

**SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMOEIRO QUANTO À  
RESISTÊNCIA À PINTA-PRETA**

**CAMILA DE SOUZA RIBEIRO**

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

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
JUNHO- 2022**

# SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMOEIRO QUANTO À RESISTÊNCIA À PINTA-PRETA

**CAMILA DE SOUZA RIBEIRO**

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

Orientador: Prof. Silvaldo Felipe da Silveira

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
JUNHO- 2022

**FICHA CATALOGRÁFICA**

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

R484

Ribeiro, Camila de Souza.

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMOEIRO QUANTO À RESISTÊNCIA À PINTA-PRETA / Camila de Souza Ribeiro. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2022.

82 f. : il.

Bibliografia: 55 - 70.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2022.  
Orientador: Silvaldo Felipe da Silveira.

1. *Carica papaya*. 2. *Asperisporium caricae*. 3. resistência. 4. melhoramento de plantas. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMOEIRO QUANTO À  
RESISTÊNCIA À PINTA-PRETA

**CAMILA DE SOUZA RIBEIRO**

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

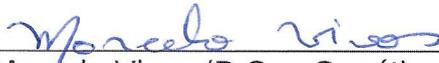
Aprovada em 10 de junho de 2022.

Comissão Examinadora:



---

Prof<sup>a</sup>. Tathianne Pastana de Sousa Poltronieri (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UNILA



---

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



---

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



---

Prof. Silvaldo Felipe da Silveira (D.Sc., Fitopatologia) – UENF  
(Orientador)

## DEDICATÓRIA

Aos meus pais, Selma e Francisco (*in memoriam*), por todos os ensinamentos; à minha irmã Carina, por todo apoio nessa trajetória.

Dedico esta conquista

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, pela minha vida.

Aos meus pais Selma e Francisco (in memorian), pelos valores, por me ensinarem sem saber que o faziam. Obrigada por tudo.

À minha irmã Carina e a meu cunhado Fabiano, pelo apoio, não somente durante o mestrado, mas em diversos outros momentos da minha vida.

À UENF, à CAPES e à Caliman Agrícola S/A, pelo suporte financeiro e pela infraestrutura para a realização do nosso trabalho.

Ao meu orientador, Professor Silvaldo Felipe da Silveira, pelos ensinamentos, confiança, apoio e por se mostrar sempre tão humano.

Ao Ailton Sincera, Delma, Maria e demais colaboradores da Caliman, pela cordialidade e cuidados na condução do nosso experimento.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF, em especial, aos meus conselheiros, Professor Marcelo Vivas e Professor Messias Gonzaga Pereira.

A todos os pós-graduandos que cursaram disciplinas comigo em tempos de pandemia, em especial a Ana Carolina, João, Lucas, Gabriela, Mayara, Luana, Mariana, Janisson e Helenilson.

Ao Renato Santa Catarina, pela dedicação e colaboração durante a condução do nosso experimento, bem como nas avaliações.

A todos os demais que me ajudaram nas avaliações de campo e de laboratório, Rosieli, Izaias, Adriana e Catiane. Obrigada pelo convívio e pelo apoio!

Ao secretário do Programa, Daniel, pelo apoio e ajuda para cumprimento de normas, em diversos momentos do curso;

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

A todos que contribuíram direta e indiretamente para que eu alcançasse esta conquista.

## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	vii
<b>ABSTRACT</b> .....	ix
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2. OBJETIVOS</b> .....	3
2.1 Obijetivo Geral .....	3
2.2 Objetivos Específicos .....	3
<b>3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b> .....	4
3.1 Importância econômica do mamoeiro .....	4
3.2 Principais doenças na cultura do mamoeiro .....	6
3.3 Pinta-preta do mamoeiro .....	7
3.4 Programas de melhoramento genético de mamoeiro no Brasil .....	9
3.5 Melhoramento genético para resitência a doenças .....	11
3.6 Melhoramento visando à resistência à pinta-preta na cultura do mamoeiro e modelagem mista .....	15
3.7 Capacidade combinatória, uso de testatores no melhoramento do mamoeiro .....	21
3.8 Parâmetros genéticos .....	23
3.9 Heterose .....	24
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	25
4.1 Material vegetal .....	25
4.2 Delinemaneto estatístico e condições experimentais .....	26

4.3	Avaliação de pinta-preta causada por <i>Asperisporium caricae</i> .....	27
4.4	Análises estatísticas.....	29
4.5	Componentes de variância (REML individual).....	30
4.6	Componentes de médias (BLUP individual) e seleção genotípica.....	31
4.7	Estimação de parâmetros genéticos.....	31
4.8	Heterose Cultivar padrão.....	32
4.9	Capacidade específica de combinação (CEC).....	32
<b>5.</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	<b>33</b>
5.1	Componentes de variância (REML individual) e parâmetros genéticos.....	33
5.2	Seleção de genótipos via modelos mistos.....	39
5.3	Capacidade de combinação.....	44
5.4	Heterose .....	48
<b>6</b>	<b>CONCLUSÕES</b> .....	<b>53</b>
	<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	<b>55</b>

## RESUMO

RIBEIRO, Camila de Souza; M.Sc., Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Junho de 2022. Avaliação e seleção de híbridos de mamoeiro quanto à resistência à pinta-preta. Orientador: Silvaldo Felipe da Silveira; Conselheiros: Marcelo Vivas e Messias Gonzaga Pereira.

O mercado de frutas tem crescido bastante no país e o mamão está entre as frutas tropicais brasileiras mais exportadas. Contudo, a cultura do mamoeiro é suscetível a uma ampla gama de patógenos, o que impacta sua produtividade. A pinta-preta, causada pelo fungo *Asperisporium caricae*, é uma das principais doenças da cultura, sendo que o emprego da resistência genética é uma medida de controle de grande interesse, pois ainda não existem variedades comerciais resistentes. O uso de cultivares resistentes, associado a outras técnicas de manejo, além de reduzir os custos de produção, em paralelo gera menos impacto ambiental. A avaliação de doenças, estimando sua severidade e intensidade, possibilita a comparação do desempenho de um genótipo frente a outro da mesma espécie, caracterizando-o como resistente ou tolerante. Também é de grande valia o estudo da magnitude dos parâmetros genéticos associados à resistência genética do mamoeiro à pinta-preta, visando à definição das melhores estratégias de melhoramento e seleção. Neste trabalho de pesquisa, foram avaliados folhas e frutos de 46 híbridos de mamoeiro, dos grupos Solo e Formosa, pertencentes ao Programa de Melhoramento UENF/CALIMAN, quanto à resistência ao fungo *Asperisporium caricae*, utilizando dois genótipos

comparadores, Maradol e Sekati, testemunhas padrão de resistência e suscetibilidade, respectivamente, além de três genótipos comerciais testemunha, um do tipo Solo (THB), outro Formosa (UC10) e um intermediário (UENF/CALIMAN 01). O ensaio foi implantado a campo com delineamento em blocos incompletos com cinco repetições e quatro plantas por parcela, com espaçamento de 3,6 m entre linhas e 1,5 m entre plantas na linha. Os dados foram submetidos à metodologia dos modelos lineares mistos. Foram estimados os valores de incidência e severidade da doença em folhas e frutos, bem como os parâmetros genéticos relativos à resistência genética a tal patógeno. Observou-se forte interferência de fatores ambientais. Entretanto, os resultados indicam variabilidade entre os genótipos para resistência à pinta-preta em frutos, indicando potencial de seleção entre os híbridos estudados. Os híbridos mais promissores foram o 22 e o 39, com os menores valores de média para severidade de pinta-preta em folhas e frutos e incidência em frutos.

Palavras-chave: *Carica papaya*; *Asperisporium caricae*; resistência; melhoramento de plantas.

## ABSTRACT

RIBEIRO, Camila de Souza; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; June 2022; Evaluation and selection of papaya hybrids for resistance to black spot; Advisor: Silvaldo Felipe da Silveira; Committee members: Marcelo Vivas and Messias Gonzaga Pereira.

The fruit market has growing up fast in Brazil and, papaya is among the most exported tropical fruits. However, the papaya crop is susceptible to a wide range of pathogens, which impacts its productivity. Black spot caused by the fungus *Asperisporium caricae* is one of the main diseases of the papaya crop and the use of genetically resistant varieties is the most suitable measure to control the disease. The use of resistant cultivars associated with other management techniques, in addition to reducing production costs does not generate environmental impacts. However, there is not any commercial papaya varieties resistant to black spot. Through hybridization techniques it is possible to increase the genetic variability, making breeding programs more efficient at selecting genotypes with higher resistance levels. The disease evaluation, estimating their severity and intensity, makes it possible to compare the performance of a genotype characterizing it as disease resistant or susceptible. It is also of great value to study the magnitude of the genetic parameters associated with the genetic resistance aiding the choice of better genetic breeding strategies and selection methods. Therefore, in this research 46 papaya hybrids belonging to the UENF/CALIMAN Breeding Program were evaluated for resistance

to *Asperisporium caricae*, using standard resistant and susceptible comparator genotypes, Maradol and Sekati, respectively, a genotype of the Solo fruit-type group (THB), a genotype of the Formosa fruit-type group (UC10) and an intermediate fruit-type genotype (UENF/CALIMAN 01). A field trial with a statistical design in incomplete blocks was set up with five replications and four plants per plot grown in a spacing of 3.6 m between rows and 1.5 m between plants in the row. The data were submitted to the mixed linear models' methodology. The values of incidence and severity of the disease in leaves and fruits were estimated, as well as the genetic parameters related to genetic resistance to the black-spot disease. A strong interference of environmental factors was observed. However, the results indicate that there is variability between the genotypes for resistance to black spot in fruits and indicate a potential for selection among the hybrids studied. The most promising hybrids were 22 and 39, with the lowest mean values for black spot severity on leaves and fruits as well as for the incidence on fruits.

