{**}	623,18 ^{**}	1980,36 ^{**}
Híbridos test 1	19	0,12 ^{**}	224,71 ^{**}	142,57 ^{**}	1,25 ^{**}	722,21 ^{**}	2276,97 ^{**}
Híbridos test 2	21	0,14 ^{**}	254,29 ^{**}	112,18 ^{**}	1,27 ^{**}	247,25 ^{NS}	793,75 ^{NS}
Testemunha	1	16,29 ^{**}	9486,42 ^{**}	5765,20 ^{**}	27,54 ^{**}	42246,00 ^{**}	135568,93 ^{**}
Entre categorias	3	2,96 ^{**}	9964,47 ^{**}	4133,77 ^{**}	17,73 ^{**}	6977,54 ^{**}	22261,17 ^{**}
Resíduo	311	0,03	53,62	39,65	0,42	213,85	682,09
Média		2,34	100,03	82,69	9,65	50,50	90,22
H ²		95,77	51,74	92,68	88,92	86,53	86,53
CV%		7,74	7,32	7,61	6,73	28,96	28,95
Eficiência %		97,03	99,85	97,77	79,26	90,45	90,45

MEP= espessura média da polpa (cm), FF = firmeza do fruto (N), FP = firmeza da polpa (N), SST= teor de sólidos solúveis (°Brix), PROD= produção (kg/p), PROD = produção (t/ha); **, * e ns: Significativo a 1% e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

As médias referentes à PMF, CF, DF, MEP, FF, FP e SST foram muito próximas das observadas na primeira época de avaliação (Tabela 12). Os valores de coeficiente de determinação (H^2) foram considerados elevados para todas as características, exceto para firmeza do fruto, que obteve uma estimativa de 51,74% (Tabela 12). Embora H^2 não seja um coeficiente de herdabilidade, suas altas estimativas refletem uma expectativa de ganhos elevados com maior eficiência na seleção. Segundo Falconer (1987), o coeficiente de determinação genotípica fornece a porção da variância genética presente na variância fenotípica total. Dessa forma, há confiabilidade no valor fenotípico como indicador do valor genético.

Semelhantemente ao observado na primeira época de avaliação, grande parte das características apresentou CVe inferiores a 20%. Somente os caracteres NNSF (28,72), NFD (35,71), NFC (24,67) e PROD (28,96) obtiveram CVe elevados, sendo ainda considerados dentro dos limites aceitáveis (Tabela 12). Estes resultados são devidos à grande variação destas características entre as três épocas avaliadas e principalmente por serem bastante influenciados pelo ambiente. Em estudos conduzidos com a cultura do mamão, foram observadas estimativas de CV% de baixo a muito alto (Silva et al., 2008a; Silva et al., 2008b; Oliveira et al., 2010).

A eficiência do delineamento em látice foi inferior a 100% para quase todas as características. Contudo, CF e DF apresentaram valores de 101,87 e 107,42%, respectivamente (Tabela 12). Eficiência d látice inferior a 100% significa que a variação dentro do bloco é inferior à variação entre as repetições, as quais correspondem aos blocos de delineamento em blocos casualizados (Cochran e Cox, 1957).

5.2.2 Comparações de médias

As características que refletem a capacidade produtiva dos genótipos são NFC, PMF e PROD. Foram observados, tanto nas linhagens quanto nos grupos dos híbridos T_1 e T_2 , indivíduos com valores superiores aos valores das testemunhas. Entre as linhagens, destacaram-se 1 (89,2), 3 (88,0) e 15 (91,0) (Tabela 13). Com relação aos híbridos T_1 , sobressaíram as combinações $1 \times T_1$ (64,6), $3 \times T_1$ (67,9), $8 \times T_1$ (67,0), $11 \times T_1$ (93,60) e $16 \times T_1$ (65,5).

Tabela 13. Média das características⁽¹⁾ de importância econômica, avaliadas em 66 genótipos de mamoeiro, com suas DMS-diferença mínima significativa. Linhares, Espírito Santo, 2015.

Caract.	Ident.	Tratamentos			Caract.	Ident.	Tratamentos			Caract.	Ident.	Tratamentos		
		Linh.	H T ₁	H T ₂			Linh.	H T ₁	H T ₂			Linh.	H T ₁	H T ₂
NFC	1	89,2	64,6	41,5	PMF	1	394,86	1044,18	495,80	PROD	1	34,41	67,13	20,57
	2	84,9	59,7	82,3		2	404,34	925,17	448,81		2	32,51	53,50	36,41
	3	88,0	67,9	80,0		3	343,60	958,16	448,14		3	30,91	64,18	35,49
	4	73,8	56,7	79,7		4	550,39	933,83	677,03		4	40,91	52,95	50,81
	5	22,2	34,1	44,9		5	1019,71	1345,64	834,10		5	23,74	44,72	40,66
	6	52,3	58,7	70,3		6	743,82	1251,78	600,34		6	40,57	71,59	43,94
	7	84,0	56,2	83,0		7	495,07	998,08	489,41		7	43,83	57,18	40,04
	8	69,4	67,0	87,1		8	489,53	1115,68	492,57		8	32,67	75,50	41,87
	9	81,1	45,9	60,8		9	536,38	1405,83	681,75		9	43,97	65,37	40,73
	10	43,8	42,0	62,3		10	659,08	1468,76	642,31		10	28,12	60,35	41,73
	11	-	93,6	62,1		11	-	770,58	659,65		11	-	77,89	37,80
	12	59,3	46,5	96,5		12	887,04	1073,94	626,62		12	56,94	52,54	59,95
	13	72,4	35,0	77,6		13	1083,50	1079,07	745,46		13	73,14	44,55	63,72
	14	56,3	-	63,2		14	714,88	-	609,87		14	39,45	-	38,44
	15	91,0	38,8	74,3		15	537,82	1098,17	665,51		15	53,35	45,85	47,21
	16	56,1	65,5	65,2		16	1249,45	1104,34	724,47		16	69,65	72,92	49,13
	17	37,8	50,0	63,6		17	1302,84	1489,86	887,71		17	48,21	74,88	57,38
	18	52,7	48,3	67,4		18	994,35	1167,44	761,17		18	58,03	56,99	52,04
	19	47,4	-	63,5		19	772,40	-	546,46		19	35,41	-	35,49
	20	38,5	46,1	71,4		20	1441,05	1690,65	742,50		20	59,33	81,72	55,10
	21	57,3	56,3	108,3		21	634,14	950,77	502,98		21	36,86	55,26	52,10
	22	36,2	55,7	84,4		22	616,96	1232,90	565,05		22	24,09	72,79	50,06
Média		61,60	54,40	72,20			755,77	1155,24	629,40			43,15	62,39	46,74
Golden		85,0			Golden		351,85			Golden		30,78		
Tainung		55,1			Tainung		1390,57			Tainung		75,76		
DMS		18,34					181,00					16,89		

¹NFC= número de frutos comerciais (un), PMF= peso médio de fruto (g), PROD= produção em kg/p; HT₁ (híbridos do Testador JS-12) e HT₂ (Híbridos do testador SS-72-12).

Tabela 13. Cont.

Caract.	Ident.	Tratamentos			Caract.	Ident.	Tratamentos			Caract.	Ident.	Tratamentos		
		Linh.	H T ₁	H T ₂			Linh.	H T ₁	H T ₂			Linh.	H T ₁	H T ₂
FF	1	88,14	114,90	86,00	FP	1	69,96	89,80	75,80	SST	1	11,17	10,29	9,24
	2	93,24	115,98	88,53		2	76,39	91,79	73,02		2	11,24	10,84	11,34
	3	88,88	106,94	89,97		3	72,42	82,26	79,17		3	11,95	11,03	10,25
	4	103,71	108,44	84,19		4	93,90	90,30	73,55		4	9,46	9,68	9,80
	5	101,24	108,93	90,81		5	83,97	86,21	74,45		5	7,74	9,03	9,14
	6	112,63	116,42	91,02		6	90,07	94,11	73,60		6	10,56	9,91	10,17
	7	85,45	106,00	86,20		7	71,44	85,46	73,23		7	10,84	10,69	10,26
	8	96,74	94,52	86,36		8	76,17	71,89	74,87		8	10,22	9,57	10,34
	9	96,52	102,37	89,67		9	86,52	82,72	72,28		9	9,21	9,78	9,48
	10	133,29	125,14	104,28		10	104,32	95,95	84,61		10	10,03	9,91	9,87
	11	-	96,26	94,21		11	-	79,21	80,38		11	-	9,88	9,61
	12	96,47	114,32	94,49		12	83,17	92,44	75,35		12	8,66	9,05	9,17
	13	129,14	124,35	99,87		13	106,11	87,96	84,98		13	9,17	10,01	9,50
	14	87,32	-	95,26		14	77,18	-	82,90		14	10,12	9,05	10,85
	15	103,45	114,68	91,55		15	91,33	90,53	74,64		15	8,73	-	10,27
	16	116,99	110,38	102,55		16	89,01	94,24	86,52		16	8,26	9,18	9,02
	17	98,20	127,53	94,60		17	81,16	95,14	75,35		17	8,36	9,21	9,43
	18	115,62	107,63	95,68		18	93,29	93,77	81,24		18	9,24	9,06	9,59
	19	110,06	-	91,25		19	87,98	-	79,21		19	9,49	-	10,32
	20	117,45	126,32	94,00		20	98,79	99,93	76,01		20	8,57	8,99	9,87
	21	112,25	101,99	89,72		21	89,39	82,47	78,37		21	9,62	9,80	10,69
	22	110,16	114,03	102,06		22	103,01	91,59	84,10		22	9,16	9,72	10,07
	Média	104,62	111,86	92,80			86,93	88,89	77,90			9,61	9,73	9,92
	Golden	78,70				Golden	68,15				Golden	9,80		
	Tainung	99,95				Tainung	84,62				Tainung	8,61		
	DMS	8,45					7,27					0,75		

¹FF = firmeza do fruto (N), FP- firmeza da polpa (N), SST= teor de sólidos solúveis (°Brix); HT₁ (híbridos do Testador JS-12) e HT₂ (Híbridos do testador SS-72-12).

Nos híbridos T_2 , destacaram-se $8 \times T_2(87,1)$, $12 \times T_2(96,50)$ e $21 \times T_2(108,3)$. Luz (2014) observou médias gerais para NFC de 82,5, 119,87, 90,25 e 95,75 nos híbridos 'Solo' UC-13, UC-14, UC-15 e UC-16, respectivamente; e valores de 57,62 (UC-03) e 61,12 (UC-10) para híbridos 'Formosa' em quatro épocas de avaliações. Esses resultados são bem próximos daqueles verificados neste estudo em apenas três épocas de avaliação, significando que tanto os híbridos T_1 como os T_2 são bastante promissores para o caráter NFC. Considerando a característica PMF, a média geral dos grupos de tratamentos foi de 755,77g, 1155,24g e 629,50g para linhagens, híbridos T_1 e híbridos T_2 , respectivamente. Comparando essas médias com a média obtida em cada grupo na primeira época de avaliação, é possível notar uma pequena variação. Este resultado pode ser justificado pelas variações climáticas e ambientais, que ocasionaram alterações nos fatores genéticos ao longo do desenvolvimento da planta. Quintal (2009), avaliando genótipos de mamoeiro do banco de germoplasma da Empresa Caliman Agrícola, observou peso médio do fruto de 792,11g na primeira época, de 678,67g na segunda época e de 880,33g na terceira época de avaliação. De acordo com a autora, o valor mais baixo foi consequência de este período ser o mais quente da região, e as colheitas terem sido feitas mais precocemente e o período de captação de fotoassimilados ter sido bem menor, resultando em frutos menores. Por outro lado, frutos com peso maior decorrem de temperaturas mais amenas, permanecendo os frutos por maior período de tempo na planta mãe (Quintal, 2009). Para a característica PROD, houve uma variação de 23,75 a 73,14kg/pl nas linhagens; 44,55 a 81,72kg/pl nos híbridos T_1 ; e 35,49 a 63,72kg/pl nos híbridos T_2 . Entre os híbridos T_1 , apenas as combinações $11 \times T_1$ e $20 \times T_1$ foram superiores à testemunha 'Tainung'; enquanto todos os híbridos T_2 exibiram valores mais elevados que a testemunha 'Golden', exceto a combinação híbrida $1 \times T_2$ (Tabela 13). Considerando os dados de produção obtidos na primeira época de avaliação, observou-se que os tratamentos que se mostraram superiores foram também os mais produtivos no somatório das três épocas de avaliação. Dessa forma, é possível inferir sobre os genótipos mais produtivos apenas com base na primeira época de avaliação.

Com relação às características de firmeza, que apresentam relação direta com a resistência dos frutos ao transporte, foram observados valores médios de 104,62N, 111,86N e de 92,80N para FF nas linhagens, híbridos T_1 e híbridos T_2 ,

respectivamente. As linhagens 10, 13, 16 e 20 apresentaram valores mais elevados. E os híbridos 13xT₁, 17xT₁, 20xT₁, 10xT₂, 16xT₂ e 22xT₂ obtiveram valores bem superiores às suas testemunhas referência. Quanto à FP, houve uma variação de 69,96 a 106,11N nas linhagens; de 71,89 a 99,93N nos híbridos T₁; e de 72,28 a 86,52N nos híbridos T₂. As combinações híbridas que se destacaram entre os híbridos T₁ foram 10 x T₁, 16 x T₁, 17 x T₁ e 20 x T₁, enquanto nos híbridos T₂ foram 10 x T₂, 13 x T₂, 16 x T₂ e 22 x T₂. De modo geral, nota-se que não houve equivalência entre os genótipos para ambas as características, sendo observado apenas entre os híbridos T₂, e os híbridos que apresentaram maior firmeza do fruto também apresentaram maior firmeza de polpa (Tabela 13).

Para a característica SST, os valores observados foram semelhantes à primeira época de avaliação. Quando comparamos os híbridos T₁ com sua testemunha 'Tainung', nota-se que todos os híbridos apresentaram valores superiores. E entre os híbridos T₂, destacam-se as combinações 2xT₂, 3xT₂, 6xT₂, 7 x T₂, 8 x T₂, 14 x T₂, 15 x T₂, 19 x T₂, 21 x T₂ e 22 x T₂ por terem SST superior a 10° Brix (Tabela 13). É importante mencionar que esta característica foi mensurada no estágio 1 de maturação dos frutos, podendo ainda aumentar em média de 2 a 3 graus Brix no estágio de maturação ideal para o consumo *in natura*, estágio 6 (Fuggate et al., 2010). As médias dos tratamentos (linhagens, híbridos T₁ e híbridos T₂) mostraram que na maioria dos casos não há coincidência entre os tratamentos que apresentaram maiores médias para SST e aqueles com maiores médias para produção. Isto pode ser explicado pelos resultados obtidos por Quintal (2009), que observou correlação genética negativa entre estas características tanto em genótipos do grupo 'Solo' quanto em genótipos do grupo 'Formosa'. Desta forma, a ausência de correlação entre SST e PROD pode representar uma dificuldade para o melhoramento dessa cultura, uma vez que esses dois caracteres são de grande importância para o melhoramento do mamoeiro e que a seleção de tratamentos para um dificilmente implicará seleção para o outro.

Facundes e Yamanishi (2001) analisaram frutos do grupo 'Solo' e encontraram valores de SST oscilando entre 9,90 e 12,5°Brix. Ide et al. (2009) também observaram uma variação de 9,70 a 12,80 ao utilizaram testadores para selecionar híbridos que combinem elevada produção de frutos por planta com

atributos relacionados à qualidade do fruto tais como firmeza da polpa e teor total de sólidos solúveis.

5.2.3 Contrastes ortogonais entre grupos de tratamentos

A Tabela 14 mostra a média geral por grupo de tratamento juntamente com seus respectivos contrastes ortogonais para cada uma das características avaliadas. Considerando o grupo das linhagens e híbridos T_1 , houve diferença significativa para todas as características, exceção apenas para SST, que se mostrou não significativa, confirmando o que já havia sido apresentado na primeira época de avaliação. Por outro lado, se compararmos as linhagens com os híbridos T_2 , as características NDF, DF, MEP, SST e PROD foram não significativas. Assim, pode-se inferir que há uma semelhança maior das linhagens com os híbridos T_2 do que com os híbridos T_1 . Os contrastes entre as linhagens e a testemunha 'Golden' mostraram diferenças significativas em todas as características, exceção feita apenas para SST. De modo geral, as linhagens apresentaram desempenho superior à testemunha 'Golden'(Tabela 14). Contudo, quando comparadas com a testemunha 'Tainung', apenas na variável NFC e nos caracteres relacionados à qualidade de frutos (FF, FP e SST), foi observada superioridade das linhagens.

Tabela 14. Valores de F dos contrastes ortogonais entre médias de 12 características morfoagronômicas, avaliados em cinco grupos distintos de genótipos de mamão (linhagens, híbridos T₁, oriundos do cruzamento com o testador do grupo ‘Formosa’ JS-12 e híbridos T₂, obtidos com o testador do grupo ‘Solo’ SS 72/12 e testemunhas ‘Golden’ e ‘Tainung’). Linhares, Espírito Santo, 2015.

Características	Linhagens x Híbridos T ₁			Linhagens x Híbridos T ₂			Linhagens x Test (Golden)		
	Média 1° grupo	Média 2° grupo	Contraste	Média 1° grupo	Média 2° grupo	Contraste	Média 1° grupo	Média 2° grupo	Contraste
NNSF	23,0	28,7	19,75**	23,0	18,6	10,23**	23,0	15,2	22,53**
NFD	2,3	1,8	9,50**	2,3	2,4	2,41 ^{NS}	2,3	1,2	28,89**
NFC	61,6	54,4	5,88*	61,6	72,2	14,34**	61,6	85,0	41,79**
PMF	755,8	1155,2	111,71**	755,8	629,4	4,68*	755,8	351,8	70,00**
CF	164,6	218,3	156,87*	164,6	150,9	5,84*	164,6	126,8	50,88**
DF	96,8	106,6	19,89**	96,8	96,1	0,25 ^{NS}	96,8	78,1	41,65**
EP	2,3	2,6	49,57**	2,3	2,2	0,93 ^{NS}	2,3	1,9	45,74**
FF	104,6	111,9	23,15**	104,6	92,8	37,30**	104,6	78,7	151,99**
FP	86,9	88,9	4,08*	86,9	77,9	43,30**	86,9	68,1	132,12**
SST	9,6	9,7	0,14 ^{NS}	9,6	9,9	3,07 ^{NS}	9,6	9,8	0,46 ^{NS}
PROD(Kg/p)	43,1	62,4	66,69**	43,1	46,7	2,61 ^{NS}	43,1	30,8	15,82**
PROD(t/ha)	77,1	111,5	66,90**	77,1	83,5	2,59 ^{NS}	77,1	55,0	15,90**

NNSF= número de nós sem frutos (un), NFD = número de frutos deformados (un), NFC = número de frutos comerciais (un), PMF = peso médio de fruto (g), CF = comprimento do fruto (mm), DF = diâmetro do fruto (mm), EP = espessura da polpa (cm), FF = firmeza do fruto (N), FP = firmeza da polpa (N), SST= teor de sólidos solúveis (°Brix), PROD = produção (kg/p), PROD- produção (t/ha), **, * e ^{NS}: Significativo a 1% e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 14. Cont.

Características	Linhagens x Test (Tainung)			Híbridos T ₁ x Híbridos T ₂			Híbridos T ₁ x Test (Tainung)		
	Média 1° grupo	Média 2° grupo	Contraste	Média 1° grupo	Média 2° grupo	Contraste	Média 1° grupo	Média 2° grupo	Contraste
NNSF	23,0	29,1	13,27**	28,7	18,6	59,65**	28,7	29,1	0,01 ^{NS}
NFD	2,3	1,4	20,85**	1,8	2,4	22,08**	1,8	1,4	4,46*
NFC	61,6	55,1	2,64 ^{NS}	54,4	72,2	38,89**	54,4	55,1	0,09 ^{NS}
PMF	755,8	1390,6	174,10**	1155,2	629,4	168,43**	1155,2	1390,6	22,89**
CF	164,6	257,3	300,70**	218,3	150,9	232,10**	218,3	257,3	54,29**
DF	96,8	110,0	20,46**	106,6	96,1	16,59**	106,6	110,0	0,96 ^{NS}
EP	2,3	2,8	98,42**	2,6	2,2	66,80**	2,6	2,8	18,61**
FF	104,6	99,9	3,95*	111,9	92,8	120,57**	111,9	99,9	33,49**
FP	86,9	84,6	1,39 ^{NS}	88,9	77,9	73,70**	88,9	84,6	7,69**
SST	9,6	8,6	40,58**	9,7	9,9	1,81 ^{NS}	9,7	8,6	44,18**
PROD(Kg/p)	43,1	75,7	122,95**	62,4	46,7	45,89**	62,4	75,7	21,04**
PROD(t/ha)	77,1	135,5	124,08**	111,5	83,5	46,16**	111,5	135,5	21,41**

NNSF = número de nós sem frutos (un), NFD = número de frutos deformados (un), NFC = número de frutos comerciais (un), PMF = peso médio de fruto (g), CF = comprimento do fruto (mm), DF = diâmetro do fruto (mm), EP = média de espessura da polpa (cm), FF = firmeza do fruto (N), FP = firmeza da polpa (N), SST = teor de sólidos solúveis (°Brix), PROD = produção (kg/p), PROD = produção (t/ha), **, * e ^{NS}: Significativo a 1% e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 14. Cont.

Características	Híbridos T ₂ x Test (Golden)		
	Média 1º grupo	Média 2º grupo	Contraste
NNSF	18,6	15,2	5,25*
NFD	2,4	1,2	44,78**
NFC	72,2	85,0	12,78**
PMF	629,4	351,8	46,11**
CF	150,9	126,8	28,47**
DF	96,1	78,1	47,75**
EP	2,2	1,9	37,33**
FF	92,8	78,7	59,21**
FP	77,9	68,1	41,90**
SST	9,9	9,8	0,48 ^{NS}
PROD(Kg/p)	46,7	30,8	28,32**
PROD(t/ha)	83,5	55,0	28,35**

NNSF = número de nós sem frutos (un), NFD = número de frutos deformados (un), NFC = número de frutos comerciais (un), PMF = peso médio de fruto (g), CF = comprimento do fruto (mm), DF = diâmetro do fruto (mm), EP = espessura da polpa (cm), FF = firmeza do fruto (N), FP = firmeza da polpa (N), SST = teor de sólidos solúveis (°Brix), PROD = produção (kg/p), PROD = produção (t/ha), **, * e ^{NS}: Significativo a 1% e 5% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

O contraste entre os dois grupos de híbridos T₁ e T₂ mostrou diferença altamente significativa para quase todas as características. Apenas SST mostrou ausência de significância. Os híbridos T₁ superaram as médias dos híbridos T₂ nas características relacionadas ao tamanho do fruto (PMF, CF, DF, MEP) e nos caracteres FF, FP e PROD, mas este resultado já era esperado por serem híbridos oriundos do cruzamento com o testador JS-12 (Grupo 'Formosa), ou seja, genótipo de frutos grandes. Por outro lado, no que se refere ao NFC, os híbridos T₂ (obtidos do testador SS-72/12) destacaram-se por apresentar maior quantidade de frutos comerciais por planta (Tabela 14). Isto porque plantas que produzem frutos menores tendem a produzir um maior número de frutos.

Em relação ao contraste entre os híbridos T₁ x testemunha 'Tainung', houve diferença significativa em grande parte das características avaliadas. A semelhança entre estes dois grupos foi apenas nos caracteres NNSF, NFC e DF. Assim como foi observado na comparação das linhagens com esta testemunha, notou-se destaque dos híbridos T₁ apenas nas características relacionadas à qualidade do fruto (FF, FP e SST). Considerando os contrastes entre os híbridos

T₂ e a testemunha 'Golden', todas as características apresentaram diferença significativa, exceto para SST. Os destaques dos híbridos T₂ sobre a testemunha foram para as características PMF, CF, DF, MEP, FF, FP, SST e PROD. Estes resultados corroboraram aqueles observados na primeira época de avaliação, o que mais uma vez evidencia a possibilidade de seleção de híbridos superiores com padrão 'Solo' superiores à testemunha 'Golden', amplamente cultivada pelos produtores de mamão (Tabela 14).

5.2.4 Capacidade Específica de Combinação

A Tabela 15 mostra as estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação para o somatório das três épocas de avaliações dos híbridos oriundos de JS-12. Quanto maior a magnitude dos valores da CEC, melhor é a combinação híbrida, visto indicar desvios de dominância favoráveis.

Para o caráter NNSF, a maior estimativa positiva de CEC foi apresentada pela combinação híbrida 5xT₁, porém para esta característica os programas de melhoramentos buscam valores inferiores, que resultam em cultivares com menor esterilidade, para tal, as combinações híbridas 8xT₁, 11xT₁ e 22xT₁ são preferidas por apresentarem as maiores estimativas negativas. Da mesma forma acontece com NFD, e as combinações híbridas que contribuem para a redução deste caráter são 4xT₁, 7xT₁, 9xT₁, 16xT₁, 17xT₁ e 18xT₁(Tabela 15).

Quanto às estimativas dos efeitos de CEC, os cruzamentos mais promissores para elevar o número de fruto comerciais por planta foram 3xT₁(13,5), 8xT₁ (12,6) e 11xT₁(39,2), por apresentarem valores elevados e positivos. Ide et al. (2009) estimaram os efeitos de capacidade específica de combinação em híbrido, utilizando o testador JS-12, e encontraram valores variando de -8,59 (Grampola x JS-12) a 11,03 (BSA x JS-12) (Tabela 15).

Para as características PMF e CF, os híbridos que mais contribuíram para o aumento do tamanho do fruto foram 9xT₁, 10xT₁, 17xT₁ e 20xT₁. Entretanto, se a preferência for por frutos com padrão 'Formosa', que apresentam o PMF variando de 900g a 1100g, os cruzamentos preferidos são 1xT₁, 2xT₁, 3xT₁, 4xT₁, 7xT₁, 12xT₁, 13xT₁, 15xT₁ e 21xT₁(Tabela 15).

Com relação à CEC para FF e FP, cabe destacar os cruzamentos 10xT₁, 17xT₁ e 20xT₁ para ambas as características, por apresentarem estimativas elevadas e positivas. Destes cruzamentos, apenas o 17xT₁ e o 20xT₁ se

destacaram na primeira época de avaliação. Contudo, para o caráter SST, os resultados obtidos pelas duas análises foram bastante similares. Os híbridos mais promissores foram $2 \times T_1$, $3 \times T_1$, $7 \times T_1$, embora tenham sido observadas pouca variação e magnitudes muito próximas de zero (Tabela 15). Ide et al. (2009) também observaram amplitude de variação para SST baixa, com estimativas de CEC entre $-1,9$ e $1,19^\circ$ Brix.

Em termos de produção, as estimativas dos efeitos de CEC variaram de $-31,6$ ($5 \times T_1$) a $34,3$ ($20 \times T_1$). E os cruzamentos que mais contribuíram para o aumento desta característica foram $8 \times T_1$, $11 \times T_1$, $17 \times T_1$, $20 \times T_1$ e $22 \times T_1$.

Embora tenha sido observado que os híbridos T_1 pertencentes à terceira geração de retrocruzamento (RC_3), ou seja, aqueles com maior proporção do genoma do genitor recorrente, tenham apresentado melhores estimativas de CEC para as características NFD, CF, FF, FP e PROD, os demais, da RC_1 e RC_2 , também obtiveram boas estimativas de CEC para as demais características.

Tabela 15. Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC), utilizando o testador 'Formosa' JS-12 para dez características referentes ao somatório de três épocas de avaliações na cultura do mamoeiro. Linhares, Espírito Santo, 2015.

Híbridos	Características									
	NNSF		NFD		NFC		PMF		CF	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
1	25,5	-3,2	1,7	-0,1	64,6	10,2	1044,2	-111,0	201,7	-329,3
2	26,0	-2,7	1,7	-0,1	59,7	5,3	925,2	-230,0	194,0	-448,3
3	27,0	-1,7	1,9	0,1	67,9	13,5	958,2	-197,0	191,8	-415,3
4	24,0	-4,7	1,2	-0,6	56,7	2,3	933,8	-221,4	192,8	-439,7
5	42,2	13,5	2,9	1,1	34,1	-20,3	1345,6	190,4	223,0	-27,9
6	24,2	-4,5	1,9	0,1	58,7	4,3	1251,8	96,6	230,3	-121,7
7	25,7	-3,0	1,3	-0,5	56,2	1,8	998,1	-157,1	185,9	-375,4
8	19,2	-9,5	2,6	0,8	67,0	12,6	1115,7	-39,5	216,0	-257,8
9	30,4	1,7	0,9	-0,9	45,9	-8,5	1405,8	250,6	226,5	32,3
10	25,0	-3,7	2,9	1,1	42,0	-12,4	1468,8	313,6	250,6	95,3
11	17,3	-11,4	1,8	0,0	93,6	39,2	770,6	-384,6	184,2	-602,9
12	33,3	4,6	1,6	-0,2	46,5	-7,9	1073,9	-81,3	210,7	-299,6
13	32,3	3,6	2,0	0,2	35,0	-19,4	1079,1	-76,1	209,6	-294,4
15	39,1	10,4	1,7	-0,1	38,8	-15,6	1098,2	-57,0	225,8	-275,3
16	25,1	-3,6	0,8	-1,0	65,5	11,1	1104,3	-50,9	246,8	-269,2
17	31,7	3,0	0,8	-1,0	50,0	-4,4	1489,9	334,7	299,7	116,4
18	40,4	11,7	1,1	-0,7	48,3	-6,1	1167,4	12,2	224,9	-206,1
20	37,9	9,2	1,6	-0,2	46,1	-8,3	1690,7	535,5	244,8	317,2
21	28,0	-0,7	2,8	1,0	56,3	1,9	950,8	-204,4	192,8	-422,7
22	19,2	-9,5	2,6	0,8	55,7	1,3	1232,9	77,7	213,3	-140,6
Média	28,7		1,8		54,4		1155,2		218,3	

NNSF = número de nós sem frutos (un), NFD= número de frutos deformados (un), NFC= número de frutos comerciais (un), PMF= peso médio de fruto (g) e CF=comprimento de fruto (mm).

Tabela 15. Cont.