Key words: *Carica papaya*; *Asperisporium caricae*; resistance; plant breeding.

## 1. INTRODUÇÃO

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) é tido como uma das mais importantes fruteiras, sobretudo nas regiões tropicais e subtropicais (Taha et al., 2018). O Brasil ocupa a segunda posição no ranking de produção da fruta, superado apenas pela Índia, com uma estimativa de 1,7 milhão de toneladas ao ano, o que equivale a 38% da produção mundial. Trata-se de uma fruta muito apreciada no mercado externo, sobretudo europeu (Guatimosim, 2020).

No Brasil, Espírito Santo e Bahia são os estados mais representativos, sendo responsáveis por 70% da área cultivada e da produção de mamão em território nacional. Além de deter a maior fatia da produção, o Espírito Santo é o estado que obtém a maior produtividade da cultura, colhendo em torno de 54,9 toneladas por hectare (Guatimosim, 2020; IBGE, 2021).

O mamoeiro é uma cultura bastante suscetível ao ataque de pragas e doenças, o que representa perdas substanciais nas fases de produção e pós-colheita. Entre as doenças de etiologia fúngica que merecem destaque no cenário de produção da fruta, situa-se a pinta-preta, causada pelo fitoparasita *Asperisporium caricae* (Speg.) Maubl. Tal doença é uma das que mais impactam a produtividade do mamoeiro no Brasil em locais em que o cultivo ocorre continuamente ao longo de dois ou mais anos, em clima favorável ao desenvolvimento de epidemias (Ventura et al., 2003).

Nesse sentido, há necessidade de controle para obter uma produção rentável, o que faz com que seja intensa a aplicação de agroquímicos. O uso de

agroquímicos para o controle de doenças e pragas tem sido uma preocupação constante da sociedade, pois, além dos potenciais danos ao meio ambiente e aos seres humanos, sua carga residual em alimentos é capaz de reduzir o valor de mercado do produto ou até mesmo fazer com que ele seja rejeitado, mormente no mercado internacional (Yuan et al., 2019). O mamoeiro é uma cultura bastante suscetível a inúmeras doenças, demandando rigoroso controle fitossanitário em todas as fases fenológicas da sua cultura. Por isso, a resistência genética obtida através do melhoramento vegetal tem se mostrado uma medida eficiente no controle de doenças. A resistência pode ser vista como estratégia para o controle da pinta-preta do mamoeiro, pois possibilita a redução dos impactos ocasionados pelo uso desmedido de agroquímicos, além de reduzir os custos de produção da cultura (Santos et al., 2017).

Embora para o mamoeiro os genótipos comerciais não apresentem resistência total ou completa, o melhoramento por hibridação é capaz de permitir a obtenção de materiais híbridos com maiores níveis de resistência (Vivas et al., 2013 b; Poltronieri, 2018).

Os programas de testes e o avanço de híbridos são essenciais no melhoramento genético do mamoeiro, pois, com a avaliação, seleção e o atendimento às normas para o registro e lançamento, é possível disponibilizar novos materiais ao mercado consumidor.

O programa de melhoramento genético do mamoeiro da UENF, em parceria com a empresa Caliman Agrícola S/A, atualmente tem 21 híbridos no Registro Nacional de Cultivares (RNC), com diversidade de tamanho, qualidade, produtividade e resistência a doenças (Pereira et al., 2018).

Nesse sentido, o objetivo deste trabalho consistiu na avaliação de híbridos de mamoeiro pertencentes ao programa UENF/Caliman quanto à resistência à pinta-preta.

## 2. OBJETIVOS

### 2.1. Objetivo geral

Identificar híbridos de mamoeiro resistentes à pinta-preta.

### 2.2. Objetivos específicos

- Avaliar híbridos de mamoeiro obtidos pelo cruzamento entre dezenove linhagens e seis testadores elite de base genética estreita, quantificando a severidade, a incidência e a severidade da pinta-preta em folhas e frutos;

- Estimar a capacidade específica de combinação das linhagens com os respectivos testadores e o seu potencial para o programa de melhoramento do mamoeiro, visando à identificação de híbridos quanto à resistência à pinta-preta;

- Avaliar a heterose nas combinações híbridas quanto à resistência;

- Estimar parâmetros genéticos e obter valores genéticos associados à resistência utilizando o procedimento REML/BLUP.

### 3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

#### 3.1 Importância econômica do mamoeiro

O mamoeiro cultivado comercialmente pertence à família Caricaceae, compreendendo seis gêneros e 35 espécies (Van Droogenbroeck et al., 2002). Os gêneros *Carica* (uma espécie), *Horovitzia* (uma espécie), *Jacaratia* (sete espécies), *Jarilla* (três espécies) e *Vasconcellea* (21 espécies) são originários do continente americano, enquanto o gênero *Cylicomorpha* (duas espécies) pertence ao continente africano (Van Droogenbroeck et al., 2004). O gênero *Carica*, o mais conhecido, é o único com valor comercial (Vieira et al., 2003).

Originário da América do Sul, o mamoeiro (*Carica papaya*) é uma das mais importantes frutas cultivadas no mundo, tanto em regiões tropicais como subtropicais, rico em vitaminas, minerais e fibras digestivas importantes para a saúde humana (Boteon, 2005; Shreedevasena et al, 2019). Índia, Brasil, Indonésia, República Dominicana, Nigéria e México são os maiores destaques no cenário de produção da fruta (FAOSTAT, 2018).

A importância econômica do mamão para o agronegócio brasileiro é demonstrada por suas expressivas produção e exportação. O Brasil figura entre os maiores produtores e exportadores de mamão, tendo sido o terceiro maior produtor da fruta em 2019, ficando atrás da Índia e da República Dominicana (FAOSTAT, 2021). Essa cultura está presente em quase todas as regiões do país, com área colhida de 28.450 hectares e produtividade média de 43.410

toneladas por hectare, com destaque para as regiões Nordeste e Sudeste, que centralizam a produção com, respectivamente, 54,9% e 40,3%, de todo o mamão produzido no país (IBGE, 2021).

Entre os estados produtores, destacam-se o Espírito Santo (403.278 t ano-1 em 6.874 ha), Bahia (390.075 t ano-1 em 9.638 ha) e Ceará (118.717 t ano-1 em 1.992 ha) (IBGE, 2021). É notório que, mesmo que o cultivo da fruta ocorra na maioria dos estados, é no extremo Sul da Bahia e no Norte do Espírito Santo que ele está concentrado, correspondendo a 70,5% da produção nacional (Pádua, 2019).

O maior impacto econômico da produção de mamão no Brasil advém, principalmente, da venda dos frutos para consumo in natura, por apresentar bom valor agregado, sendo ainda significativamente comercializado no mercado internacional (Pádua, 2019).

O mamão está entre as sete frutas mais exportadas pelo Brasil e, em 2019, foram exportadas 43,3 mil toneladas, crescimento de 1,5% em comparação com o ano anterior, com volume recorde dos últimos 20 anos (Vilarino, 2020). A maior parte da exportação (89%) brasileira de frutos de mamão em 2018 foi destinada à União Europeia (Barbieri e Barbosa, 2019). Observa-se, entretanto, que menos de 2% do mamão brasileiro é exportado, ou seja, a fruta é muito consumida no país, havendo ainda possibilidade de expansão do mercado nacional e internacional. Mas no que concerne à exportação, o mercado internacional é altamente competitivo, sendo cada vez mais exigente em produtos com elevado padrão de qualidade e restritivo no que tange aos problemas fitossanitários e a resíduos mínimos de agrotóxicos (INCAPER, 2020).

As variedades mais cultivadas pertencem aos grupos heteróticos Solo e Formosa, sendo o primeiro o mais representativo para a exportação por ter frutos de polpa avermelhada e tamanho pequeno. Os genótipos do grupo Formosa têm polpa laranja-avermelhada e tamanho médio, formados em sua maioria por híbridos comerciais e também por linhagens (Dias et al., 2011). As cultivares “Golden” (grupo Solo), com frutos menores, e as cultivares híbridas “Tainung 01” e “Calimosa” (grupo Formosa), com frutos maiores e maior rendimento, representam a maior parte da produção da fruta no Brasil (Pereira et al., 2018).