Híbridos	Características									
	DF		FF		FP		SST		PROD	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
1	108,3	1,7	114,9	3,0	89,8	0,9	10,3	0,6	119,6	8,1
2	103,0	-3,6	116,0	4,1	91,8	2,9	10,8	1,1	95,4	-16,1
3	103,6	-3,0	106,9	-5,0	82,3	-6,6	11,0	1,3	114,8	3,3
4	102,4	-4,2	108,4	-3,5	90,3	1,4	9,7	0,0	94,4	-17,1
5	114,2	7,6	108,9	-3,0	86,2	-2,7	9,0	-0,7	79,9	-31,6
6	109,2	2,6	116,4	4,5	94,1	5,2	9,9	0,2	127,9	16,4
7	106,9	0,3	106,0	-5,9	85,5	-3,4	10,7	1,0	102,1	-9,4
8	108,0	1,4	94,5	17,4	71,9	-17,0	9,6	-0,1	134,5	23,0
9	120,3	13,7	102,4	-9,5	82,7	-6,2	9,8	0,1	116,7	5,2
10	109,8	3,2	125,1	13,2	95,9	7,0	9,9	0,2	107,8	-3,7
11	93,0	-13,6	96,3	-15,6	79,2	-9,7	9,9	0,2	139,2	27,7
12	105,4	-1,2	114,3	2,4	92,4	3,5	9,1	-0,6	93,8	-17,7
13	100,5	-6,1	124,4	12,5	88,0	-0,9	10,0	0,3	80,8	-30,7
15	106,4	-0,2	114,7	2,8	90,5	1,6	9,0	-0,7	81,7	-29,8
16	100,9	-5,7	110,4	-1,5	94,2	5,3	9,2	-0,5	130,3	18,8
17	111,2	4,6	127,5	15,6	95,1	6,2	9,2	-0,5	133,6	22,1
18	105,0	-1,6	107,6	-4,3	93,8	4,9	9,1	-0,6	101,9	-9,6
20	113,1	6,5	126,3	14,4	99,9	11,0	9,0	-0,7	145,8	34,3
21	99,8	-6,8	102,0	-9,9	82,5	-6,4	9,8	0,1	98,7	-12,8
22	111,7	5,1	114,0	2,1	91,6	2,7	9,7	0,0	130,1	18,6
Média	106,6		111,9		88,9		9,7		111,5	

DF = diâmetro do fruto (mm), FF = firmeza do fruto (N), FP = firmeza da polpa (N), SST= teor de sólidos solúveis, em grau brix e PROD=produção (t/ha).

Para os híbridos obtidos com o testador do grupo 'Solo'- SS 72/12, segundo estimativas dos efeitos de CEC referentes às características NNSF e NFD, destacaram-se as combinações 4xT₂, 7xT₂, 21xT₂ e 22xT₂ para NNSF e destes, apenas os híbridos 21x T₂ e 22x T₂ também obtiveram estimativas de CEC negativas e elevadas para NFD (Tabela 16).

Considerando o NFC, as combinações híbridas que contribuíram para elevar esta característica foram 8xT₂, 12xT₂, 21xT₂ e 22xT₂; enquanto para a

variável PMF, os híbridos 5xT₂ e 17xT₂ obtiveram boas estimativas de CEC (Tabela 16). Estas duas características são de suma importância e devem ser levadas em consideração no processo de seleção, pois se refletirão nos híbridos mais produtivos. Ide et al. (2009), avaliando híbridos de mamão obtidos do testador SS-72/12, identificaram estimativas dos efeitos de CEC para NFC variando de -20,83 a 29,94, sendo os cruzamentos preferenciais para este caráter Mamão Roxo x SS-72/12 e Costa Rica x SS-712/12; enquanto para o caráter PMF, observou-se variação de -0,63 a 0,40, considerada de pequena magnitude.

No que se refere aos atributos relacionados à qualidade de fruto, as mesmas combinações híbridas em que foram observados valores positivos e elevados para FF também foram as superiores para a característica FP (10xT₂, 13xT₂, 16xT₂ e 22xT₂). Em relação ao SST, houve variação de -0,9 (16xT₂) a 1,4 (2xT₂) (Tabela 16). Marin et al. (2006a) encontraram uma variação para este caráter de -0,8 a 0,5 em híbridos de mamão obtidos de SS-72/12 ao avaliarem um conjunto de híbridos oriundos de um dialelo parcial.

Para a característica produção, os cruzamentos 12xT₂, 13xT₂, 17xT₂ e 20xT₂ apresentaram as melhores estimativas dos efeitos de CEC. Esses mesmos híbridos foram identificados como superiores na primeira época de avaliação, com exceção do cruzamento 13xT₂, que embora tenha apresentado valor positivo, outros híbridos obtiveram valores mais elevados. No caso do híbrido 13xT₂, além de boas CEC para produção, foram observados também elevados valores para FF e FP. Já para o híbrido 12xT₂, observou-se menor quantidade de frutos deformados e um dos maiores números de frutos por planta. O híbrido 17xT₂ destacou-se também no que se refere ao NFD, tendo apresentado estimativas negativas de CEC.

Tabela 16. Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC), utilizando o testador 'Solo' SS-72/12 para dez características referentes ao somatório de três épocas de avaliações na cultura do mamoeiro. Linhares, Espírito Santo, 2015.

Híbridos	Características									
	NNSF		NFD		NFC		PMF		CF	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
1	21,8	3,2	3,0	0,6	41,5	-30,7	495,8	-179,10	141,7	-9,2
2	16,2	-2,4	3,2	0,8	82,3	10,1	448,8	-226,1	128,9	-26,6
3	16,9	-1,7	2,4	0,0	80,0	7,8	448,1	-226,8	127,0	-28,5
4	12,5	-6,1	2,4	0,0	79,7	7,5	677,0	2,1	156,4	0,9
5	31,3	12,7	3,8	1,4	44,9	-27,3	834,1	159,2	161,2	5,7
6	14,5	-4,1	2,9	0,5	70,3	-1,9	600,3	-74,6	156,3	0,8
7	11,2	-7,4	2,3	-0,1	83,0	10,8	489,4	-185,5	127,8	-27,7
8	13,2	-5,4	3,6	1,2	87,1	14,9	492,6	-182,3	139,2	-16,3
9	26,4	7,8	2,0	-0,4	60,8	-11,4	681,7	6,8	150,2	-5,3
10	17,3	-1,3	3,8	1,4	62,3	-9,9	642,3	-32,6	156,0	0,5
11	24,8	6,2	3,4	1,0	62,1	-10,1	659,7	-15,2	148,1	-7,4
12	18,3	-0,3	0,9	-1,6	96,5	24,3	626,6	-48,3	152,4	-3,1
13	15,0	-3,6	1,8	-0,6	77,6	5,4	745,5	70,6	166,4	10,9
14/1	17,0	-1,6	3,0	0,6	63,2	-9,0	609,9	-65,0	141,0	-14,5
14/2	21,6	3,0	3,3	0,9	74,3	2,1	665,5	-9,4	162,8	7,3
16	14,9	-3,7	2,3	-0,1	65,2	-7,0	724,5	49,6	178,6	23,1
17	22,8	4,2	1,4	-1,0	63,6	-8,6	887,7	212,8	168,9	13,4
18	22,5	3,9	1,4	-1,0	67,4	-4,8	761,2	86,3	167,4	11,9
19	32,3	13,7	2,2	-0,2	63,5	-8,7	546,5	-128,4	139,4	-16,1
20	19,5	0,9	2,1	-0,3	71,4	-0,8	742,5	67,6	170,4	14,9
21	8,4	-10,2	1,4	-1,0	108,3	36,1	503,0	-171,9	136,4	-19,1
22	11,1	-7,5	1,3	-1,1	84,4	12,2	565,0	-109,9	143,5	-12,0
Média	18,6		2,4		72,2		674,9		150,9	

NNSF=número de nós sem frutos (un), NFD= número de frutos deformados (un), NFC= número de frutos comerciais (un), PMF= peso médio de fruto (g), CF= comprimento do fruto (mm).

Tabela 16. Cont.

Híbridos	Características									
	DF		FF		FP		SST		PROD	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
1	80,1	-9,2	86,0	-6,8	75,8	-2,1	9,2	-0,7	36,74	-46,7
2	82,8	-15,0	88,5	-6,2	73,0	-5,8	11,3	1,4	65,1	-18,4
3	85,2	-12,6	90,0	-4,7	79,2	0,4	10,3	0,4	63,4	-20,1
4	94,5	-3,3	84,2	-10,5	73,6	-5,2	9,8	-0,1	90,8	7,3
5	107,4	9,6	90,8	-3,9	74,4	-4,4	9,1	-0,8	72,6	-10,9
6	93,5	-4,3	91,0	-3,7	73,6	-5,2	10,2	0,3	78,4	-5,1
7	94,9	-2,9	86,2	-8,5	73,2	-5,6	10,3	0,4	71,5	-12,0
8	91,0	-6,8	86,4	-8,3	74,9	-3,9	10,3	0,4	74,3	-9,2
9	99,9	2,1	89,7	-5,0	72,3	-6,5	9,5	-0,4	72,7	-10,8
10	97,1	-0,7	104,3	9,6	84,6	5,8	9,9	0,0	74,2	-9,3
11	93,8	-4,0	94,2	-0,5	80,4	1,6	9,6	-0,3	67,6	-15,9
12	96,6	-1,2	94,5	-0,2	75,4	-3,4	9,2	-0,7	107,1	23,6
13	95,0	-2,8	99,9	5,2	85,0	6,2	9,5	-0,4	113,9	30,4
14/1	94,9	-2,9	95,3	0,6	82,9	4,1	10,9	1,0	68,7	-14,8
14/2	96,4	-1,4	91,6	-3,1	74,6	-4,2	10,3	0,4	84,3	0,8
16	94,8	-3,0	102,6	7,9	86,5	7,7	9,0	-0,9	87,8	4,3
17	146,5	48,7	94,6	-0,1	75,4	-3,4	9,4	-0,5	102,3	18,8
18	98,7	0,9	95,7	1,0	81,2	2,4	9,6	-0,3	93,1	9,6
19	90,7	-7,1	91,2	-3,5	79,2	0,4	10,3	0,4	63,4	-20,1
20	99,1	1,3	94,0	-0,7	76,0	-2,8	9,9	0,0	98,4	14,9
21	88,3	-9,5	89,7	-5,0	78,4	-0,4	10,7	0,8	93,2	9,7
22	92,9	-4,9	102,1	7,4	84,1	5,3	10,1	0,2	89,4	5,9
Média	96,1		92,8		77,9		9,9		83,5	

DF = diâmetro do fruto (mm), FF= firmeza do fruto (N), FP= firmeza da polpa (N), SST= teor de sólidos solúveis, em grau brix, PROD= produção (t/ha).

Assim como foi observado entre os híbridos T_1 , os híbridos T_2 , pertencentes à terceira geração de retrocruzamento (RC_3), apresentaram boas estimativas de CEC para as características NFD, CF, FF, FP e PROD. Se comparado com os híbridos pertencentes às gerações RC_1 e RC_2 , verificou-se que os RC_3 reuniram mais características com boas estimativas de CEC. Estes resultados corroboraram aqueles encontrados por Marin (2001), que destacou o genótipo 'Cariflora' por ter excelente capacidade específica de combinação com genótipos do grupo 'Solo' em várias características morfoagronômicas.

Analisando em conjunto as estimativas de capacidades específicas de combinação para todas as características avaliadas tanto nos híbridos T_1 quanto T_2 , Tabelas 16 e 17, percebe-se que não houve concordância simultânea quanto à superioridade genotípica entre os híbridos.

Vivas et al. (2012) utilizaram dialelo para estimar capacidade específica de combinação para identificar combinações híbridas que contribuam para reduzir a severidade do oídio em folhas de mamoeiro. Com base na média de duas avaliações, as melhores combinações quanto à severidade do oídio foram 'Maradol x Waimanalo', 'Maradol x Sunrise Solo 72/12', 'JS 12-4 x São Mateus', 'Sekati x Waimanalo', 'Sekati x Golden', 'Sekati x Sunrise Solo 72/12', 'Sekati x São Mateus', 'Waimanalo x São Mateus' e 'Golden x São Mateus'.

Vivas et al. (2013) avaliaram genótipos de mamoeiro quanto à resistência à mancha de Phoma na folha por meio de um dialelo completo, envolvendo oito genitores, quatro do grupo Formosa (Maradol, JS12-N, JS12-4 e Sekati) e quatro do grupo Solo (Waimanalo, Golden, Sunrise Solo 72-12 e São Mateus), e estimaram os efeitos de capacidade específica de combinação. Estes autores identificaram as melhores combinações que apresentaram valores negativos de CEC, sendo elas: Maradol x Golden, Maradol x Sunrise Solo 72/12, JS12-N x Golden, JS12-4 x Waimanalo, Sekati x Waimanalo, Waimanalo x Golden, Waimanalo x São Mateus, Golden x Sunrise Solo 72/12 e Golden x São Mateus.

Com relação às características morfoagronômicas relacionadas à qualidade de fruto e à produção, a literatura é bem escassa.

5.2.5 Heterose

A Tabela 17 mostra as estimativas de heterose tanto com base nas linhagens *per se* (heterose funcional) quanto com base na variedade padrão

(heterose varietal) e os valores médios dos híbridos obtidos do testador JS-12 (Grupo 'Formosa') para as características NFD, NFC, PMF, PROD e SST. Considerando a característica NFD, somente os híbridos $4xT_1$, $7xT_1$, $9xT_1$, $16xT_1$, $17xT_1$ e $18xT_1$ apresentaram estimativas de heterose varietal negativas (Tabela 17). Por outro lado, aproximadamente 70% dos híbridos T_1 obtiveram heterose funcional negativa, o que mostra sua superioridade em relação às linhagens *per se*.

Para a variável NFC, grande parte dos híbridos obteve estimativas de heterose varietal positiva, indicando a possibilidade de seleção de híbridos que sejam superiores à testemunha 'Tainung'. Por outro lado, em relação à heterose funcional, apenas as combinações híbridas $5xT_1$, $6xT_1$, $16xT_1$, $17xT_1$, $20xT_1$ e $22xT_1$ apresentaram estimativas positivas (Tabela 17). Nas estimativas de heterose varietal para a característica PMF, houve predominância de valores negativos. A ausência de heterose varietal para este caráter já era esperada pelo fato de o peso médio do fruto da cultivar padrão utilizada se situar em torno de 1300g (Tabela 17). Para heterose funcional, apenas os híbridos $13xT_1$ e $16xT_1$ obtiveram estimativas negativas.

As estimativas de heterose varietal mostram que apenas os híbridos $11xT_1$ e $20xT_1$ superam o desempenho agrônômico da testemunha utilizada como cultivar padrão no que se refere ao caráter produção. Entretanto, quando se observa a heterose funcional, os híbridos $3xT_1$, $8xT_1$, $10xT_1$ e $22xT_1$ lograram êxito por apresentarem estimativas superiores a 100%.

Considerando as estimativas de heterose varietal para a característica SST, todos os híbridos obtiveram heterose positiva. Dessa forma, há possibilidade de identificar híbridos que sejam superiores à testemunha. Quanto à heterose funcional, as combinações híbridas $5xT_1$, $16xT_1$ e $17xT_1$ apresentaram valores positivos e elevados para este caráter (Tabela 17). Resultado semelhante foi observado ao analisar a primeira época de avaliação.

Tabela 17. Valores referentes à heterose de híbridos de mamoeiro, utilizando o testador 'Formosa'- JS-12 para quatro características de importância econômica do mamão. Linhares, Espírito Santo, 2015.

Híbridos	Características														
	Média	NFD		Média	NFC		Média	PMF		Média	PROD		Média	SST	
		HV	HF		HV	HF		HV	HF		HV	HF		HV	HF
1	1,7	18,99	-42,50	64,6	17,25	-27,54	1044,18	-24,91	164,44	119,58	-11,77	95,00	10,3	19,70	-7,85
2	1,7	21,57	-24,66	59,7	8,35	-29,69	925,17	-33,47	128,81	95,38	-29,62	64,05	10,8	26,01	-3,63
3	1,9	38,75	7,35	67,9	23,30	-22,76	958,16	-31,10	178,86	114,80	-15,30	107,69	11,0	28,31	-7,65
4	1,2	-13,29	-37,62	56,7	2,82	-23,25	933,83	-32,85	69,67	94,41	-30,34	29,45	9,7	12,54	2,32
5	2,9	105,08	-33,26	34,1	-38,04	53,99	1345,64	-3,23	31,96	79,86	-41,08	87,77	9,0	4,96	16,59
6	1,9	35,13	-19,15	58,7	6,60	12,34	1251,78	-9,98	68,29	127,86	-5,66	76,39	9,9	15,27	-6,12
7	1,3	-6,62	-54,21	56,2	1,94	-33,13	998,08	-28,23	101,61	102,13	-24,64	30,44	10,7	24,34	-1,38
8	2,6	86,52	-54,12	67,0	21,54	-3,57	1115,68	-19,77	127,91	134,54	-0,73	130,65	9,6	11,28	-6,37
9	0,9	-33,60	-9,89	45,9	-16,78	-43,44	1405,83	1,10	162,10	116,74	-13,86	48,46	9,8	13,74	6,18
10	2,9	104,20	-7,41	42,0	-23,83	-4,18	1468,76	5,62	122,85	107,78	-20,48	114,53	9,9	15,20	-1,26
11	1,8	31,58	-	93,6	69,88	-	770,58	-44,59	-	139,19	2,70	-	9,9	14,90	-
12	1,6	13,10	93,56	46,5	-15,57	-21,59	1073,94	-22,77	21,07	93,84	-30,76	-7,71	9,1	5,28	4,52
13	2,0	40,48	84,97	35,0	-36,50	-51,67	1079,07	-22,40	-0,41	80,83	-40,36	-38,12	10,0	16,41	9,23
15	1,7	20,97	-14,56	38,8	-29,61	-57,38	1098,17	-21,03	104,19	81,74	-39,69	-14,28	9,0	5,19	3,58
16	0,8	-45,86	-40,70	65,5	18,92	16,83	1104,34	-20,58	-11,61	130,30	-3,86	5,61	9,2	6,77	11,17
17	0,8	-43,58	-20,93	50,0	-9,30	32,18	1489,86	7,14	14,36	133,65	-1,39	55,18	9,2	7,08	10,22
18	1,1	-24,64	32,14	48,3	-12,38	-8,37	1167,44	-16,05	17,41	101,86	-24,85	-1,77	9,1	5,37	-1,94
20	1,6	11,88	2,33	46,1	-16,30	19,69	1690,65	21,58	17,32	145,77	7,55	37,55	9,0	4,50	4,82
21	2,8	101,77	-17,13	56,3	2,23	-1,64	950,77	-31,63	49,93	98,71	-27,17	50,67	9,8	13,94	1,85
22	2,6	84,19	-29,09	55,7	1,10	53,80	1232,90	-11,34	99,83	130,07	-4,03	202,38	9,7	12,98	6,10

HV: heterose em relação às testemunhas; HF: heterose em relação a linhagem *per se*. NFD= número de frutos deformados (un), NFC= número de frutos comerciais (un), PMF= peso médio de fruto (g), PROD= produção (t/ha), SST= teor de sólidos solúveis, em grau brix.

A Tabela 18 traz a estimativa de heterose varietal negativa para NFD apenas no híbrido 12xT₂(-21,45). Por outro lado, para heterose funcional, destacaram-se os híbridos 5xT₂(-11,42%), 7xT₁(-21,10%), 8xT₁(-37,53%), 19xT₁(-24,25%), 21xT₁(-60,04%) e 22xT₁(-63,97%) por apresentarem estimativas elevadas e negativas. Em relação à característica NFC, houve variação de -50,92% (1xT₂) a 27,24% (21xT₂) no que se refere às estimativas de heterose varietal, e os híbridos 8xT₂, 12xT₂ e 21xT₂ foram os que apresentaram valores positivos. Quanto à heterose funcional, aproximadamente 65% dos híbridos obtiveram estimativas positivas. É importante destacar o bom desempenho do híbrido 19xT₁ nas estimativas de heterose funcional tanto para NFD como NFC.

Considerando as características PMF e PROD, as combinações híbridas que lograram êxito, segundo estimativas de heterose varietal, foram 13xT₂, 17xT₂ e 20xT₂, em ambas os caracteres. Para heterose funcional, não houve coincidência nos híbridos que apresentaram os valores mais elevados. Dessa forma, destacaram-se para PMF os híbridos 1xT₂, 3xT₂, 4xT₂ e 9xT₂; enquanto para PROD, destacaram-se os híbridos 5xT₂, 10xT₂, 21xT₂ e 22xT₂ (Tabela 18). Contudo, estes híbridos que se destacaram por apresentarem altas estimativas de heterose funcional para produção não foram os mais produtivos (Tabela 13). Diante disso, em se tratando de inferências da heterose, quando as estimativas são feitas com base nas médias da linhagem *per se*, os resultados devem ser analisados com cautela para evitar que linhagens de valor genético inferior e que expressem heterose em seus *topcrosses* sejam selecionadas.

Quanto ao SST, as estimativas de heterose varietal variaram de -7,91% (16xT₂) a 15,73% (2xT₂); enquanto as estimativas heterose funcional oscilaram de -17,33% (1xT₂) a 18,03% (5xT₂). As maiores estimativas de heterose varietal foram observadas nos híbridos 2xT₂, 14/1xT₂ e 21xT₂, com os valores 15,73; 10,75 e 9,12%, respectivamente. E os híbridos 5xT₂, 17xT₂, 20xT₂, e 21xT₂ apresentaram os valores mais elevados de heterose funcional, 18,03; 12,82; 15,12 e 11,15%, respectivamente. Esta característica apresenta estimativas positivas na maioria dos híbridos tanto para heterose varietal como para heterose funcional, indicando a possibilidade de incremento neste caráter via exploração do vigor híbrido.

Tabela 18. Valores referentes à heterose de híbridos de mamoeiro, utilizando o testador 'Solo' SS-72/12 para quatro características de importância econômica do mamão. Linhares, Espírito Santo, 2015.

Híbridos	Características														
	Média	NFD		Média	NFC		Média	PMF		Média	PROD		Média	SST	
		HV	HF		HV	HF		HV	HF		HV	HF		HV	HF
1	3,0	148,98	3,12	41,5	-50,92	-53,50	495,80	40,91	25,56	36,74	-33,15	-40,09	9,2	-5,76	-17,33
2	3,2	163,73	40,11	82,3	-3,18	-3,09	448,81	27,56	11,00	65,09	18,44	11,95	11,3	15,73	0,86
3	2,4	103,94	35,25	80,0	-5,83	-9,03	448,14	27,37	30,42	63,36	15,28	14,63	10,3	4,62	-14,19
4	2,4	96,0	20,86	79,7	-6,17	8,00	677,03	92,42	23,01	90,85	65,29	24,55	9,8	-0,05	3,55
5	3,8	217,57	-11,42	44,9	-46,86	102,66	834,10	137,06	-18,20	72,61	32,11	70,73	9,1	-6,76	18,03
6	2,9	142,40	24,31	70,3	-17,16	34,50	600,34	70,62	-19,29	78,45	42,73	8,22	10,2	3,74	-3,72
7	2,3	87,70	-21,10	83,0	-2,39	-1,24	489,41	39,10	-1,14	71,48	30,05	-8,71	10,3	4,67	-5,40
8	3,6	196,25	-37,53	87,1	2,41	25,36	492,57	39,99	0,62	74,28	35,15	27,34	10,3	5,49	1,15
9	2,0	65,32	92,31	60,8	-28,30	-25,01	681,75	93,76	27,10	72,74	32,34	-7,50	9,5	-3,24	2,94
10	3,8	220,13	24,43	62,3	-26,49	42,36	642,31	82,55	-2,54	74,25	35,09	47,79	9,9	0,74	-1,61
11	3,4	182,06	-	62,1	-26,75	-	659,65	87,48	-	67,58	22,97	-	9,6	-1,97	-
12	0,9	-21,45	15,23	96,5	13,47	62,68	626,62	78,09	-29,36	107,14	94,94	5,37	9,2	-6,42	5,86
13	1,8	46,16	60,40	77,6	-8,66	7,19	745,46	111,87	-31,20	113,87	107,19	-12,82	9,5	-3,09	3,63
14/1	3,0	146,19	20,55	63,2	-25,53	12,29	609,87	73,33	-14,69	68,68	24,96	-4,21	10,9	10,75	7,27
14/2	3,3	171,39	32,89	74,3	-12,57	31,98	665,51	89,14	-6,91	84,32	53,43	17,61	10,3	4,76	1,47
16	2,3	90,42	78,79	65,2	-23,17	16,24	724,47	105,90	-42,02	87,79	59,74	-28,85	9,0	-7,91	9,26
17	1,4	18,18	41,96	63,6	-25,02	68,24	887,71	152,30	-31,86	102,32	86,17	18,80	9,4	-3,81	12,82
18	1,4	19,80	80,05	67,4	-20,64	27,83	761,17	116,33	-23,45	93,07	69,34	-10,24	9,6	-2,17	3,75
19	2,2	86,30	-24,25	63,5	-25,14	34,03	546,46	55,31	-29,25	63,36	15,29	0,21	10,3	5,35	8,82
20	2,1	76,87	44,79	71,4	-15,86	85,42	742,50	111,03	-48,48	98,43	79,09	-7,12	9,9	0,71	15,12
21	1,4	13,51	-60,04	108,3	27,24	89,10	502,98	42,95	-20,68	93,17	69,53	42,22	10,7	9,12	11,15
22	1,3	9,20	-63,97	84,4	-0,68	133,07	565,05	60,59	-8,41	89,37	62,62	107,77	10,1	2,79	9,99

HV: heterose em relação às testemunhas; HF: heterose em relação a linhagem *per se*. NFD= número de frutos deformados (un), NFC= número de frutos comerciais (un), PMF= peso médio de fruto (g), PROD= produção (t/ha), SST= teor de sólidos solúveis, em grau °brix.

5.3 Identificação de Linhagens e/ou Híbridos quanto à Precocidade

Os híbridos T_1 e T_2 destacaram-se em relação às linhagens, com uma média percentual da produção de 39,00 e 36,49%, respectivamente, apenas na primeira época de avaliação, considerando que a produção total das três épocas de avaliações foi de 111,45t/ha (híbridos T_1) e 80,14t/ha (híbridos T_2); enquanto as linhagens apresentaram média percentual de 28,08% da produção total de 77,07t/ha. Isso significa que os híbridos produziram quase 10% a mais do que as linhagens *per se* na primeira época de avaliação. Contudo, observou-se que as linhagens 4, 5, 7, 8, 12, 16, 19 e 21 apresentaram percentuais superiores a 30% (Tabela 19).

Cerca de 50% dos híbridos T_1 , obtidos do testador 'JS-12'- grupo 'Formosa' e híbridos T_2 , oriundos do testador 'SS-72/12'-grupo 'Solo', exibiram percentuais superiores às suas médias gerais, com destaque para os híbridos 21 x T_1 e 04 x T_2 , que obtiveram percentuais de 53,85% e 44,45%, respectivamente (Tabela 19).

Com base nestes resultados, pode-se inferir que os dois grupos de híbridos foram mais precoces do que as linhagens. Dessa forma, é possível identificar híbridos de mamoeiro que, além de apresentarem bons atributos agrônômicos e qualidade de fruto, também sejam precoces, o que reduzirá os custos de produção, uma vez que menor quantidade de uso de insumos agrícolas será utilizada, trazendo aos produtores melhores lucros.

Tabela 19. Médias da produção em t/ha para primeira época de avaliação e somatório de três épocas com suas respectivas % da produção referente à primeira avaliação para as linhagens, híbridos T₁ obtidos do testador 1 (Grupo 'Formosa') e híbridos T₂ obtidos do testador 2 (Grupo 'Solo'). Linhares, Espírito Santo, 2015.

Linhagens	1ª época	Somatório*	PROD (%)	Híbridos T ₁	1ª época	Somatório*	PROD (%)	Híbridos T ₂	1ª época	Somatório*	PROD (%)
1	18,20	61,32	29,68	1	41,58	119,58	34,77	1	10,80	36,74	29,39
2	12,34	58,14	21,23	2	30,30	95,38	31,77	2	22,46	65,09	34,51
3	13,28	55,28	24,03	3	40,14	114,80	34,97	3	19,86	63,36	31,34
4	22,58	72,94	30,95	4	40,54	94,41	42,94	4	42,20	90,85	46,45
5	14,69	42,53	34,55	5	36,05	79,86	45,14	5	25,39	72,61	34,97
6	13,74	72,49	18,95	6	51,75	127,86	40,47	6	30,23	78,45	38,53
7	29,23	78,30	37,33	7	34,30	102,13	33,58	7	21,12	71,48	29,55
8	19,24	58,33	32,99	8	57,20	134,54	42,52	8	26,56	74,28	35,76
9	18,41	78,63	23,41	9	53,17	116,74	45,55	9	30,60	72,74	42,07
10	13,06	50,24	26,00	10	48,38	107,78	44,88	10	30,51	74,25	41,09
11	12,07	-	-	11	38,07	139,19	27,35	11	30,11	67,58	44,55
12	30,67	101,68	30,16	12	37,12	93,84	39,56	12	37,38	107,14	34,89
13	34,85	130,62	26,68	13	29,80	80,83	36,87	13	32,24	113,87	28,31
14	19,78	71,70	27,59	15	27,82	81,74	34,03	14/1	20,06	68,68	29,21
15	20,38	95,36	21,38	16	42,91	130,30	32,93	14/2	33,08	84,32	39,23
16	41,64	123,39	33,75	17	58,13	133,65	43,49	16	30,41	87,79	34,64
17	25,47	86,12	29,57	18	42,36	101,86	41,59	17	42,95	102,32	41,98
18	25,46	103,69	24,55	20	42,98	145,77	29,48	18	36,25	93,07	38,95
19	19,33	63,23	30,57	21	51,36	98,71	52,03	19	23,32	63,36	36,81
20	30,72	105,98	28,99	22	59,84	130,07	46,01	20	45,68	98,43	46,21
21	25,18	65,51	38,43					21	27,33	93,17	29,33
22	8,11	43,01	18,85					22	31,05	89,37	34,74
Média	21,29	77,07	28,08		43,19	111,45	39,00		29,52	80,40	36,49

* A coluna somatório refere-se aos dados de produção referente às três épocas de avaliações.

5.3 Variáveis moleculares

Um total de 29 primers microssatélites foram utilizados para diferenciar as linhagens de mamoeiro a nível molecular e estimar sua distância genética em relação aos testadores ('JS-12'- grupo Formosa' e 'SS-72/12'- grupo 'Solo). Destes 29 primers, 12 foram desenvolvidos por Eustice et al. (2008), cuja localização genômica foi determinada por mapeamento genético feito por Chen et al. (2007). Além destes, 10 são primers gênicos desenvolvidos por Vidal et al. (2014) e o restante corresponde a primers genômicos descritos por Na et al. (2012) (Tabela 20).

Os primers geraram um total de 62 alelos, variando de 2 a 3 alelos por loco, com uma média de 2,1 alelos/loco (Tabela 20). Este baixo número de alelo/loco é devido às linhagens serem obtidas de um cruzamento biparental. Ramos et al. (2011b) e Pinto et al. (2013b) encontraram em média 2,4 e 2,0 alelos/loco, respectivamente, ao avaliaram população segregante de mamoeiro. O número de alelos efetivos observado variou de 1,17 (Locus Spctg177_492a) a 2,72 (LocusBorderB_1138a), apresentando uma média geral de 1,87.

O conteúdo de informação polimórfica (PIC) utilizado para quantificar o polimorfismo genético de cada loco foi descrito por Botstein et al. (1980) como um indicador da qualidade do marcador em estudos genéticos. Para estes autores, marcadores com PIC superiores a 0,5 são considerados muito informativos; com valores entre 0,25 e 0,50, mediamente informativos; e com valores inferiores a 0,25, pouco informativos. As maiores estimativas de PIC foram encontradas pelos seguintes locos Border B_1138a (0,529), P3K7484C0 (0,546), CPM766CC (0,541) e P6K268CC (0,529), com uma média geral de 0,358. Tais valores mostram que estes locos têm maior poder discriminatório entre os outros locos analisados em razão do maior número de alelos encontrados para aquela determinada região genômica. Estes moderados valores de PIC observados se devem principalmente ao número de alelos amplificados por loco. Dessa forma, pode-se afirmar que as estimativas de PIC levam em consideração tanto os locos analisados como a estrutura da população avaliada. Valores de PIC entre 0,14 a 0,24 foram encontrados por Oliveira et al. (2011) ao fazerem caracterização molecular em genótipos de mamoeiro por meio de marcadores AFLP.