### 3.2 Principais doenças na cultura cultura do mamoeiro

As doenças são um dos mais impactantes fatores limitantes à produção do mamoeiro. Em grande parte de etiologia viral ou fúngica, elas são responsáveis por reduzir a produtividade da cultura e a qualidade dos frutos, podendo, inclusive, ocasionar a perda total de plantações. O mosaico ou mancha anelar, causada pelo *Papaya ringspot virus* biótipo mamão (PRSV – p), e a meleira do mamoeiro, causada pelo *Papaya meleira virus* (PMeV), são as principais doenças de origem virótica que acometem a cultura. O amarelo-letal, causado pelo *Papaya letal yellowing virus* (PLYV), também merece destaque, estando presente nas regiões produtoras dos estados do Espírito Santo, Bahia, Minas Gerais, Sergipe, Ceará e Rio Grande do Norte (Marin et al., 2018).

As infecções fúngicas são responsáveis por comprometer a produção e depreciar os frutos para comercialização, sendo consideradas as principais causas de doenças em pré e pós-colheita do mamoeiro. A pinta-preta, causada por *Asperisporium caricae*, juntamente com a antracnose, causada por *Colletotrichum gloeosporioides* Penz; a mancha-de-phoma ou queima das folhas, causada por *Stagonosporopsis caricae* (Sydow & P. Sydow); a mancha-de-corynespora, causada por *Corynespora cassicola* (Berk e Curt) Wei; oídios, causados pelos gêneros *Ovulariopsis*, *Oidium* e *Streptopodium*; a podridão de *Phytophthora* ou gomose, causada por *Phytophthora palmivora*; e a podridão peduncular, causada principalmente pelos gêneros *Colletotrichum*, *Phoma* e *Phomopsis*, são as principais doenças de origem fúngica na cultura do mamoeiro (Marin et al., 2018).

A pinta-preta tem reconhecida importância econômica para a cultura do mamoeiro, sendo responsável por significativos prejuízos aos produtores, estando disseminada nas regiões produtoras do país (Silvério et al., 2018). Tal doença é capaz de provocar perdas significativas, aumento do uso de fungicidas e redução da produtividade, o que resulta em maior custo de produção e menor rentabilidade para o produtor. O desenvolvimento de variedades resistentes às principais doenças pode ser uma excelente estratégia para reduzir as perdas ocasionadas por agentes fitopatogênicos, tanto durante o ciclo produtivo quanto na fase pós-colheita, diminuindo os prejuízos e aumentando a rentabilidade da cultura (Pádua, 2019).

### 3.3 Pinta-preta do mamoeiro

A pinta-preta está entre as doenças fúngicas que mais causam impactos na cultura do mamoeiro, acarretando prejuízos de milhares de reais na cadeia produtiva do mamão (Sasaki et al., 2018). Ela está expressivamente disseminada no Brasil, Estados Unidos, África do Sul, entre outros países produtores (Shantamma et al., 2018).

No Espírito Santo, uma das principais regiões produtoras do país, a elevada incidência da pinta-preta do mamoeiro nas lavouras constitui um dos principais problemas fitossanitários para a cultura (Silvério et al., 2015).

Essa doença tem como agente etiológico o fungo *A. caricae*, um hifomiceto cercosporoide que tem conidióforos curtos de cor olivácea, com ausência de ramificações, em esporodóquios curtos. Seus conídios têm dimensões de 10-24 x 8-10 µm, são piriformes ou oblongos, escuros, equinulados e bicelulares, geralmente isolados (Menezes e Oliveira, 1993; Vivas, 2009; Holliday, 1980). A penetração pelo tubo germinativo se dá através dos estômatos e os sintomas iniciam-se de 8 a 10 dias após a inoculação, sendo o período latente variável de 18 a 21 dias (Stevens, 1939, citado por Holliday, 1980).

Há relatos na literatura que mostram que o fungo apresenta características biotróficas, pois causa lesões foliares puntiformes, sendo capaz de esporular ainda em tecido vivo, bem como em necroses, havendo dificuldade de seu cultivo *in vitro*, lentidão de crescimento, manutenção da colônia e esporulação *in vitro* (Chambers, 1978; Chambers e Rijkenberg, 1987; Vivas, 2014). Entretanto, resultados obtidos por Silva (2010) contestam o biotrofismo, já que o fungo é capaz de crescer em muitos meios de cultura de rotina. Os conídios de *A. caricae* sobrevivem em folhas e frutos doentes que ficam presos à planta ou naturalmente caídos no solo, podendo ser disseminados a curtas distâncias por respingos de chuva ou de água de irrigação, e a longas distâncias pelo vento (Rezende & Martins, 2005). As folhas verdes, amarelas e secas são potenciais fontes de inóculo do fungo. A sobrevivência e a viabilidade dos conídios tanto em folhas como em restos culturais devem ser consideradas agentes desencadeadores de epidemias (Lima et al., 2012).

*Asperisporium caricae* atinge severamente folhas, afetando o vigor da planta, e as lesões predisõem os frutos verdes a infecções secundárias por

patógenos de pós-colheita, principalmente *Colletotrichum* spp. (Ventura et al., 2003).

Os sintomas são mais evidentes na superfície abaxial das folhas, onde ocorre a frutificação do fungo, com a formação de pústulas negras que causam amarelecimento na região correspondente à superfície adaxial das folhas, seguido de lesões necróticas arredondadas de coloração cinza clara sobre a folha (Lima et al., 2012).

As folhas mais velhas são a principal fonte de inóculo e onde a doença se manifesta primeiro, com posterior disseminação para as folhas mais novas (Oliveira et al., 2011). Nesse órgão, ocorre a deposição de massa fúngica negra, que consiste em numerosos esporos hipófilos de cor marrom escuro a preto (Thiribhuvanamala et al., 2016).

Os fatores climáticos, além de interferirem no desenvolvimento da planta, afetam a incidência e a severidade das doenças, especialmente aquelas de natureza fúngica como a pinta-preta. Os frutos podem ser infectados quando ainda verdes e pequenos, e os primeiros sintomas correspondem a áreas com lesões circulares de aspecto encharcado, com pontos esbranquiçados em seu centro, os quais, posteriormente, tornam-se pardacentos e salientes e, à medida que os frutos se desenvolvem, as lesões tornam-se maiores e mais escuras (Oliveira et al., 2011; Filho et al., 2007; Suzuki et al., 2007). Tais lesões estomáticas depreciam o valor comercial dos frutos, ao passo que, com a evolução da doença, as manchas aquosas tornam-se escuras, podendo coalescer e tomar grande parte de sua superfície. Embora as lesões sejam epidérmicas, sem chegar a afetar a polpa, tornam-se deprimidas e podem afetar a parte interna ou facilitar a colonização por outros fungos (Lima et al., 2012). De acordo com dados de Suzuki et al. (2007), as condições favoráveis ao desenvolvimento de epidemias de pinta-preta na região norte do Estado do Espírito Santo são temperaturas variando de 25°C a 30°C umidade relativa de 80% a 100%, com pico da doença nos meses de novembro a março.

Entre as principais medidas de controle da pinta-preta do mamoeiro, está o controle químico, com a aplicação de fungicidas sistêmicos e protetores. Recomenda-se, ainda, a retirada de folhas doentes para redução do inóculo do patógeno no campo, a qual pode ser simultânea à desbrota, geralmente feita 30 dias pós-plantio (Martins e Costa, 2003). Dada a agressividade do patógeno, faz-

se necessário que, tanto em mamoeiro do grupo Formosa como do grupo Solo, o manejo da doença seja contínuo nos períodos mais favoráveis à ocorrência da doença (Lima et al., 2012).

Entretanto, o controle químico, além de não possibilitar o controle de tal patógeno a campo de forma realmente efetiva, tem baixa sustentabilidade, em razão dos potenciais efeitos danosos ao homem e ao meio ambiente (Sasaki et al., 2018) e do surgimento de patótipos resistentes a fungicidas no campo (Bonaterra et al., 2012), além de ser uma prática onerosa. O mercado internacional é bastante exigente quanto à presença de resíduos não permitidos, além de estar buscando cada vez mais produtos livres de agroquímicos. Além disso, como não há controle químico efetivo para a pinta-preta, e materiais resistentes entram como a melhor estratégia para controle, podendo ser utilizados em conjunto com tecnologias de monitoramento, com o objetivo de reduzir o número de aplicações e o custo de produção.

### **3.4 Programas de melhoramento genético do mamoeiro no Brasil**

No Brasil, o Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária Embrapa – (Centro Nacional de Mandioca e Fruticultura) e a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF estão entre as principais instituições de pesquisa que desenvolvem trabalhos para o melhoramento genético do mamoeiro (Barros, 2015). Implementado em 1996, o programa de melhoramento do mamoeiro da UENF desenvolvido em parceria com a empresa capixaba Caliman Agrícola S/A tem como principal objetivo o desenvolvimento de genótipos superiores capazes de contribuir expressivamente com o desenvolvimento do agronegócio do mamão no país (Pereira et al., 2019).