Tabela 20. Número de alelos encontrados (A), número de alelos efetivos (Ne) e conteúdo de informação polimórfica (PIC) para cada microssatélite.

Primers	Nº de alelos (A)	Nº de alelos efetivos (Ne)	PIC
Spctg177_445a	2	1,65	0,335
Spctg177_492a	2	1,95	0,368
Spctg177_492a	2	1,17	0,183
BorderB_1565a	2	1,74	0,335
BorderB_1801a	2	1,35	0,226
BorderB_242a	2	1,55	0,292
BorderB_1138a	3	2,72	0,554
Cpa_SRR_006491	2	1,93	0,366
Cpa_SRR_003756	2	1,93	0,366
Cpa_SRR_008530	2	2,00	0,375
Cpa_SRR_015338	2	1,81	0,341
Cpa_SRR_017777	2	1,65	0,316
Cpa_SRR_003431	2	1,86	0,356
Cpa_SRR_017246	2	1,95	0,369
Cpa_SRR_007112	2	1,99	0,374
Cpa_SRR_014150	2	1,26	0,183
Cpa_SRR_014627	2	1,74	0,335
P8K39CC	2	1,93	0,369
P3K6912CC	2	1,99	0,374
P3K1850CC	2	2,00	0,375
CPM1621CC	2	1,95	0,369
P3K7484C0	3	2,60	0,546
P3K1200CC	2	1,93	0,366
Ctg-14CC	2	1,70	0,326
P6K128CC	2	1,60	0,305
CPM766CC	3	2,57	0,541
P6K268CC	3	2,58	0,529
P3K3510C0	2	1,93	0,361
P3K3968A5	2	1,40	0,245
Total	62	-	-
Média	2,138	1,877	0,358

E valores entre 0,19 a 0,64 foram encontrados por Ramos et al. (2014b) em uma caracterização genético-molecular de população de mamoeiro, utilizando marcadores SSR.

Para a análise da distância genética entre os genótipos, as estimativas de heterozigose mostraram que os valores esperados, em geral, foram maiores do que os observados (Tabela 21). Estas diferenças se devem ao fato de as linhagens avaliadas não estarem em equilíbrio de Hardy-Weinberg, além de se encontrarem em elevado nível de endogamia. As estimativas de heterozigose

observadas variaram de 0,03 a 0,24 no RC₁ (retrocruzamento 1, 6° geração de autofecundação); o RC₂ (retrocruzamento 2, 5° geração de autofecundação), representado apenas por um indivíduo, apresentou estimativa de 0,10; o RC₃ (retrocruzamento 3, 4° geração de autofecundação) variou de 0,07 a 0,34; e os bulks de RC₃ (retrocruzamento 3, 3° geração de autofecundação) variaram de 0,14 a 0,31. Em todas as gerações os valores de heterozigose foram considerados baixos. Estes resultados já eram esperados visto o elevado nível de homozigose dos indivíduos, uma vez que todos estão em gerações bastante avançadas de autofecundação. Em mamão, baixos valores observados de heterozigose também foram verificados por Oliveira et al. (2010), que, utilizando vinte locos microssatélites, encontraram estimativas entre 0 e 0,35 em 83 linhagens de mamoeiro. Pinto et al. (2013b), avaliando progênies segregantes de mamoeiro oriundas de retrocruzamento, RC₁, para monitorar a transferência da característica 'Golden' por meio de marcadores microssatélites, observaram estimativas de heterozigose variando de 0,05 a 0,60.

O Índice de Shannon-Wiener foi desenvolvido no período de 1948-1949 por Claude Elwood Shannon é um dos índices mais comumente utilizados para estimar a diversidade quando se deseja avaliar a biodiversidade de uma área, isto é, a riqueza das espécies. Em estudos genéticos, ele tem sido empregado como medida de diversidade genotípica e fenotípica dentro de populações. De acordo com este índice, quanto mais próximo os valores estimados estiverem da unidade, maior será a diversidade. Os valores médios do Índice de Shannon, considerando cada retrocruzamento separadamente, RC₁, RC₂ e RC₃, foram 0,53; 0,50 e 0,51, respectivamente (Tabela 21). Estas estimativas revelam moderada variabilidade entre as linhagens avaliadas, provavelmente por serem aparentadas.

Tabela 21. Heterozigosidade observada (HO), Heterozigosidade esperada (HE), Índice de Shannon e Coeficiente de endogamia (F) para os 26 genótipos de mamão utilizados na pesquisa. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, RJ.

Genótipos	Heterozigose observada (H0)	Heterozigose esperada (HE)	Índice de Shannon (I)	Coef, de Endogamia (F)
1-RC ₁	0,03	0,53	0,52	0,94
2-RC ₁	0,04	0,56	0,55	0,94
3-RC ₁	0,03	0,55	0,54	0,94
4-RC ₁	0,04	0,48	0,47	0,93
5-RC ₁	0,10	0,54	0,53	0,81
6-RC ₁	0,10	0,60	0,59	0,83
7-RC ₁	0,04	0,57	0,56	0,94
8-RC ₁	0,24	0,53	0,52	0,55
9-RC ₁	0,11	0,53	0,52	0,80
10-Segr	0,03	0,55	0,54	0,94
11-RC ₂	0,10	0,51	0,50	0,80
12-RC ₃	0,34	0,56	0,55	0,39
13-RC ₃	0,18	0,50	0,49	0,65
14-RC ₃	0,29	0,50	0,49	0,44
15-RC ₃	0,07	0,54	0,53	0,87
16-RC ₃	0,07	0,52	0,51	0,86
17-RC ₃	0,07	0,53	0,52	0,87
18-RC ₃	0,14	0,51	0,50	0,72
19-RC ₃ -B ₁	0,31	0,52	0,51	0,41
20-RC ₃ -B ₁	0,24	0,50	0,49	0,52
21-RC ₃ -B ₂	0,18	0,51	0,50	0,66
22-RC ₃ -B ₂	0,14	0,52	0,52	0,74
P ₁ (Cariflora)	0,21	0,41	0,40	0,49
P ₂ (SS-72/12)	0,10	0,38	0,37	0,83
JS-12	0,03	0,57	0,56	0,94
SS-72-12	0,14	0,51	0,50	0,93
Média	0,13	0,52	0,51	0,75

O coeficiente de endogamia mede o balanço entre homozigotos e heterozigotos em uma população. Este parâmetro é indispensável em programa de melhoramento que visa à obtenção de linhagens (Falconer, 1987). As estimativas de coeficiente de endogamia (F) foram de 0,41 para o Cariflora (genitor recorrente) e de 0,83 para o 'SS-783' (genitor doador). Com relação aos testadores, foram observados valores de 0,94 (JS-12) e de 0,93 (SS-72/12). Estes resultados já eram esperados pela natureza genética destes genótipos, pois o Cariflora é um genótipo dioico, portanto, heterozigoto, e os demais são linhagens.

A análise do coeficiente de endogamia entre as linhagens dos diferentes retrocruzamentos mostrou valores variando entre 0,55 e 0,94 em RC_1F_6 ; de 0,80 no RC_2F_5 , representado por apenas um indivíduo; de 0,39 a 0,86 em RC_3F_4 ; e para bulks de RC_3F_3 , de 0,49 a 0,52, com valor médio de 0,85; 0,80; 0,68 e 0,58, respectivamente (Tabela 21). Embora estes resultados estejam um pouco abaixo dos reportados na literatura para estas gerações, eles são aceitáveis, uma vez que as linhagens 'SS-783', 'JS-12', 'JS-12', que já estão com todos os seus locos em homozigose, apresentaram variação nas estimativas de endogamias de 0,83 a 0,94.

Oliveira et al. (2010b) identificaram 11 linhagens com valores de endogamia igual a 1 e 18 linhagens que apresentaram variação entre 0,95 e 0,96. Em contrapartida, Pinto et al. (2013b) encontraram estimativas de coeficiente de endogamia abaixo do esperado ao analisar progênies RC_1 de mamoeiro. Ramos et al. (2014b) também observaram valores médios de endogamia abaixo do esperado para a geração em estudo, mostrando que um alto nível de heteroziguidade foi mantido com base nos locos microssatélites utilizados.

De acordo com a estrutura da população, se de retrocruzamento ou de linhagens, há uma tendência ao decréscimo do PIC, índice de Shannon e heteroziguidade observada ao longo da gerações, levando a uma perda progressiva da variabilidade (Cruz et al., 2011).

A análise de agrupamento entre os indivíduos das diferentes gerações de retrocruzamentos, juntamente com seus genitores e os testadores, obtida utilizando o método hierárquico vizinho mais próximo (Neighbor-joining), proporcionou a formação de 2 grupos principais, com distância média de 0,23 e correlação cofenética de 0,76 (Figura 1).

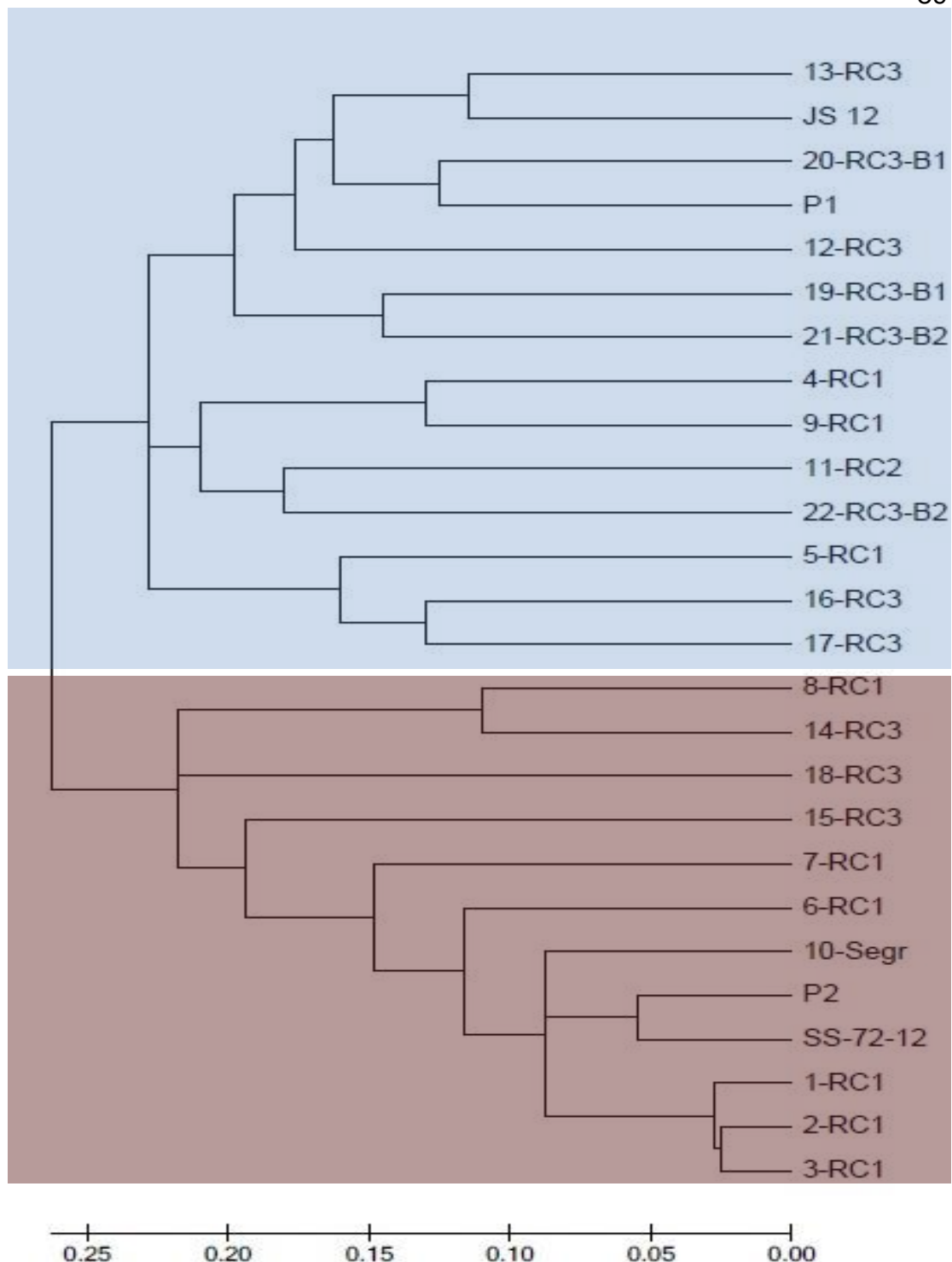


Figura 1. Dendrograma de dissimilaridade genética com base em marcadores microssatélites obtidos pelo método do Vizinho Mais Próximo, utilizando o índice ponderado para a análise de 22 linhagens de mamoeiro de diferentes gerações de retrocruzamentos (RC₁, RC₂ e RC₃), os genitores ('Cariflora' e 'SS-783') e os testadores ('JS-12' e 'SS-72/12') com coeficiente de correlação cofenética de 0,76. P₁-genitor recorrente (Cariflora) e P₂-genitor doador ('SS-783').

O grupo I foi formado por um maior número de indivíduos, parental recorrente (Cariflora, P₁), o testador 'JS-12' (Grupo 'Formosa'), por indivíduos RC₃, RC₂ e RC₁. Este resultado já era esperado, pois nas primeiras gerações de retrocruzamento (RC₁, RC₂ e RC₃) são recuperados, em média, 75%, 86% e 93,7% do parental recorrente, respectivamente. Dessa forma, quanto maior o número de retrocruzamentos maior será sua semelhança com o parental recorrente. A proximidade do genitor recorrente com o testador 'JS-12' também foi observada por Cardoso et al. (2009) ao estimarem a diversidade genética do mamão com base em características relacionadas à qualidade fisiológica das sementes.

Por outro lado, o grupo II foi composto pelo parental doador (SS-783, P₂), o testador 'SS-72/12' (Grupo 'Solo'), pelos indivíduos RC₁ e três indivíduos RC₃. A semelhança entre parental doador e 'SS-72/12' ocorre por pertencerem ao mesmo grupo heterótico e, com isso, compartilharem os mesmos alelos. O aparecimento de indivíduos RC₁ e RC₃ neste grupo está relacionado com a seleção fenotípica, pois, além da seleção para o hermafroditismo, ela foi feita também para outros atributos fenotípicos que, provavelmente, privilegiaram uma maior participação do genoma do parental doador, por ser uma variedade elite do grupo 'Solo', ao contrário do parental recorrente, que é um genótipo não cultivado (Silva et al., 2007b). Dessa forma, a recuperação do genoma recorrente em ciclos de retrocruzamento, em alguns indivíduos, tendeu a se desviar a favor do parental doador.

A técnica de dispersão gráfica via PCA (Principal Coordinate Analysis) também foi utilizada para comparar as distâncias genéticas dos genótipos avaliados (Figura 2). Juntas, as duas coordenadas explicaram 63,73% da variação genética total dos dados, sendo 47,20% dessa variação explicada pela coordenada 1 e 16,53% explicada pela coordenada 2. Tais valores apontam para uma boa confiabilidade da dispersão apresentada.

Os resultados apresentados pelo gráfico de dispersão corroboram os dados mostrados pelo dendrograma. Observou-se claramente a distância genética entre os dois parentais (Cariflora e 'SS-783'). Os indivíduos RC₃ apresentaram-se dispersos mais próximos do genitor recorrente (Cariflora). Embora ambos os métodos (dendrograma e coordenadas principais) tenham a mesma finalidade, Pinto et al. (2001) recomendam a utilização das duas

metodologias para obtenção de resultados mais precisos, visto que o uso de apenas um deles pode gerar dúvida na alocação dos indivíduos.