Desde a sua implementação, o programa de melhoramento genético do mamoeiro da UENF já atingiu resultados bastante significativos, com impactos muito positivos tanto para o produtor como para o mercado consumidor, destacando-se ao possibilitar a oferta de novas opções de tamanho, qualidade, produtividade e resistência, com o registro de 21 híbridos no Registro Nacional de Cultivares (RNC).

A conversão sexual do genótipo dioico 'Cariflora' também representa uma grande conquista do programa de melhoramento genético do mamoeiro da UENF. Esse genótipo tem excelente capacidade combinatória para diversas características agrônômicas, mas, por ser um genótipo dioico, impossibilita a produção de novas linhagens e híbridos (Marin, 2001).

A parceria UENF-CALIMAN proporcionou o desenvolvimento do primeiro híbrido de mamão registrado no Brasil recomendado aos agricultores, o 'UENF/CALIMAN 01'. Registrado junto ao MAPA em 2003, ele tem sido produzido em diferentes regiões do país. A instituição também lançou, nesse mesmo ano, outros oito híbridos: 'UENF/CALIMAN 02', 'UENF/CALIMAN 03', 'UENF/CALIMAN 04', 'UENF/CALIMAN 05', 'UENF/CALIMAN 06', 'UENF/CALIMAN 07', 'UENF/CALIMAN 08' e 'UENF/CALIMAN 09'.

Iniciado em 2007, o programa de retrocruzamento com o intuito de promover a sua conversão sexual de dioico para ginoico-andromonoico, pela incorporação da região responsável pelo hermafroditismo, possibilitou a obtenção de linhagens de diferentes populações de retrocruzamentos, as quais são hoje genitoras elite dos novos híbridos registrados no RNC (Silva et al., 2007; Pereira et al., 2019).

Damasceno Junior et al. (2009) estudaram a natureza reprodutiva e citológica e determinaram o cariótipo da forma cultivada (*Carica papaya*) e das espécies silvestres relacionadas, *Vasconcellea monoica* e *V. cundinamarcensis*. Também foi desenvolvido outro trabalho para determinar o cariótipo das espécies *Vasconcellea cauliflora*, *Vasconcellea goudotiana* e *Vasconcellea quercifoli* (Freitas Neto, 2010).

Em 2014, mais quatro híbridos ('UC10', 'UC12', 'UC14' e 'UC16') foram lançados e, em 2018, oito novos híbridos (UC 20', 'UC 21', 'UC 22', 'UC 23', 'UC 24', 'UC 25', 'UC 26', 'UC 27' e 'UC 28'), que correspondem aos primeiros híbridos do grupo Solo do Brasil (Poltronieri et al., 2019; Pereira et al., 2018).

Os principais resultados obtidos pelo programa também envolvem: estudos sobre a natureza reprodutiva e citológica; análise genética de médias e variâncias de gerações; desenvolvimento de populações segregantes, com destaque para a conversão sexual do genótipo dioico Cariflora; pioneirismo na utilização de seleção recorrente para a cultura, com perspectiva de sucesso na obtenção de genótipos superiores; fenotipagem assistida por imagens digitais;

determinação sexual e sexagem molecular precoce; estudos em análise genômica; e melhoramento visando à resistência a doenças (Pereira et al., 2019).

### **3.5 Melhoramento genético para resistência a doenças**

Os programas de melhoramento do mamoeiro têm por finalidade melhorar características morfoagronômicas (atributos de qualidade), incluindo vigor, frutificação precoce, baixo porte das plantas, ausência ou ocorrência mínima de carpeloidia, pentandria e esterilidade de verão, alta produção, uniformidade do tamanho do fruto, polpa espessa e cavidade ovariana pequena, alto teor de sólidos solúveis, longevidade dos frutos na pós-colheita e, ao mesmo tempo, resistentes às principais pragas e doenças que atingem a cultura (Luna, 1986; Giacometti e Ferreira, 1988).

Esse aspecto constitui um grande desafio para os melhoristas de plantas, já que estas características almeçadas não têm sido encontradas em um único genótipo. Assim, no direcionamento dos cruzamentos em programas de melhoramento, é preciso identificar potenciais genitores na coleção de germoplasma para combinar alelos relacionados a características de importância econômica (Dias et al., 2011).

O Brasil sempre teve dependência externa de germoplasmas melhorados de mamão, fator que contribuiu para que houvesse maior interesse no desenvolvimento de programas de melhoramento genético que visassem a reduzir esse impasse, tendo possibilitado a redução de tal dependência. Atualmente, mesmo com os avanços obtidos na engenharia genética, o melhoramento clássico permanece sendo fundamental no processo de desenvolvimento e de manutenção de variedades com características superiores (Costa, 2003).

Apesar da grande importância econômica do mamoeiro, os sistemas de produção de mamão são baseados em um número reduzido de variedades, o que contribui para uma estreita base genética, acarretando uma restrita variabilidade genética e uniformidade dos plantios comerciais, podendo resultar em maior vulnerabilidade a variações edafoclimáticas, pragas e doenças, bem como o comprometimento da sustentabilidade da cultura, limitando sua

expansão, tornando indispensável a busca por variabilidade genética (Dias et al., 2011; Oliveira et al., 2010; Pinto et al., 2013).

Com o intuito de transpor esta problemática, uma alternativa viável é ampliar a base genética do mamoeiro através de programas de melhoramento usando hibridações (Marin, 2001). E para que possa ser explorada de modo eficiente a variabilidade genética disponível na cultura, é fundamental conhecer as relações genéticas entre os genótipos a serem utilizados em cruzamentos para a etapa de tomada de decisão na etapa de seleção de híbridos superiores.

O mamoeiro é uma espécie reconhecidamente susceptível a diversas pragas e doenças que afetam a produtividade e a qualidade dos frutos (Zhu e Jia, 2016). Na UENF, os trabalhos com foco na temática da resistência a doenças foram iniciados em 2006, com avaliação de doenças foliares ocasionadas por fungos (Terra et al., 2008).

O emprego de variedades resistentes é uma das estratégias mais eficazes para controlar doenças em plantas pela sua economicidade, baixo impacto ambiental, além de ser uma metodologia de fácil adoção pelos agricultores (Borrelli et al., 2018)

A resistência genética é uma característica inerente à planta hospedeira. Os genótipos resistentes têm genes que conferem capacidade de reduzir, retardar ou impedir o desenvolvimento de um patógeno e/ou doença, portanto, capaz de reduzir o desenvolvimento dos sintomas, o progresso das epidemias e, conseqüentemente, os danos devidos a doenças (Shew & Shew, 1994; Carvalho & Barcellos, 2012).

Dado o dinamismo intrínseco do patossistema, o sucesso de um programa de melhoramento para obtenção de resistência durável pressupõe a necessidade de variabilidade genética com fontes de resistência disponíveis, implementação de estratégias eficientes de seleção, somadas a um processo eficiente de melhoramento, de modo a considerar outros caracteres agrônômicos relevantes, tanto para o melhorista como para o agricultor, bem como os mecanismos que permeiam a herança da resistência (Brown, 2015). Desse modo, após conhecer tal diversidade genética, é possível explorá-la para a obtenção de genótipos com características fenotípicas de interesse.

O melhorista de plantas deve atuar no sentido de definir para quais doenças a seleção para resistência será conduzida, pois, dado um tamanho fixo

da população, cada característica adicional reduz a intensidade de seleção para outras características, além do fato de programas de melhoramento genético terem alta demanda por recursos financeiros. Essa decisão deve ser orientada pelas perdas ocasionadas pela doença, pela sua importância para o produtor, pela existência de medidas alternativas para o controle da doença, pela disponibilidade de fontes de resistência e também pela sua durabilidade (Miedaner & Korzun, 2012).

Do mesmo modo, é necessário compreender as interações planta-patógeno e a forma como esse conhecimento pode ser aplicado em estratégias de melhoramento visando à uma resistência durável e efetiva, uma questão sempre presente (Thurow et al., 2018). A partir do modo como ocorrem as interações patógeno-hospedeiro-ambiente tem-se a consequente resistência ou susceptibilidade à doença, que pode ser identificada como o nível de incidência e de severidade da doença (Pípolo et al., 1993). Frente às distintas reações aos ataques de patógenos, pode-se comparar o desempenho de determinado genótipo com o desempenho de outro genótipo da mesma espécie, caracterizando-o como resistente (Sikora et al., 2005). A resistência a doenças é resultado de um complexo fenômeno biológico decorrente de interações patógeno-hospedeiro-ambiente.

O conhecimento acerca da variabilidade genética de um dado fitopatógeno é indiscutivelmente relevante para o desenvolvimento de materiais resistentes, pois, com o surgimento de novas raças, pode haver quebra da resistência conferida por um determinado gene, impossibilitando a durabilidade da resistência (Oliveira, 2015).

A resistência genética em plantas pode ser caracterizada pelo número de genes que governam suas reações de defesa frente ao ataque de patógenos. Quando um único gene é responsável por evitar o estabelecimento de relações entre hospedeiros e patógenos, a resistência é monogênica, quando são poucos genes envolvidos, é oligogênica, e poligênica quando vários genes são responsáveis (Maciel e Danelli, 2018).

Os genes de resistência são responsáveis por ativar o sistema de defesa da planta, capazes de retardar ou evitar a invasão do fitopatógeno (Hammond-Kosack e Kanyuka, 2007; Hogenhout et al., 2009). A resistência também pode ser classificada em outras duas categorias: resistência qualitativa e resistência

quantitativa, a primeira é controlada por um gene principal (ou genes R) e a segunda é condicionada por vários genes com efeitos menores (Poland et al., 2009).

A resistência qualitativa, de modo geral, refere-se a uma reação hipersensível que governa um nível muito alto de resistência, podendo ser uma resistência completa e de fácil trabalho para avaliação em fase de plântula. Entretanto, este tipo de resistência pode perder sua eficácia caso ocorram mudanças rápidas nas populações de patógenos (Miedaner & Korzun, 2012). Como a resistência qualitativa se refere a um nível completo ou alto de resistência, ou a uma segregação bimodal de fenótipos em uma progênie, notam-se duas classes distintas de fenótipos, com indivíduos resistentes ou indivíduos susceptíveis (Pilet-Nayel et al., 2017), podendo ser específica a raças do patógeno (Vanderplank, 1963).

Já a resistência quantitativa é controlada por múltiplos genes de efeito menor na planta, sendo normalmente poligênica, cada um dos genes atuando quantitativamente para a constituição da resistência parcial, podendo ser influenciados pelo ambiente e entre si. Assim, há diminuição na severidade de sintomas e/ou no progresso das epidemias ao longo do tempo e menor pressão de seleção contra as distintas raças de patógenos, tendendo a ser uma resistência mais durável que a resistência mediada por genes R (Clair, 2010; Niks et al., 2015; Parlevliet, 2002). Nesse caso, o fenótipo pode ser associado ao número de QTLs (*Quantitative traits loci*) envolvidos no fenótipo de resistência, o que demanda muitas alterações na população de patógenos para que eles consigam superar a resistência (Young, 1996; Clair, 2010; Van Der Plank, 1982).

A resistência quantitativa retarda o desenvolvimento da epidemia no campo (Parlevliet, 1978), sendo caracterizada pela redução da intensidade da doença nos fenótipos susceptíveis, mas não sua ausência, configurando uma resistência incompleta.

Além de corresponder a um nível incompleto ou parcial do fenótipo, a resistência quantitativa também pode se referir a uma distribuição contínua entre fenótipos resistentes e fenótipos susceptíveis em uma progênie, mais frequentemente como resultado da segregação de alelos com efeitos variáveis em diversos *loci*. Frequentemente, ao reduzir a multiplicação do patógeno, a colonização da planta e/ou os sintomas de severidade, ela confere um nível

parcial de resistência (Pilet-Nayel et al., 2017).

Na maioria dos patossistemas, a resistência é poligênica ou de caráter quantitativo, geralmente envolvendo uma série de genes com efeitos diferenciados, associados a um pronunciado efeito do ambiental, o que conduz a uma variação fenotípica contínua na reação do hospedeiro, com variação contínua de fenótipos (Alzate-Marin et al., 2005).

Genes de resistência encontrados em linhagens e/ou cultivares de alto potencial produtivo são os mais visados por apresentarem a vantagem de já serem adaptados, terem características agronômicas favoráveis e baixa frequência de alelos indesejáveis (Throw et al., 2018). Portanto, a melhor fonte de resistência são as variedades adaptadas e com alto potencial produtivo. Já cruzamentos envolvendo genitores distintos são utilizados para obter materiais com maior variabilidade genética e então avaliar os indivíduos segregantes, com posterior seleção dos melhores genótipos ou visando à exploração da heterose ou vigor-híbrido, o que permite a exploração de diferentes interações e efeitos gênicos complementares, de efeito aditivo ou epistático (Pinto et al., 2013).

Dispor de fontes adequadas de genes de resistência é pré-requisito básico para o desenvolvimento de cultivares mais resistentes a microrganismos fitopatogênicos. A escolha criteriosa dos genitores a serem recombinados (cruzados) é de suma importância, ao passo que, para as plantas cultivadas, é possível recorrer a quatro importantes grupos de fontes de resistência: cultivares elite, coleções de germoplasma, espécies ou acessos silvestres. O melhoramento de plantas visando à obtenção e à utilização de cultivares resistentes requer a identificação de fontes de resistência disponíveis, a seleção do método de melhoramento para incorporação da resistência em cultivares comerciais, bem como as melhores estratégias de incorporação destes genes de resistência (Thurow et.al., 2018).

### **3.6 Melhoramento visando à resistência à pinta-preta na cultura do mamoeiro e modelagem mista**

O germoplasma de mamoeiro se mostra moderado a uma alta variação fenotípica para características morfológicas como formato e tamanho das folhas, tipos de inflorescências e flores, forma e tamanho dos frutos, bem como reação a

pragas e doenças (Prakash et al., 2018).

Um aspecto de grande relevância para a compreensão da resistência genética é a obtenção do patógeno em cultura pura, que também é imprescindível nos estudos morfológicos, taxonômicos, reprodutivos e fisiológicos, assim como nos testes de patogenicidade e sensibilidade a fungicidas. Contudo, para *A. caricae* não existem metodologias estabelecidas para produção de inóculo in vitro, o que dificulta a ampliação de dados sobre a biologia desse fungo.

Embora a pinta-preta do mamoeiro tenha grande importância econômica, a ciência ainda não elucidou a variabilidade genética de *A. caricae* (Oliveira, 2015). Também ainda não dispõe de estudos consistentes sobre a patogênese de *A. caricae* e são poucos os dados relativos ao seu mecanismo de infecção e à dinâmica de germinação de seus esporos nas folhas de mamoeiro.

Além disso, para a pinta-preta do mamoeiro, ainda não há cultivares resistentes capazes de viabilizar o uso da resistência genética como único método de controle da doença. Entretanto, diversos estudos têm sido conduzidos com o intuito de identificar genótipos resistentes às principais doenças fúngicas foliares do mamoeiro (Vivas et al., 2011, 2012; 2013a, 2012b, 2012c, 2015; Poltronieri et al., 2017; Kuhlcamp et al., 2018; Moraes et al., 2019).

Ao proceder a uma avaliação fenotípica de 24 progênies de meios-irmãos de mamoeiros oriundas de genótipos dioicos, Vivas (2012) verificou, pela estimativa dos parâmetros genéticos, que houve variabilidade genética suficiente para indicar a seleção recorrente como método de melhoramento para resistência à pinta-preta e apontou as progênies 'STA-02', 'STA-04', 'STA-08', 'STA-13', 'STA-15' e 'STA-16' como promissoras, por reduzirem a severidade de tal doença em folhas de mamoeiro. Em outro estudo que visou a investigar a resistência à pinta-preta em folhas de genótipos do grupo 'Solo' ('Waimanalo', 'Golden', 'Sunrise Solo 72-12' e 'São Mateus') e do grupo 'Formosa' ('Maradol', 'JS12-N', 'JS12-4' e 'Sekati'), constatou-se que todos os híbridos resultantes dos cruzamentos dentro do grupo 'Formosa' não superaram as médias de seus genitores, provavelmente pela pouca distância genética entre os genitores, enquanto os híbridos resultantes dos cruzamentos do grupo 'Solo' resultaram em híbridos com maiores níveis de resistência (Vivas et al., 2012b).

Em outro experimento que visou a avaliar genótipos testadores, SS-72/12 (grupo Solo) e JS-12 (grupo Formosa), para obtenção de híbridos

resistentes à pinta-preta em folhas e frutos, mancha-de-phoma em folhas e mancha-chocolate em frutos de mamoeiro, Vivas e colaboradores (2011) estimaram a capacidade combinatória para seleção de híbridos resistentes. De acordo com os dados obtidos, os híbridos JS 12 x Sunrise Solo, JS 12 x Kapoho Solo PV, Americano x Caliman M5, Americano x Sunrise Solo, Americano x Baixinho de Santa Amália, Americano x Waimanalo, Maradol x Caliman G, Maradol x Caliman AM e Maradol x Sunrise Solo PT apresentaram valores negativos de capacidade combinatória para todas as características analisadas. Quanto à incidência, os híbridos que apresentaram menores valores foram Americano x Waimanalo, Sekati x JS-12, Maradol x Taiwan et e Maradol x Caliman G e as menores severidades foram observadas em Calimosa x Tailândia, Calimosa x Maradol, Sekati x Caliman AM e Sekati x JS 12.

Com o uso de análise multivariada, foi analisada a resistência simultânea do mamoeiro às doenças foliares míldio, mancha-de-phoma e pinta-preta, tendo sido observada significativa variabilidade entre os genótipos, com resistência incompleta para os genótipos para essas doenças foliares, tendo os genótipos Americano, STZ 23 PL, Maradol, Maradol GL, JS 11, Caliman SG, Caliman AM, Sekati, Sekati FLM, Waimanalo, Papaya 46, Tailândia e SH 12-06 expressado potencial como fonte de resistência às doenças estudadas (Vivas et al., 2015).