Pinto et al. (2013b) utilizaram a análise de coordenada principal e observaram separação nítida entre os genitores ('JS-12' e 'Golden'). As progênes RC₁ oriundas desses genitores ficaram próximas ao genitor recorrente ('JS-12') visto estarem com aproximadamente 75% de proporção do seu genoma.

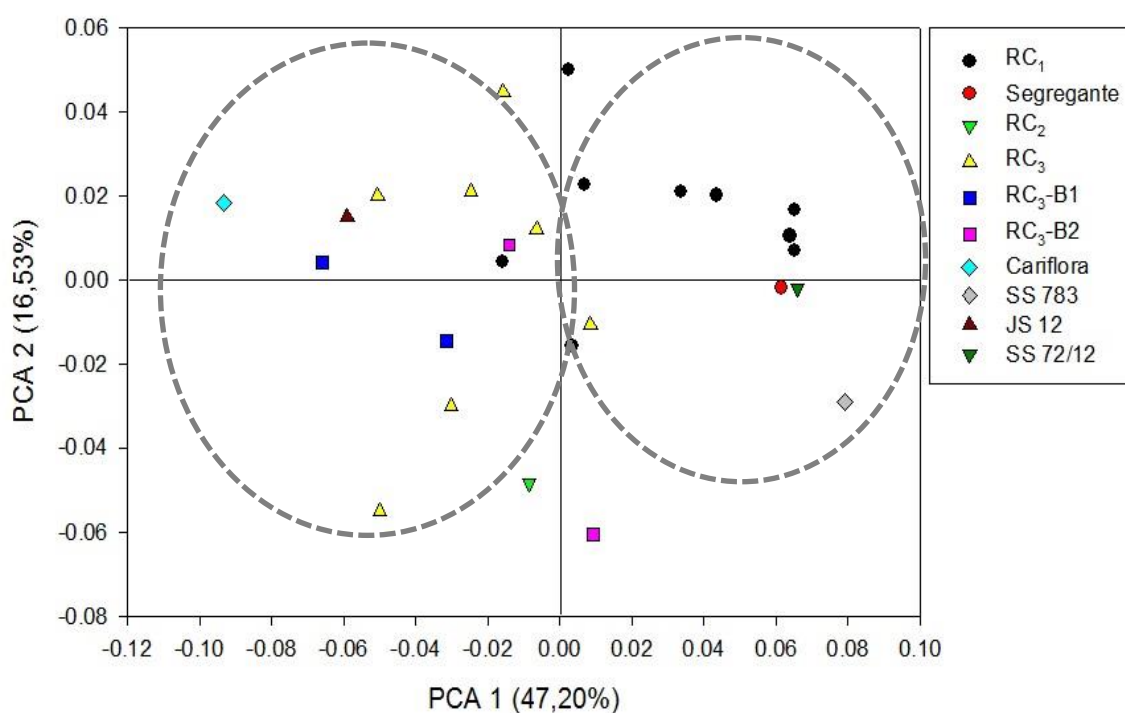


Figura 2. Análise de coordenadas principais com base na matriz de distância genética obtida por meio de marcadores microssatélites para 22 linhagens de mamoeiro de retrocruzamentos, os genitores (Cariflora e SS-783) e os testadores (JS-12 e SS-72/12).

5.4 Correlações da distância genética molecular com caracteres agronômicos, heterose e capacidade específica de combinação.

As Tabelas 22 e 23 apresentam os coeficientes de correlações de Pearson entre a distância genética obtida via marcador microssatélite e caracteres agrônomico, heterose e capacidade específica de combinação para os híbridos oriundos do testador 'JS-12' e 'SS-72/12'.

Considerando os híbridos obtidos de 'JS-12', houve correlação genética significativa entre distância genética e os caracteres agrônômicos NNSF, NFC, CF, EP e SST. Entretanto, o enfoque principal será dado para as características NNSF e SST, que apresentaram coeficiente de correlação altamente significativo. Para NNSF, houve correlação negativa, indicando que quanto maior a distância genética menor será a esterilidade em plantas de mamoeiro. Por outro lado, a característica SST apresentou coeficiente de correlação positivo, com isso, genitores geneticamente distantes produzem frutos mais adocicados. Para característica produção, objetivo principal dos programas de melhoramento de mamão, não foi observada correlação (Tabela 22). Segundo Bernardo (1992), a ausência de correlação pode ser explicada pela baixa herdabilidade da característica, pelo fato de as frequências alélicas das linhagens genitoras não estarem negativamente correlacionadas, pela ausência de dominância, e pelo fato de os marcadores não estarem associadas com QTL relacionados ao caráter.

Em relação à heterose, a distância genética mostrou-se correlacionada com NFD, PMF, CF, DF, EP, SST e PROD, sendo que para NFD e SST, houve correlação significativa e negativa. Isso significa que com aumento da distância genética há uma redução na heterose. Para as demais características, todas relacionadas com o tamanho do fruto, há correlação positiva (Tabela 22), porque os híbridos oriundos de JS-12 ('Grupo Formosa') apresentaram média geral superior às linhagens *per se* para estas variáveis. Além disso, observou-se maior correlação das distâncias genéticas com a heterose nos primers gênicos do que nos genômicos, indicando que estes primers podem estar relacionados com tais características.

Para capacidade específica de combinação, houve correlação significativa e positiva para NFC e SST, enquanto foi observada correlação significativa e negativa para NNSF e EP (Tabela 22). É importante mencionar que os híbridos obtiveram estimativas semelhantes de coeficiente de correlação nas características agrônômica e capacidade específica de combinação. Contudo, eles se diferenciaram na heterose, uma vez que ela depende da ação gênica da característica.

Tabela 22. Estimativas de coeficiente de correlação simples entre caracteres agrônômicos, heterose em relação às linhagens *per se* e capacidade específica de combinação com distância genética via SSR, utilizando um testador do grupo Formosa –‘JS-12’. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro.

Características	Dist. Genética (SSR)	Característica	Heterose	CEC
NNSF	DGT ⁽¹⁾	-0,5479*	0,0901	-0,5470*
	DGGE	-0,5660**	0,0168	-0,5657**
	DGGN	-0,3618	0,0168	-0,3613
NFD	DGT	0,0344	-0,6227**	0,0420
	DGGE	-0,1543	-0,6578**	0,1471
	DGGN	0,2909	-0,3917	0,2968
NFC	DGT	0,4364	-0,1464	0,4361
	DGGE	0,4885*	-0,0166	0,4881*
	DGGN	0,2352	-0,2884	0,2350
PMF	DGT	-0,3196	0,7957**	-0,3196
	DGGE	-0,2618	0,5920**	-0,2618
	DGGN	-0,3098	0,8513**	-0,3098
CF	DGT	-0,3530	0,6460**	-0,3196
	DGGE	-0,1715	0,5937**	-0,2618
	DGGN	-0,5076*	0,5320*	-0,3098
DF	DGT	0,0614	0,7780**	0,0614
	DGGE	0,0183	0,5680**	0,0183
	DGGN	0,1034	0,8474**	0,1034
EP	DGT	-0,3974	0,5820**	-0,4282
	DGGE	-0,2531	0,3642	-0,3071
	DGGN	-0,4870*	0,7201**	-0,4761*
FF	DGT	-0,2854	0,3856	-0,2855
	DGGE	-0,2104	0,3759	-0,2106
	DGGN	-0,3083	0,2889	-0,3084
FP	DGT	-0,2374	0,4218	-0,2374
	DGGE	-0,1313	0,4005	-0,1313
	DGGN	-0,3190	0,3308	-0,3191
SST	DGT	0,6970**	-0,5037*	0,7017**
	DGGE	0,5598**	-0,2888	0,5651**
	DGGN	0,6878**	-0,6603**	0,6903**
PROD	DGT	0,1342	0,5368*	0,1342
	DGGE	0,2861	0,4534*	0,2860
	DGGN	0,1221	0,4966*	0,1220

NNSF= número de nós sem fruto, NFD = número de fruto deformado, NFC = número de fruto comercial, PMF= peso médio do fruto, CF = comprimento do fruto, DF = diâmetro do fruto, EP = espessura da polpa, FF = firmeza do fruto, FP = firmeza da polpa, SST= teor de sólidos solúveis, PROD = produção. *, ** Significativo a 5 e 1% de probabilidade.

¹DGT= distância genética total (marcadores genômicos e gênicos), DGGE= distância genética genômica (marcadores genômicos) e DGGN = distância genética gênica (marcadores gênicos)

Guimarães et al. (2007) obtiveram estimativas de correlação simples entre a distância genética por meio dos marcadores AFLP e SSR com a heterose e capacidade específica de combinação para produtividade. Estes autores observaram correlação positiva e significativa entre distância genética e heterose

ao nível de 5% de probabilidade; enquanto foram observados valores negativos nas correlações entre distância genética e capacidade específica de combinação, mostrando que estimativas de correlações entre distâncias genéticas via SSR e estimativas de caracteres quantitativos são complexas, de pouca consistência e de difícil interpretação.

As correlações entre os marcadores SSR (total, genômico e gênico) empregados neste estudo apresentaram valores elevados e significativos, $r = 0,9173^{**}$ (DGT e DGGE, $P < 0,01$), $r = 0,8254^{**}$ (DGT e DGGN, $P < 0,01$) e $0,5323^*$ (DGGE e DGGN, $P < 0,05$), mostrando que o emprego desses marcadores foi útil e consistente nas análises da divergência genética das linhagens parentais.

Considerando os híbridos obtidos do testador SS-72/12, apenas os caracteres NFD e EP apresentaram correlação com a distância genética, sendo estas correlações negativas e positivas, respectivamente (Tabela 23). Dessa forma, em genitores geneticamente distantes haverá menores deformações de frutos e maior espessura de polpa. No que se refere à heterose, ao contrário do observado nos híbridos obtidos de JS-12, para as características PMF, CF, DF e EP, relacionadas ao tamanho do fruto, houve correlação negativa. Estes valores negativos ocorreram pelo fato de os híbridos de 'SS-72/12' (Grupo Solo) apresentarem média geral inferior à média das linhagens. No entanto, para a característica SST, houve correlação positiva e altamente significativa com $r = 0,78^{**}$; $r = 0,75^{**}$; e $r = 0,68^{**}$ para DGT, DGGE e DGGN, respectivamente, indicando que quanto maior a distância genética mais adocicados serão os frutos. Não foi observada correlação significativa entre distância genética e capacidade específica de combinação em nenhuma situação para estes híbridos (Tabela 23).

Assim, como observado para os híbridos de JS-12, houve correlação significativa entre os marcadores SSR, com $r = 0,96^{**}$ (DGT e DGGE, $P < 0,01$), $r = 0,90^{**}$ (DGT e DGGN, $P < 0,01$) e $r = 0,76^{**}$ (DGGE e DGGN, $P < 0,01$).

Tabela 23. Estimativas de coeficiente de correlação simples entre caracteres agrônômicos, heterose em relação às linhagens *per se* e capacidade específica de combinação com distância genética via SSR, utilizando um testador do grupo Solo – ‘SS-72/12’. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro.

Características	Dist. Gen. (SSR)	Característica	Heterose	CEC
NNSF	DGT ⁽¹⁾	0,1529	-0,2500	0,1531
	DGGE	0,1019	-0,2024	0,1019
	DGGN	0,2181	-0,2912	0,2185
NFD	DGT	-0,4340*	0,1449	-0,1259
	DGGE	-0,3476	0,1508	-0,0520
	DGGN	-0,5176*	0,1119	-0,2352
NFC	DGT	0,1263	0,4108	0,1265
	DGGE	0,1351	0,3712	0,1352
	DGGN	0,0917	0,4146	0,0921
PMF	DGT	-0,0539	-0,5832**	-0,0539
	DGGE	-0,0787	-0,5954**	-0,0787
	DGGN	-0,0023	-0,4710*	-0,0023
CF	DGT	-0,0252	-0,4919*	-0,0252
	DGGE	-0,0147	-0,5106*	-0,0147
	DGGN	-0,0394	-0,3827	-0,0394
DF	DGT	0,2332	-0,5299*	0,2332
	DGGE	0,1739	-0,5541**	0,1739
	DGGN	0,3006	-0,4044	0,3006
EP	DGT	0,5112*	-0,7655**	0,4034
	DGGE	0,4863*	-0,6872**	0,4113
	DGGN	0,4755*	-0,7822**	0,3281
FF	DGT	-0,2357	-0,3593	-0,2358
	DGGE	-0,2571	-0,4045	-0,2572
	DGGN	-0,1620	-0,2248	-0,1621
FP	DGT	-0,1874	-0,4453*	-0,1875
	DGGE	-0,1794	-0,4600*	-0,1795
	DGGN	-0,1714	-0,3498	-0,1714
SST	DGT	-0,3037	0,7771**	-0,3057
	DGGE	-0,2303	0,7599**	-0,2315
	DGGN	-0,3843	0,6852**	-0,3872
PROD	DGT	0,4062	-0,3505	0,4062
	DGGE	0,3847	-0,3811	0,3847
	DGGN	0,3809	-0,2438	0,3809

NNSF=número de nós sem fruto, NFD= número de fruto deformado, NFC=número de fruto comercial, PMF=peso médio do fruto, CF= comprimento do fruto, DF= diâmetro do fruto, EP= espessura da polpa, FF= firmeza do fruto, FP= firmeza da polpa, SST= teor de sólidos solúveis, ROD = produção. *, ** Significativo a 5 e 1% de probabilidade.

¹DGT= distância genética total (marcadores genômicos e gênicos), DGGE = distância genética genômica (marcadores genômicos) e – DGGN = distância genética gênica (marcadores gênicos)

Lorencetti et al. (2006), ao estimarem a distância genética em aveia por meio de marcador molecular e morfológico e sua associação com o desempenho agrônômico, heterose e heterobeltiose dos híbridos, observaram que não houve correlação quando se considerou rendimento de grãos. Contudo, verificaram

correlação positiva da distância genética com as características CR (ciclo reprodutivo) e PMG (peso de mil grãos) e com heterose para PP (massa de panícula) e NGP (número de grãos por panícula) e negativa com a heterobeltiose para EP (estatura da planta).

Aguiar et al. (2007) avaliaram o potencial de híbridos de eucalipto obtidos por meio de dialelo e obtiveram coeficiente de correlação entre a divergência genética usando marcadores microssatélites e as estimativas dos parâmetros do dialelo (CGC, CEC e características agrônômicas). Observaram coeficientes de correlação significativos apenas com a capacidade específica de combinação para CAP (circunferência à altura do peito) e com a média dos híbridos para CAP. De acordo com os autores, a predição do potencial de híbridos de eucalipto por meio de marcadores microssatélites tem baixa precisão para poder ser utilizada em substituição aos cruzamentos dialélicos.

Na cultura do milho, Guimarães et al. (2007) observaram que as distâncias genéticas via marcador molecular não estavam correlacionadas com o caráter produtividade de grãos e CEC, no entanto, mostrou-se correlacionada com heterose. Além disso, os autores observaram que altas estimativas de divergência genética entre as linhagens não implicam, necessariamente, altos valores de CEC e produtividade, não sendo possível prever a CEC e a produtividade de grãos dos cruzamentos com base na divergência genética entre as linhagens envolvidas. Ainda na cultura do milho, Paterniani et al. (2008) estimaram as correlações entre heterose, produtividade e capacidade específica de combinação com divergência genética obtida por AFLP e SSR. Estes autores observaram ausência de correlação entre heterose, capacidade específica de combinação e produtividade dos híbridos e a distância genética, indicando que não foi possível fazer inferências sobre o desempenho dos híbridos de milho com base na divergência genética entre as linhagens parentais avaliadas.