Poltronieri (2018), ao estimar a capacidade específica de combinação de linhagens com seus respectivos testadores quanto à resistência à pinta-preta e à mancha-de-phoma, verificou que os híbridos SS 72/12x9, Sekati x 1 e JS-12 X 17 são promissores para a seleção de genótipos com resistência à pinta-preta, em folhas e em frutos, e apenas em frutos, os híbridos SS 72/12 X 2, Sekati x 2 e JS-12 X 1.

Em estudo da resistência a doenças, a combinação híbrida mais favorável é aquela que apresenta estimativas negativas de capacidade específica de combinação, portanto, com menores quantidades de folhas e frutos doentes (Poltronieri, 2018).

Em trabalho para investigar a resistência de genótipos de mamoeiro com relação à resistência à pinta-preta e à podridão do pé em variedades do grupo Solo e do grupo Formosa, cinco do grupo Formosa e quatro do grupo Solo, Dianese et al. (2007) avaliaram a severidade da pinta-preta em frutos e folhas e verificaram a existência de variabilidade genética tanto em folhas como em frutos.

O genótipo Sekati apresentou menor valor médio de severidade de pinta-preta nas folhas. Para os frutos, o genótipo Tailândia Roxão (Grupo Formosa) exibiu a menor reação à doença, mas sem diferir estatisticamente de outros cinco genótipos avaliados (Golden, NT Red, Baixinho de Santa Amália, Tailândia Verde e Sekati).

Ao avaliarem a resistência à mancha-de-phoma e à pinta-preta no genótipo hermafrodita M3 de mamoeiro, em três épocas distintas, Pirovani et al. (2018) verificaram o mesmo desempenho que o genótipo resistente Maradol, tanto para as variáveis avaliadas em fruto como para as características avaliadas em folhas.

Para Vivas et al. (2013b), a redução da severidade de pinta-preta tanto em folha como em fruto de mamoeiro é governada por genes dominantes, com ao menos um gene ou bloco gênico com dominância para característica que confere resistência à pinta-preta em folha e em fruto. Esses autores também constataram que a severidade da pinta-preta em folha e em fruto apresenta dominância completa, além de terem identificado o genitor Sekati como aquele que apresentou a maior concentração de alelos favoráveis para a redução da severidade de pinta-preta em folha e em fruto.

Poltronieri (2018), ao identificar locus e determinar a localização genética e a ação gênica de QTL associadas à resistência à pinta-preta e à mancha-de-phoma em mamoeiro, concluiu que a resistência a essas doenças é de natureza poligênica, com predominância de efeitos de sobredominância.

Como não existem variedades comerciais de mamoeiro que exibam resistência total ou completa, sugere-se que possam existir componentes ou genes com efeitos aditivos para tal característica nessa cultura, de modo que os cruzamentos são utilizados como uma ferramenta para tentar obter híbridos com maiores níveis de resistência com efeitos de complementação gênica e com efeito heterótico quanto à resistência a doenças (Poltronieri, 2018).

São de extrema relevância a condução de estudos que possibilitem uma resistência durável e efetiva. As descobertas feitas até o momento indicam que efeitos gênicos aditivos, além daqueles de dominância e epistasia, estão envolvidos no controle das características relacionadas à incidência e à severidade de doenças foliares em mamoeiro e, conseqüentemente, na resistência a tais fitodoenças (Vivas et al., 2012c, 2012d, 2014b, Poltronieri et al.,

2017).

A eficiência das ações de melhoramento genético vegetal implica a necessidade de conhecer a natureza e a intensidade das variações de origem genética e ambiental (Dias et al., 2011). Embora existam alguns progressos no que tange ao estudo da resistência à pinta-preta na cultura do mamoeiro, faz-se necessário maior conhecimento acerca dos parâmetros genéticos que refletem a variabilidade genética da população estudada quanto à resistência a essa doença, das diferentes populações utilizadas em programas de melhoramento que visam à obtenção de cultivares resistentes (Kuhlcamp et al., 2018).

No que tange à avaliação da resistência a doenças em plantas, é fundamental a avaliação da expansão da lesão em uma folha, desde seu aparecimento até a ampliação, ou seja, seu tamanho. Essa avaliação pode ser utilizada na seleção de materiais resistentes ao ataque de diversos patógenos (Johnson e Taylor, 1976; Berger et al., 1997), sendo fundamental para a resistência em plantas (Johnson e Taylor, 1976).

A quantificação de doenças pode ser uma ferramenta para a caracterização da resistência varietal. Ela pode ser estimada principalmente pela incidência e pela severidade (Laranjeira et al., 2005). Para quantificar doenças foliares, a variável severidade é a mais apropriada, e a variável incidência, a de maior simplicidade e precisão (Amorim, 1995).

A fitopatometria, também denominada quantificação de doenças de plantas, é uma das mais importantes técnicas da fitopatologia e visa a avaliar os sintomas causados pelos agentes patogênicos em plantas e seus respectivos sinais (estruturas dos patógenos associados aos tecidos doentes), possibilitando avaliar a resistência de genótipos aos patógenos, o que constitui um de seus principais objetivos (James, 1974; Moraes, 2007). Para tal técnica, a severidade é um método mais preciso se comparado à incidência, visto que permite mensurar o grau de danos presentes na planta decorrentes da ação do patógeno, além de caracterizar melhor o nível de resistência à doença e expressar sua intensidade (Amorim e Bergamin Filho, 2011).

Além disso, é importante para o processo de seleção de materiais com características superiores que os trabalhos de avaliação de resistência a doenças sejam acompanhados de estimativas de parâmetros genéticos que permitam conhecer a estrutura genética da população analisada, assim como a

variabilidade genética quanto às características de interesse, de modo a subsidiar a predição dos ganhos genéticos e o sucesso do programa de melhoramento (Vivas et al., 2018). Por outro lado, para a incidência, os resultados são reprodutíveis, independentemente do avaliador.

Em estudo de resistência a doenças, estimativas de parâmetros genéticos como variâncias, coeficientes de variação, herdabilidade, correlações genotípica, fenotípica e ambiental possibilitam conhecer a magnitude da variabilidade genética de uma população e os ganhos de seleção (Silva et al., 2016). Estas estimativas permitem ainda identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para a obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada nas populações (Souza Júnior et al., 2007).

Tendo como base estudos de correlação, é possível conhecer o grau de associação entre caracteres. Se o estudo ocorrer com genótipos fixos, tal associação é estimada com base em coeficientes de determinação. Se a correlação (ou coeficiente de determinação para efeitos fixos) entre caracteres for estimada diretamente ao nível de um experimento, sua natureza é fenotípica, e tem natureza ambiental e genética. Entretanto, apenas a correlação genotípica, que corresponde à porção genética da correlação fenotípica, é a única cuja natureza é herdável, sendo, portanto, utilizada para orientar programas de melhoramento de plantas (Carvalho et al., 2011).

Baixos valores de herdabilidade podem ser decorrentes de um grande número de genes controlando o caráter, do fato de a variação da característica ter expressiva influência do ambiente ou do erro experimental e/ou porque as diferenças relativas entre os genótipos dependem da interação genótipo x ambiente (Flint-Garcia et al., 2005). A partir dos coeficientes de variação genotípico e fenotípico, é possível detectar a quantidade de variabilidade genética presente numa população de trabalho (Yadagiri et al, 2017).

A utilização da metodologia dos modelos mistos ainda é pouco explorada para a cultura do mamoeiro. Os dados presentes na literatura envolvem seu uso na estimativa de parâmetros genéticos e valores genotípicos em populações segregantes para seleção para caracteres morfoagronômicos como comprimento e peso do fruto, sólidos solúveis totais e firmeza do fruto (Oliveira et al., 2012;

Pinto et al., 2013), para a redução da mancha-fisiológica (Pinto et al., 2013), para seleção dentro de progênies de retrocruzamentos de mamoeiro para características morfoagronômicas (Ramos et. al, 2014), para estimativas dos componentes de variância e o valor genético de progênies de mamoeiro para incidência e severidade de mancha-de-phoma (Vivas et al., 2014b) e para a seleção de linhagens F4 de mamoeiro para resistência à pinta-preta e à mancha-de-phoma (Poltronieri, 2018).

Na seleção de genótipos via modelos mistos, o procedimento REML/BLUP deve ser o preferido para a estimação/predição no melhoramento de plantas perenes, cujos experimentos, em geral, geram dados desbalanceados (Resende e Farias Neto, 2001).