6. CONCLUSÕES

- a. Houve variabilidade genética entre e dentro dos tratamentos para todas as características avaliadas, tanto na primeira época de avaliação como no somatório das três épocas, possibilitando a identificação de linhagens e/ou híbridos agronomicamente superiores.
- b. As linhagens 1, 3, 7 e 15 têm bom potencial *per se* para a característica NFC, enquanto as linhagens 13, 16, 18 e 20 se destacaram em relação aos caracteres PROD, FF e FP.
- c. Os híbridos T_2 , superiores à testemunha 'Golden' nas características agrônomicas e de qualidade de frutos, foram $2xT_2$, $13xT_2$, $14xT_2$, $17xT_2$, $20xT_2$, $21xT_2$ e $22xT_2$. Estes híbridos serão avaliados em ensaio de VCU (Valor de Cultivo e Uso) para, posteriormente, serem disponibilizados aos agricultores.
- d. Os híbridos T_1 , Grupo 'Formosa', que apresentaram boas estimativas de CEC, foram $6xT_1$, $8xT_1$, $10xT_1$, $16xT_1$, $17xT_1$ e $20xT_1$, enquanto entre os híbridos T_2 , Grupo 'Solo', destacaram-se $12xT_2$, $16xT_2$, $17xT_2$, $20xT_2$, $21xT_2$ e $22xT_2$.
- e. A heterose funcional nos híbridos T_1 se manifestou nas características NFD, PMF, PROD e SST. E nos híbridos T_2 , nas características NFC,

PROD e SST. Já a heterose varietal foi mais destacada para NFC e SST nos híbridos T₁ e para os caracteres PMF e PROD nos híbridos T₂.

- f. Com relação às estimativas de heterose funcional, grande parte dos híbridos T₁ e T₂ apresentou desempenho superior às linhagens *per se*. Dessa forma, é preferível a exploração dos híbridos em ambos os casos.
- g. Os 29 locos SSR utilizados foram eficientes em agrupar os genótipos de acordo com a geração de retrocruzamento à qual pertencem as linhagens. Os parâmetros moleculares mostraram que os genótipos avaliados são divergentes entre si, além do seu elevado nível de endogamia.
- h. Foi observado coeficiente significativo de correlação genética entre a distância genética obtida via SSR e algumas características, heterose e CEC, não sendo possível inferir sobre produtividade com base na distância genética das linhagens envolvidas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aguiar, M. S.; Ferreira, D. F.; Aguiar, A. M.; Bison, O.; Resende, G. D. S. P.; Grattapaglia, D. (2007) Potencial de híbridos entre clones-elite de eucalipto por meio de marcadores microssatélites. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.42, n.7, p.1007-1012.
- Allard, R. W. (1971) *Princípios do melhoramento genético de plantas*, 2º Ed. São Paulo: Edgar Blucher, 381p.
- Alves, F. E.; Souza, G. P.; Machado, S. R.; Zagatto, P. M. E. A. G. (2008) Capacidade combinatória de linhagens de milho de germoplasma tropical e temperado e heterose dos híbridos simples. *Revista Biociências*, v. 1, n, 14. P. 32-40.
- Arango, L. V.; Rezende, C. R.; Carvalho, S. P (2008) Identificação antecipada do sexo do mamoeiro pelos caracteres físicos das sementes e padrões isoenzimáticos das mudas. *Revista Corpoica – Ciencia y Tecnología Agropecuária*, v. 9, n. 1, p. 22-29.
- Badillo, V. M (1971). *Monografía de la familia Caricaceae*. (Tese de Botânica) – Maracay, Venezuela, Universidad Central de Venezuela – Publicada por la asociación de profesores, 222p.

- Badillo, V. M. (2001) Nota correctiva *Vasconcellea* St. Hil. y no *Vasconcellea* (Caricaceae). *Ernstia*, p. 75-76.
- Bastos, I. T.; Barbosa, M. h. D.; Cruz, C. D.; Burnquist, W. L.; Bressiane, J. A.; Silva, F. L. (2003) Análise dialéctica em clones de cana-de-açúcar. *Bragantia*, v.62, p.199-206.
- Bernardo, R. (1992) Relationship between single-cross performance and molecular marker heterozygosity. *Theoretical and Applied Genetics*, v.83, p.628-634.
- 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*, 32:314–331.
- Borém, A.; Caixeta, E. T (2009). Marcadores moleculares. Viçosa: UFV, v.2, p. 585.
- Cardoso, D. L., Luz, L. N.; Macedo, C. M. P.; Pintos, F. O.; RAMOS, H. C. C.; Vivas, M.; Pereira, M. G. (2011) Heterose em mamoeiro, In: Resumos: Anais do Congresso de Melhoramento de Plantas, Búzios, RJ.
- Cardoso, D. L.; Silva, R. F.; Pereira, M. G.; Viana, A. P.; Araújo, E. F. (2009) Diversidade genética e parâmetros genéticos relacionados à qualidade fisiológica de sementes em germoplasma de mamoeiro. *Revista Ceres Viçosa*, v. 56, n.5, p. 572-579.
- Cardoso, D. L. (2012) Análise dialéctica para rendimento e qualidade de frutos do mamoeiro (*Carica papaya* L.) Tese de Doutorado, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 96p.
- Cardoso, D. L.; Luz, L. N. da.; Macêdo, C. M. P. de.; Azevedo, L. G. S.; Pereira, M. G. (2014) Heterosis in papaya: inter and intragroup analysis. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 36, p. 610-619.

- Chen, C.; Yu, Q.; Hou, S.; Li, Y.; Eustice, M.; Skelton, R. I.; 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 high-density genetic map of papaya for comparative and evolutionary genomics in Brassicales. *Genetics* 177: 2481-2491.
- Cochran, W. G. & Cox, G. M. (1957) *Experimental designs*. 2ª ed. New York, John Wiley.
- Conover, R.A., Litz, R.E., Malo, S.E. (1986) Cariflora, a papaya for South Florida with tolerance to papaya ringspot virus. Florida: Agricultural Experiment Station, University of Florida, (Circular, 329), 3p.
- Costa, A. F. S.; Pacova, B. E. V. (2003) Caracterização de cultivares, estratégias e perspectivas do melhoramento genético do mamoeiro, In: Martins, D. S.; Costa, A. F. S. *A cultura do mamoeiro: Tecnologias de produção*, Vitória-ES: INCAPER, 59-101.
- Costa, J. L.; Oliveira, E. D.; Jesus, O. N. (2011) Correlação entre heterose e divergência genética em genótipos de maracujá amarelo. In: *Resumo: Anais do 6º Congresso Brasileiro de Melhoramento De Plantas*, Búzios, Rio de Janeiro.
- Cruz, C. D.; Venconvsky, R. (1989) Comparação de alguns métodos de análise dialélica, *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v. 12, n. 2, p. 425-436.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J (1997). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 2. ed. Viçosa: UFV, 390 p.
- Cruz, C. D.; Ferreira, F. M.; Pessoni, L. A. (2011) *Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética*, Viçosa: Ed. UFV, 620p.
- Cruz, C. D. (2013) *Programa Genes, versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística*, Editora UFV, Viçosa, 648p.

- Cruz, C. D.; Ferreira, F. M.; Pessoni, L. A. (2011) Biometria aplicada ao estudo de diversidade genética, Viçosa. Ed. Viçosa, 192p.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4.ed. Viçosa: UFV, 514p.
- Davis, R. L. (1927) Report of the plant breeder, Annual Report Agricultural Experiment Station University of Porto Rico, Rio Piedras, p.14-15.
- Damasceno Junior, P. C.; Pereira, T. N. S.; Silva, F. F.; Viana, A. P.; Pereira, M. G. (2008) Comportamento floral de híbridos de mamoeiro (*Carica papaya* L.) avaliados no verão e na primavera, Revista Ceres, 55(4): 310- 316.
- Damasceno Junior, P. C.; Pereira, T. N. S.; Pereira, M. G.; Silva, F. F.; Souza. M. M.; Nicoli, R. G. (2009) Preferential reproduction mode of hermaphrodite papaya plant (*Carica papaya* L; *Caricaceae*). Revista Brasileira de Fruticultura, 31, n.1, pp. 182-189.
- Dantas, J. L. L.; Castro Neto, M. T. (2000) Aspectos botânicos e fisiológicos, In: Trindade, A. V. Mamão, Produção: aspectos técnicos, Brasília: EMBRAPA-CNPMFT, p. 11-14.
- Dantas, J. L. L.; Lima, J. F. (2001) Seleção e recomendação de variedades de mamoeiro: Avaliação de linhagens e híbridos, Revista Brasileira de Fruticultura, Jaboticabal - SP, v. 23, n. 3, p. 617-621.
- Dantas, J. L. L.; Dantas, A. C. V. L.; Lima, J. F. (2002) Melhoramento de fruteiras tropicais, Viçosa, UFV, p. 422.
- Dantas, J. L. L.; Oliveira, E. J. (2009) O melhoramento genético do mamoeiro: avanços, desafios e perspectivas, In: I Simpósio Nordestino de Genética e Melhoramento de Plantas, Fortaleza - CE, O melhoramento genético no

contexto atual, Fortaleza - CE : Embrapa Agroindústria Tropical, v. 1, p. 151-180.

Duarte, I. A.; Ferreira, J. M.; Nuss, C. N. (2003) Potencial discriminatório de três testadores em “topcrosses” de milho, Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 38, n. 3, p. 365-372.

Dias, L. P. D.; Oliveira, E. J.; Dantas, J. L. L (2011). Avaliação de genótipos de mamoeiro com uso de descritores agronômicos e estimação de parâmetros genéticos. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.46, n.11, p.1471-1479.

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.

Elias, H. T.; Carvalho, S. P.; Mouraandré, C. G. (2000) Comparação de testadores na avaliação de famílias S₂ de milho, Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 35, n.6, p.1135-1142.

Falconer, D. S. (1987) Introdução à genética quantitativa, Editora UFV, Viçosa, 279p.

Falconer, D. S.; Mackay, T. F. C. (1996) Introduction to quantitative genetics, Ed. 4. LongmansGreen, Harlow, Essex, UK, 464p.

FAO. Produção Mundial de mamão de 2011. Disponível em: www.cnpmf.embrapa.br/. Atualizado em 16/01/2013. Acesso em 10/04/2013.

Faleiro, F. G.; Andrade, S. R. M.; Reis Junior, F. B. (2011) Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária. In: Aplicações de marcadores moleculares como ferramenta auxiliar em programas de conservação,

caracterização e uso de germoplasma e melhoramento genético vegetal. Planaltina: DF, 1º Ed. P.55-118.

Fagundes, G. R.; Yamashi, O. K. (2001) Características físicas e químicas de frutos de mamoeiro do grupo 'solo' comercializados em 4 estabelecimentos de Brasília-DF. Revista Brasileira de Fruticultura. 2001, vol.23, n.3, pp. 541-545.

Ferreira, M. E.; Grattapaglia, D. (1995) Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. Brasília: Embrapa- CENARGEN, 220p.

Ferreira, J. P.; Schmildt, O.; Schmildt, E. R.; Piantavinha, W. C.; Cattaneo, L. F. (2012) Correlações entre características morfoagronômicas de acessos de mamoeiro. Enciclopédia biosfera, Centro Científico Conhecer - Goiânia, v.8, n.14; p. 246-257.

Ferreira, E. A.; Paterinani, M. E. A. G. Z.; Duarte, A.P.; Gallo, P. B.; Zawazaki, E.; Azevedo Filho, J. A.; Guimarães, P. S. (2009) Desempenho de híbridos top crosses de linhagens S₃ de milho em três locais do estado de São Paulo, Bragantia, Campinas, v.68, n.2, p.319-327.

Fuggate, P., Wongs-Aree, C., Noichinda, S., Kalayanarat, S. (2010) Quality and volatile attributes of attached and detached 'Pluk Mai Lie' papaya during fruit ripening. Scientia Horticulturae, 126:120-129.

Guimarães, P.S.; Paterniani, M. E. A. G. Z.; Luders, R. R.; Souza, A. P.; Laborda, P. R.; Oliveira, K. M (2007) Correlação da heterose de híbridos de milho com divergência genética entre linhagens. Pesquisa Agropecuária Brasileira 42(6): 811-816.

Hallauer, A. R.; Miranda Filho, J. B. (1995) Quantitative genetics in maize breeding. 2 Ed. Ames: Iowa State University Press, 468p.

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

- Hofmeyer, J. D. J. (1938) Genetical studies of *Carica papaya* L, Africa Dept, Agriculture for, Science, Bull, 187: 1-64.
- Horovitz, S. (1954) Determinación del sexo en *Carica papaya* L: Estructura hipotética de los cromossomas sexuales, Agronomica Tropical, 17:323-343.
- IBGE. Produção Agrícola Municipal de 2011. Disponível em: www.cnpmf.embrapa.br/. Acesso em 10/12/2013.
- Ide, C. D. (2008) Melhoramento genético do mamoeiro (*Carica papaya* L.): Parâmetros genéticos e capacidade combinatória em ensaios de competição de cultivares, Tese de Doutorado (Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 141p.
- Ide, C. D.; Pereira, M. G.; Viana, A. P.; Pereira, T. N. S. (2009) Use of testers for combining ability and selection of papaya hybrids, Crop Breeding and Applied Biotechnology, 9: 60-66.
- Jesus, O. N.; Freitas, J. P. X.; Dantas, J. L. L.; Oliveira, E. J. (2013) Use of morpho-agronomic traits and DNA profiling for classification of genetic diversity in papaya. Genetics and Molecular Research, v. 12, p. 1-18.
- Kumar, S.; Nei, M.; Dudley, J.; Tamura, K. (2009) MEGA: A biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences. Brief Bioinform, 9: 299-306.
- Lassoudiere, A. (1968) Le papayer: description e génétique, Fruits, Paris, v.23, n.11, p. 585-596.
- Lalla, J. G.; Laura, V. A.; Seabra Júnior, S.; Cardoso, A. I. I. (2010) Capacidade combinatória e heterose de linhagens de pepino do grupo japonês para caracteres de produção, Horticultura Brasileira, 28: 337-343.
- Liu, Z.; Moore, P. H.; Ma, H.; Ackerman, C. M.; Ragiba, M.; Yu, Q.; Peari, H. M.; Kim, M. S.; Chariton, J. W.; Stiles, J. I.; Zee, F. T.; Andrew, A. H.; Ming, R.

- (2004) A primitive Y chromosome in papaya marks incipient sex chromosome evolution. *Nature* 427: 348-352.
- Liu, K.; Muse, S. V. (2005) Power Marker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*, 21: 2128–2129.
- Lorencetti, C.;Carvalho, F. I. F.; Antônio Costa de Oliveira, A. C.; Valério, I. P.; Benin, B.; Zimmer, P. D.; Vieira, E. A. (2006) Distância genética e sua associação com heterose e desempenho de híbridos em aveia, *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.41, n.4, p.591-598.
- Luz, L.N. (2014) Novos híbridos de mamoeiro com adaptação às regiões tradicionais e semiáridas do Brasil, Tese de Doutorado, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 80p.
- Manica, I. (1982) *Fruticultura Tropical*, Editora Agronômica Ceres, São Paulo, 276p.
- Marin S. L. D. (2001) Melhoramento genético do mamoeiro (*Carica papaya* L.): Habilidade combinatória de genótipos dos grupos 'Solo' e 'Formosa', Tese de Doutorado, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 117p.
- Marin, S. L. D.; Yamanishi, O. K.; Martelleto, L. A. P.; Ide, C. D. (2003) Hibridação de mamão, In: Martins D, S, *Papaya Brasil: qualidade do mamão para o mercado interno*, Incaper, Vitória-ES, p,173-188.
- Marin, S. L. D.; Pereira, M. G.; Amaral Junior, A. T.; Martelleto, L. A. P.; Ide, C. D. (2006a) Partial diallel to evaluate the combining ability for economically important traits of papaya, *Scientia Agricola* 63: 540-546.
- Marin, S. L. D. ; Pereira, M. G. ; Marteletto, L. A. P. ; Ide, C. D (2006b) Heterosis in papaya hybrids from partial diallel of 'Solo' and 'Formosa' parents. *Crop Breeding and Applied Biotechnology (Impresso)*, v. 6, p. 24-29.