### **3.7 Melhoramento visando à resistência à pinta-preta na cultura do mamoeiro e capacidade combinatória**

O emprego de cruzamentos dialélicos é usado para expressar um conjunto de híbridos resultante do cruzamento entre um grupo ou dois grupos de genitores com o intuito de obter o maior número possível de combinações. Com sua análise, podem ser feitas estimativas sobre a heterose, capacidade específica de combinação e o estudo do controle genético dos caracteres (Hayman, 1954a, b; Griffing, 1956; Gardner e Eberhart, 1966). Entretanto, existem restrições no que tange ao uso dos cruzamentos dialélicos, sobretudo em relação ao número de cruzamentos que devem ser feitos quando há um grande número de genitores envolvidos, além das dificuldades operacionais sob condições de campo, com nível desejável de precisão experimental, tornando o processo mais oneroso (Freitas Júnior et al., 2006; Ramalho et al., 1993).

Assim, com o aumento do número de genótipos a serem testados, este delineamento estatístico se torna progressivamente inviável devido ao elevado número de cruzamentos, então recomenda-se o uso de testadores para a obtenção das medidas de capacidade combinatória (Hallauer e Lopez-Perez, 1979).

Para cultura do mamoeiro, o estudo da capacidade combinatória é um dos métodos de melhoramento mais utilizados, consistindo em reunir genótipos em um mesmo local e fazer a seleção daqueles que apresentam características

mais desejáveis para serem utilizadas nos cruzamentos (Storey, 1953).

A capacidade geral de combinação e a capacidade específica de combinação podem ser diferenciadas de acordo com a natureza da ação gênica envolvida. A capacidade geral de combinação está relacionada a genes de efeitos predominantemente aditivos, além de efeitos de dominância e outras interações epistáticas do tipo aditivo-aditivo. Por outro lado, a capacidade específica de combinação está ligada aos efeitos de dominância e de outras interações epistáticas. No entanto, estes últimos efeitos são considerados de pequena magnitude, portanto, desconsiderados para efeito da análise (Vencovsky e Barriga, 1992).

A capacidade geral de combinação (CGC) refere-se ao comportamento médio de uma linhagem em uma série de combinações híbridas, e a capacidade específica de combinação (CEC) refere-se ao comportamento de duas linhagens quando cruzadas entre si (Vencovsky, 1970).

As estimativas da CGC possibilitam vislumbrar a concentração de genes capazes de ocasionar efeitos aditivos sobre a característica almejada, indicando os melhores progenitores em um programa de melhoramento que visa ao desenvolvimento de novas variedades. Quanto mais altas forem tais estimativas, sejam elas positivas ou negativas, determinado parental será considerado superior ou inferior aos demais incluídos no dialelo (Cruz et al., 2014).

Para variáveis agronômicas, a combinação híbrida mais favorável deve ser aquela que apresentar maior estimativa de capacidade específica de combinação e que seja resultante de um cruzamento em que pelo menos um dos parentais tenha elevada capacidade geral de combinação para variáveis agronômicas (CRUZ et al., 2012). Para o estudo de resistência, a combinação híbrida mais favorável deve ser, portanto, aquela que apresentar estimativas negativas de capacidade específica de combinação, ou seja, com menores quantidades de folhas e frutos doentes. Em se tratando de resistência à pinta-preta do mamoeiro, cultura que não apresenta materiais completamente resistentes à doença, o melhorista busca utilizar parentais que têm genes que se complementam de modo a possibilitar híbridos com menores quantidades de doença, logo, com maior resistência.

Assim, em programas de melhoramento de plantas é fundamental conhecer os componentes da capacidade combinatória para a escolha de

genitores geneticamente divergentes utilizados em esquemas de cruzamento, principalmente quando o objetivo é identificar híbridos promissores e/ou desenvolver linhagens superiores a partir destes componentes (Marchesan, 2008; Ramalho et al., 1993).

### **3.8 Parâmetros genéticos**

A estimativa de parâmetros genéticos desempenha importante papel preditivo para o direcionamento de programas de melhoramento no processo de seleção dos genótipos mais promissores (Bárbaro, 2006).

Os parâmetros genéticos são importantes ferramentas que possibilitam conhecimento mais amplo dos caracteres estudados em programas de melhoramento.

De posse dos componentes de variância de uma população, podem ser estimados os parâmetros genéticos, de modo que os fenótipos de cada indivíduo numa população estão sujeitos a variações ligadas ao caráter genético ou fenotípico com influência ambiental. O componente de variância  $\sigma^2$  é uma medida das fontes de variação não controláveis. Esse componente é geralmente denominado erro experimental ou variância de ambiente. O componente de variância  $\sigma_{ge}$  representa as diferenças entre fenótipos causadas pela interação genótipo x ambiente. O componente de variância  $\sigma_g$  é causado pelas diferenças genéticas entre os indivíduos (Borém e Miranda, 2013).

A estimativa de parâmetros genéticos como herdabilidade, coeficiente de variação genética, índice de variação e correlações genéticas permitem ao melhorista prever ganhos bem como antever a possibilidade de sucesso com a seleção, avaliar e orientar na escolha de estratégias mais eficientes de melhoramento (Falconer, 1987; Vencovsky, 1970 e Ramalho, 2000; Hamawaki et al., 2012).

Ao possibilitarem que parâmetros genéticos sejam conhecidos a priori, estudos de capacidade combinatória permitem a identificação de progenitores para hibridação e de híbridos com qualidades superiores, bem como auxiliam na identificação do método de seleção mais adequado (Cruz et al, 2014).

Estudos que permitem a estimativa dos parâmetros genéticos são fundamentais por fornecerem subsídios para os programas de melhoramento

genético por possibilitarem avaliar a eficiência das diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada (Cruz e Carneiro, 2014).

### **3.9 Heterose**

Heterose ou vigor híbrido é o incremento do vigor, da altura de planta, do conteúdo de carboidratos, da produtividade e da intensidade de outros fenômenos fisiológicos, decorrentes do cruzamento entre indivíduos contrastantes. Um híbrido expressa heterose quando é superior à média dos genitores e, do ponto de vista comercial, quando é superior ao melhor genitor (Borém e Miranda, 2013).

No caso da cultura do mamoeiro, embora se verifique diferença entre os materiais avaliados, mas não resistência total em genótipos comerciais que já tenham passado por ciclos de seleção, existe a possibilidade de os cruzamentos gerarem híbridos com maiores níveis de resistência a doenças fúngicas. Desse modo, é possível explorar a heterose ou vigor híbrido selecionando as melhores combinações híbridas.

A literatura mostra que até pouco tempo, a heterose não era explorada para tal cultura. No entanto, nas últimas décadas, o interesse por híbridos de mamoeiro vem crescendo, em razão da sua maior capacidade de produção e qualidade, unindo características favoráveis em duas linhagens, além da necessidade constante de compra de sementes para a obtenção de frutos de alta qualidade, sendo utilizada para características morfoagronômicas, qualidade fisiológica das sementes e resistência (Poltronieri, 2018).

De acordo com Poltronieri (2018), a exploração da heterose na cultura do mamoeiro para resistência permite ganhos genéticos significativos, pois possibilita identificar a ação de resistência dos híbridos em função dos parentais, além de permitir o aumento da variabilidade genética (Poltronieri, 2018).

Na presente pesquisa, avaliou-se o efeito heterótico (vigor híbrido) de 44 combinações híbridas de mamoeiro quanto à redução na incidência e na severidade da pinta-preta em folhas e frutos. Além disso, foram estimadas a capacidade específica de combinação de cada característica para cada testador e a heterose da cultivar padrão e valores genéticos.

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1 Material vegetal

Foram avaliados 44 híbridos F1, pertencentes ao Programa de Melhoramento UENF/CALIMAN, além de testemunhas para resistência (Maradol) e susceptibilidade (Sekati) à pinta-preta, e testemunhas para atributos de qualidade, uma cultivar representante do grupo - Solo (THB) , uma do grupo Formosa (UC10), além do híbrido comercial UENF/CALIMAN 01, padrão intermediário. Todas as combinações híbridas a serem avaliadas foram obtidas a partir de cruzamentos usando os seguintes genótipos como testadores, todos de base estreita: Aliança, Formosa brilhoso, São Mateus, Caliman SG, SS-72/12 e Sekati (Tabela 1). Como características desejáveis presentes nestes genótipos testadores: a cultivar Aliança está entre as principais variedades do grupo Solo cultivadas no Brasil, com relatos de maior vida útil de prateleira (Marin et al., 2018); o genótipo Fomosa brilhoso tem excelente qualidade pós-colheita do ponto de vista visual; o São Mateus é um genótipo elite do grupo Solo, com características superiores em termos de tamanho e aparência de fruto, além de poder contribuir para redução da altura de planta; o híbrido Caliman SG tem elevado potencial para tolerância à mancha fisiológica; a linhagem SS-72/12 pode ser utilizada quando se visa à obtenção de híbridos com menor peso de fruto (Marin et al., 2006); e a linhagem Sekati, que tem frutos grandes, ótima firmeza de polpa e teor de sólidos solúveis mediano, pode ser utilizada como fonte de espessura da polpa e para redução de altura de planta.

**Tabela 1** – Descrição dos híbridos testemunha para qualidade (THB, UC10 e Calimosa) e padrões de resistência e suscetibilidade (Maradol e Sekati).