- Mekako, H. U.; Nakasone, H. Y. (1975) Interspecific hybridization among 6 *Carica* species, *The Journal American Society for Horticultural Science* 100: 237-242.
- Milach, S.C.K. (1998) Marcadores Moleculares em plantas. Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 17-28p.
- Ming, R.; Yu, Q.; Moore, P. H. (2007) Sex determination in papaya. *Seminars in Cell and Development Biology*, 18: 401-408.
- Morais, P. L. D.; Silva, G. G.; Memezes, J. B.; Maia, F. E. N.; Dantas, F. E. N.; Sales Junior, R. (2007) Pós-colheita de mamão híbrido UENF/Caliman 01 cultivado no Rio Grande do Norte. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, v.29, n.3, p. 666-670.
- Nakasone, H. Y., Paull, R. E. (1998) Tropical fruits. *Crop production Science in Horticulture*. New York: CabInternational, 445p.
- Na, J. K.; Wang, J.; Murray, J. E; Gschwend, A. R.; Zhang, W.; Yu, Q.; Perez, R. N.; Feltus, F. A.; Chen, C.; Kubat, Z.; Moore, P. H.; Jiang, J.; Paterson, A. H.; Ming, R. (2012) Construction of physical maps for the sex-specific regions of papaya sex chromosomes, *BMC Genomics* 2012, 13:176.
- Oliveira, R. P.; Farias, A. R. N.; Santos Filho, H. P.; Oliveira, J. R. P.; Dantas, J. L. L.; Santos, I. B.; Oliveira M. A.; Souza Junior, M. T.; Silva, M. J.; Almeida, E. P.; Nickel, O.; Medina, V. M.; Cordeiro, Z. J. M. (1994) Mamão para exportação: aspectos técnicos da produção, Brasília, DF: EMBRAPA-SPI, 52p, (FRUPEX, Série Publicações Técnicas, 9).
- Oliveira, A. M. G.; Oliveira, M. de A.; Dantas, J. L. L.; Sanches, N. F.; Carvalho, J. E. B. (1995) A cultura do mamoeiro, Cruz das Almas, BA: EMBRAPA-CNPMPF, 80p, (EMBRAPA-CNPM, Circular 21).

- Oliveira, J. P.; Chaves, L. J.; Duarte, J. B.; Brasil, E. M.; Ferreira Junior, L.T.; Ribeiro, K. L. (2004) Teor de proteína no grão em populações de milho de alta qualidade proteica e seus cruzamentos, *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 34 (1): 45-51.
- Oliveira, E. J.; Dantas, J. L. L.; Castellen, M. S.; Lima, I. D. S.; Barbosa, H. S.; Motta, T. B. N. (2007) Marcadores moleculares na predição do sexo em plantas de mamoeiro, *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.42, n.12, p.1747-1754.
- Oliveira, E. J.; Silva, A. S.; Carvalho, A. M.; Santos, L. F.; Costa, J. L.; Amorim, V. B. O.; Dantas, J. L. L. (2010) Polymorphic microsatellite marker set for *Carica papaya* L. and its use in molecular-assisted selection. *Euphytica*. 173: 279-287.
- Oliveira, E. J.; Costa, J. L.; SANTOS, L. F.; Carvalho, F. M.; Silva, A. S.; Dantas, J. L. L. (2011) Molecular characterization of papaya genotypes using AFLP markers. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v.33, n.3, p. 848-858.
- Oliveira, E. J.; Fraife Filho, G. A.; Freitas, J. P. X.; Dantas, J. L. L.; Resende, M. D. V. (2012) Plant selection in F2 segregating populations of papaya from commercial hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 12, p. 191-198.
- Oliveira, E. J. de; Fraire Filho, G. de A; Freitas, J. P. X. de; Dantas, J. L. L (2014). Desempenho produtivo e interação genótipo x ambiente em híbridos e linhagens de mamoeiro. *Bioscience Journal*, Uberlândia, v. 30, n. 2, p. 402-410.
- Paterniani, M. E. A. G. Z. (2001) Use of heterosis in maize breeding: history, methods and perspectives – a review, *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 1(2) 159-178.

- Paterniani, M. E. A. G. Z.; Luders, R. R.; Duarte, A. P.; Gallo, P. B.; Sawazaki, E. (2006) Desempenho de híbrido triplos de milho de topcrosses em três locais do estado de São Paulo, Bragantia, Campinas, v.65, n.4, p. 597-605.
- Paterniani, M. E. A. G. Z.; Guimarães, P. S.; Luders, R.R.; Gallo, P. B.; Souza, A. P.; Laborda, P. R.; Oliveira, K. M. (2008) Capacidade combinatória, divergência genética entre linhagens de milho e correlação com heterose, Bragantia, Campinas, v.67, n.3, p.639-648.
- Pereira, M. G.; Marin, S. L. D.; Viana, A. P.; Ferregueti, G. A.; Martelleto, L. A. P.; Cattaeneo, L. F.; PEREIRA, T. N. S. (2003) Melhoramento genético do mamoeiro (*Carica papaya* L.): Desenvolvimento e recombinação de híbridos, In: Resumo, Anais do 2º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas, Porto Segura-BA.
- Peakall, R.; Smouse, P. (2009) GenAIEx Tutorials – Part 1: Introduction to Population Genetic Analysis. Australian National University, Australia.
- Pinto, R. de M. C.; Garcia, A. A. F.; Souza Júnior, C. L. de (2001) Alocação de linhagens de milho derivadas das populações BR-105 e BR-106 em grupos heteróticos. Scientia Agricola, Piracicaba, v. 58, n. 3, p. 541-548, jul./set. 2001.
- Pinto, F. O.; Ramos, H. C. C.; Cardoso, D. L.; Luz, L. N.; Pereira, M. G. (2013a) Desenvolvimento de genótipos de mamoeiro tolerantes à mancha fisiológica. Revista Brasileira de Fruticultura, Jaboticabal, v.35, n.2, p.1101-1115.
- Pinto, F. O.; Pereira, M. G.; Luz, L. N.; CARDOZO, D. L.; Ramos, H. C. C.; Macedo, C. M. P. (2013b) Use of microsatellite markers in molecular analysis of segregating populations of papaya (*Carica papaya* L.) derived from backcrossing. Genetics and Molecular Research, v. 12, p. 2248-2259.

- Pinto, F. O.; Luz, L. N.; Pereira, M. G.; Cardoso, D. L.; Ramos, H. C. C. (2013c) Metodologia dos modelos mistos para seleção combinada em progênes segregantes de mamoeiro. *Agrária (Recife. Online)*, v. 8, p. 211-217.
- Quintal, S. S. R. (2009) Caracterização e avaliação de um banco de germoplasma de mamoeiro para estudo dos parâmetros genéticos e diversidade genética. Dissertação de Mestrado, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 168p.
- Ramos, H. C. C. (2007) Melhoramento populacional do mamoeiro (*Carica papaya* L.) assistido por marcadores microssatélites, Dissertação de mestrado, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 149p.
- Ramos, H. C. C. (2010) Retrocruzamento em mamoeiro: avanço de gerações e seleção de linhagens via procedimentos clássicos e moleculares, Tese de Doutorado, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 134p.
- Ramos, H. C. C.; Pereira, M. G.; Silva, F. F.; Viana, A. P. (2011a) Seasonal and genetic influences on sexual expression in segregating papaya population derived from backcross, *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11: 97-105
- Ramos, H. C. C.; Pereira, M. G.; Silva, F. F.; Gonçalves, L. S. A.; PINTO, F. O.; de E. Souza Filho, G. A.; Pereira, T. S. N. (2011b) Genetic characterization of papaya plants (*Carica papaya* L.) derived from the first generation of backcross, *Genetic and Molecular Research*, 10: 393-403.
- Ramos, H. C. C.; Pereira, M. G.; GONÇALVES, L. S. A.; Berilli, A. P. C. G.; PINTO, F. O.; Ribeiro, E. H. (2012) Multivariate analysis to determine the genetic distance among backcross papaya (*Carica papaya* L.) progenies. *Genetics and Molecular Research*, v. 11, p. 1280-1295.

- Ramos, H. C. C.; Pereira, M. G.; Viana, A. P ; Luz, L. N.; Cardoso, D. L.; Ferregueti, G. A. (2014a) Combined Selection in Backcross Population of Papaya (*Carica papaya L.*) by the Mixed Model Methodology. American Journal of Plant Sciences, v. 05, p. 2973-2983.
- Ramos, H. C. C.; Pereira, M. G.; Pereira, T. S. N.; Barros, G. B. A.; Ferregueti, G. A. (2014b) Characterisation of genetic-molecular variability of papaya population based on microsatellite markers. Genetic and Molecular Research, 13 (4): 10367-10381.
- Ramalho, M.A. P; Ferreira, D. F; Oliveira, A. C. (2012) Experimentação em genética e melhoramento de planta, 3º.ed. Lavras: Editora: UFLA, 2012, 328p.
- Resende, M. D. V. (2000) Análise estatística de modelos mistos via reml/blup na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Colombo: Embrapa Florestas, 101p. (Documentos, 47).
- Ruggiero, C.; Durigan, J. F.; Natale, W.; Oliveira, C. A. L. De; Benassi, A. C. Mamão. In: Donadio, L.C. (Org.). História da fruticultura Paulista. Jaboticabal: Sociedade Brasileira de Fruticultura, p. 210-234.
- Saitou, N.; Nei, M. (1987) The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. Molecular Biology and Evolution, v4, p. 406-425.
- SAS INSTITUTE, Statistical Analysis Software: SAS, 9.1, 2003, Cary-NC, EUA.
- Seifert, A. L.; Carpentieri-Pípulo, V.; Ferreira, J. M.; Gerage, A. C. (2006) Análise combinatória de populações de milho pipoca em topcrosses. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v.41, n.5, p.771-778.
- Seifert, A. I.; Carpentieri-Pípulo, V.; Ferreira, J. M.; Gerage, A. C. (2006) Análise combinatória de populações de milho pipoca em topcrosses. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 41, n. 5, p. 771- 778.

- Serrano, L. A. L.; Cattaneo, L. F. (2010) O cultivo do mamoeiro no Brasil, Revista Brasileira de Fruticultura, v. 32, n. 3.
- Silva, H. D.; Ferreira, D. F.; Pacheco, C. A. P. (2000) Avaliação de quatro alternativas de análise de experimentos em látice quadrado, quanto à estimação de componentes de variância. *Bragantia*, n.59, v.1, p.117-123.
- Silva, F. F. (2006) Abordagem Clássica e molecular do melhoramento genético do mamoeiro (*Carica Papaya* L.). Tese de Doutorado, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 132p.
- Silva, F. F.; Pereira, M. G.; Campos, W. F.; Damasceno Júnior, P. C.; Pereira, T. N. S.; Souza Filho, G. A.; Ramos, H. C. C.; Viana, A. P.; Ferregueti, G. A. (2007a) DNA marker-assisted sex conversion in elite papaya genotype (*Carica papaya* L.), *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.7, p. 52-58.
- Silva, F. F.; Pereira, M. G.; Damasceno Júnior, P. C.; Pereira, T. N. S.; Viana, A. P.; Daher, R. F.; Ramos, H. C. C.; Ferregueti, G. A. (2007b) Evaluation of the sexual expression in segregation BC₁ papaya population, *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.7, p.16-23.
- Silva, F. F.; Pereira, M. G.; Ramos, H. C. C.; Damasceno Júnior, P. C.; Pereira, T. N. S.; Ide, C. D. (2007c) Genotypic correlations of morpho-agronomic traits in papaya and implications for genetic breeding, *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.7, p. 345-352.
- Silva, F. F.; Pereira, M. G.; Ramos, H. C. C.; Damasceno Júnior, P. C.; Pereira, T. N.; Viana, A. P.; Daher, R. F.; Ferregueti, G. A. (2008a) Estimation of genetic parameters related to morphoagronomic and fruit quality traits of papaya, *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v.8, p. 65-73.
- Silva, F. F.; Pereira, M. G.; Ramos, H. C. C.; Damasceno Júnior, P. C.; Pereira, T. N. S.; Gabriel, A. P. C.; Viana, A. P.; Ferregueti, G. A. (2008b) Selection and estimation of the genetic gain in segregating generations of papaya (*Carica papaya* L.), *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, v. 8, p. 1-8.

- Silva, M. G. M.; Viana, A. P.; Amaral Junior, A. T.; Goncalves, L. S. A.; Reis, R. V. (2012) Biometria aplicada ao melhoramento intrapopulacional do maracujazeiro amarelo. Revista Ciência Agronômica (UFC. Impresso). v. 43, p. 493-499.
- Souza, B. S.; Durigan, J. S.; Donadon, J. R.; Teixeira, G. H. de A. (2005) Conservação de mamão “Formosa” minimamente processado armazenado sob refrigeração, Revista Brasileira de Fruticultura, Jaboticabal-SP, v. 27, n. 2, p. 273-273.
- Sprague, G. F.; Tatum, L. A. (1942) General vs. specific combining ability in single crosses of corn. Journal of the American Society of Agronomy, Geneva, v. 34, n. 10, p. 923-932.
- 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, v.35, p.83–85.
- Storey, W. B. (1953) Genetics of the papaya. Journal of Heredity, v.44, p. 70-78.
- Vivas, M.; Silveira, S. F.; Terra, C. E. P. S.; Pereira, M. G. (2010) Reação de germoplasma e híbridos de mamoeiro à mancha-de-phoma (*Phoma caricae-papayae*) em condições de campo, Tropical PlantPathology, v.35, n. 5, p.323-328.
- Vivas, M.; Silveira, S. F.; Terra, C. E. P. S.; Pereira, M. G. (2011) Testers for combining ability and selection of papaya hybrids resistant to fungal diseases, Crop Breeding and Applied Biotechnology, v.11, p.36-42.
- Vivas, M.; Silveira, S. F. S.; Cardoso, D. L.; Pereira, M. G.; Santos, P. H. D.; Ferregueti, G. A. (2012) Capacidade combinatória e heterose para resistência à pinta preta em mamoeiro por meio de análise dialélica, Tropical PlantPathology, v.37, n.5, p.326-332.

- Vivas, M.; Silveira, S. F.; Pereira, M. G.; Cardoso, D. L.; Ferreguetti, G. A. (2013) Análise dialélica em mamoeiro para resistência à mancha-de-phoma. *Ciência Rural*, v. 43, p. 945-950.
- Vivas, M.; Silveira, S. F.; Viana, A. P.; Amaral Junior, A. T.; Cardoso, D. L.; Pereira, M. G. (2014) Efficiency of circulant diallels via mixed models in the selection of papaya genotypes resistant to foliar fungal diseases. *Genetics and Molecular Research*, v. 13, p. 4797-4804.
- Vidal, N. M.; Graziotin, A. L.; Ramos, H. C. C. R.; 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*, v.9, n.11, p.1-10.
- Yamanishi, O. K.; Mello, R. M.; Martins, V. A.; Lima, L. A.; Fagundes, G. R. (2006) Comportamento do mamoeiro Sekati nas condições do Oeste da Bahia. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 28, n. 1, p. 79-82.
- Yeh, F. C.; Boyle, T.; Rongcai, Y.; Ye, Z.; Xiyan, J. M. (1999) POPGENE. Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analysis. Version 1.31, Manual.
- Yu, Q.; Hou, S.; Feltus, F. A.; Jones, M. R.; Murray, J. E.; Veatch, O.; Lemke, C.; Saw, J. H.; Moore, R. C.; Thimmapuram, J.; Liu, L.; Moore, P. H.; Alam, M.; Jiang, J.; Paterson, A. H.; Ming, R. (2008) Low X/Y divergence in four pairs of papaya sex-linked genes. *The Plant Journal* 53:124-132.