<b>Genótipos/Híbridos</b>	<b>Observação</b>	<b>Genótipos/Híbridos</b>	<b>Observação</b>
Aliança X L-13	Híbrido 8	Formosa brilhoso X L-21	Híbrido 46
Aliança X L-16	Híbrido 38	Formosa brilhoso X L-22	Híbrido 10
Aliança X L-21	Híbrido 29	Formosa brilhoso X L-18	Híbrido 49
Caliman SG X L-01	Híbrido 24	São Mateus X L-01	Híbrido 22
Caliman SG X L-02	Híbrido 39	São Mateus X L-02	Híbrido 15
Caliman SG X L-04	Híbrido 13	São Mateus X L-04	Híbrido 48
Caliman SG X L-06	Híbrido 41	São Mateus X L-09	Híbrido 2
Caliman SG X L-09	Híbrido 37	São Mateus X L-10	Híbrido 1
Caliman SG X L-10	Híbrido 4	São Mateus X L-16	Híbrido 42
Caliman SG X L-13	Híbrido 17	São Mateus X L-17	Híbrido 9
Caliman SG X L-16	Híbrido 14	São Mateus X L-19	Híbrido 3
Caliman SG X L-17	Híbrido 27	São Mateus X L-18	Híbrido 21
Caliman SG X L-20	Híbrido 23	Sekati X L-01	Híbrido 16
Caliman SG X L-21	Híbrido 33	Sekati X L-04	Híbrido 7
Caliman SG X L-22	Híbrido 30	SS-72/12 X L-D05	Híbrido 18
Formosa brilhoso X L-01	Híbrido 40	SS-72/12 X L-D06	Híbrido 20
Formosa brilhoso X L-02	Híbrido 34	SS-72/12 X L-D08	Híbrido 32
Formosa brilhoso X L-04	Híbrido 47	SS-72/12 X L-LA08	Híbrido 31
Formosa brilhoso X L-09	Híbrido 19	SS-72/12 X L-D29	Híbrido 45
Formosa brilhoso X L-10	Híbrido 43	Calimosa	Genótipo 35
Formosa brilhoso X L-13	Híbrido 12	Maradol	Genótipo 5
Formosa brilhoso X L-16	Híbrido 6	Sekati	Genótipo 36
Formosa brilhoso X L-17	Híbrido 28	THB	Genótipo 11
Formosa brilhoso X L-19	Híbrido 26	UC10	Genótipo 44
Formosa brilhoso X L-20	Híbrido 25		

#### 4.2 Delineamento estatístico e condições experimentais

O experimento foi conduzido na fazenda Santa Terezinha, pertencente à empresa Caliman Agrícola S.A, localizada em Linhares/ES. Foi conduzido um ensaio de competição, que consistiu em 49 tratamentos, sendo 44 híbridos F<sub>1</sub>, uma testemunha para resistência (Maradol) e outra para susceptibilidade (Sekati)

à pinta-preta, e testemunhas para atributos de qualidade, uma cultivar representante do grupo Solo (THB), uma do grupo Formosa (UC10), além do híbrido comercial UENF/CALIMAN 01 (“Calimosa”), padrão intermediário.

Os genótipos foram avaliados utilizando um delineamento estatístico em látice (blocos incompletos) 7x7, com cinco repetições. As parcelas foram constituídas de 4 plantas em linha, com espaçamento de 3,6m entre linhas e 1,5 m entre plantas, com um total de 980 plantas. O semeio dos tratamentos foi feito no dia 25 de agosto de 2020 e o transplântio no campo, no dia 08 de outubro de 2020.

O delineamento em látice é interessante quando se necessita avaliar um grande número de tratamentos, com intuito de reduzir a heterogeneidade da área, quando não se pode prever se a área experimental é ou não homogênea (Ramalho; Ferreira; Oliveira, 2012).

Foram adotados os mesmos tratamentos culturais praticados na empresa, com sistema de irrigação do tipo gotejamento. Haja vista a presença do inóculo o ano todo no ambiente, não foi necessária inoculação artificial.

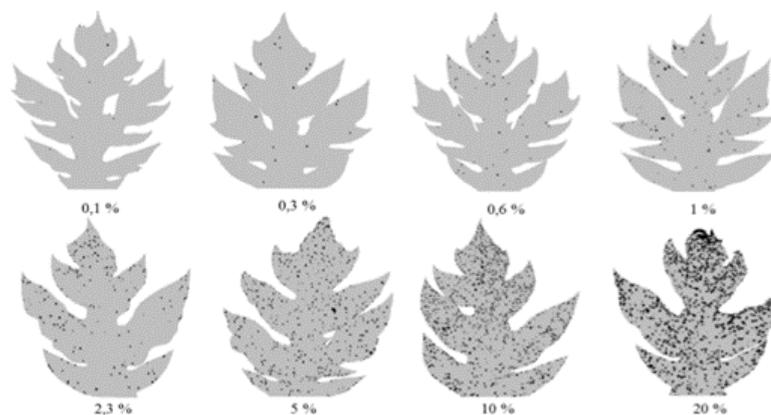
A ocorrência de problemas durante a condução do experimento impossibilitou a avaliação dos híbridos em três épocas distintas. Foi feita análise considerando as duas épocas de avaliação, abril e julho de 2021.

#### **4.3 Avaliação de pinta-preta causada por *Asperisporium caricae***

Com propósito de avaliar híbridos de mamoeiro quanto à resistência à pinta-preta, foram feitas avaliações nos meses de abril, julho e novembro de 2021, mas a última avaliação não foi utilizada em virtude de muitos problemas com a área, decorrentes da necessidade de controle do mosaico na área experimental. Foram avaliadas todas as plantas da parcela nos 35 blocos do experimento em látice, sendo obtida uma média por parcela. Foram mensuradas as seguintes características: severidade de pinta-preta na folha (SPPFo); severidade de pinta-preta no fruto (SPPFr); número total de folhas (NFoT); número de folhas com pinta-preta (NFoPP); número total de frutos (NFrT); incidência de pinta-preta na folha (IPPFo); e incidência de pinta-preta no fruto (IPPFr). Na primeira época não foi avaliada a severidade da pinta-preta nos frutos, pois eles não estavam no estágio adequado de maturação para esta avaliação.

A avaliação da severidade de pinta-preta na folha foi feita observando a folha cujo pecíolo apresentasse a primeira inflorescência recém-aberta, de

acordo com a metodologia apresentada por Francelino (2020), com porcentagem de área foliar lesionada, que varia de 0,1 a 20% (Figura 1).



**Figura 1.** Escala diagramática para avaliação de severidade de pinta-preta em folha de mamoeiro indicando os níveis de 0,1; 0,3; 0,6; 1,0; 2,3; 5,0; 10,0; 20,0% de superfície foliar lesionada (Francelino, 2020).

No caso dos frutos, a estimativa da severidade da doença foi feita verificando a porcentagem da área lesionada na face externa do fruto no primeiro estágio de maturação, estimada visualmente com auxílio de uma escala diagramática (Vivas et al., 2010). Para cada planta avaliada, observou-se o fruto em estágio zero de maturação.

O número total de folhas (NFoT) foi determinado pela contagem total de folhas presentes em cada planta, e o número de folhas com pinta-preta (NFoPP) foi determinado pela contagem de folhas com pinta-preta presentes em cada uma das plantas.

Quanto ao número total de frutos (NFrT), ele foi determinado pela soma da contagem de frutos comerciais, carpeloides e pentândricos presentes em cada planta de cada parcela. Do mesmo modo, o número de frutos com pinta-preta (NFrPP) foi determinado pela soma da contagem de frutos comerciais, carpeloides e pentândricos com pinta-preta presentes em cada planta.

Para a mensuração das variáveis número de folhas total e número de frutos total, utilizou-se o *software* ImageJ v1.50c, através do *Plugin Cell counter*. A contagem de folhas e frutos com pinta-preta foi feita no campo.

Para a obtenção das imagens em campo a serem analisadas com o ImageJ, foi utilizada uma câmera digital Sony DSCHX 300, compreendendo duas fotografias por planta.

A incidência de pinta-preta na folha (IPPFo) foi obtida pela relação entre o número de folhas com sintomas de pinta-preta e o número de folhas totais da planta, de acordo com a seguinte fórmula:

$$IPPFo = \left( \frac{\text{n}^\circ \text{ de folhas com pinta-preta}}{\text{n}^\circ \text{ folhas totais}} \right) \times 100$$

A incidência de pinta-preta no fruto (IPPFr) foi determinada pela relação entre o número de frutos com sintomas de pinta-preta e o número de frutos totais da planta, a partir da fórmula:

$$IPPFr = \left( \frac{\text{n}^\circ \text{ de frutos com pinta-preta}}{\text{n}^\circ \text{ frutos totais}} \right) \times 100$$

#### 4.4 Análises Estatísticas

As análises estatísticas das características de doença avaliadas foram feitas com o auxílio do programa SELEGEN (Resende, 2015). Foi utilizada a metodologia dos modelos lineares mistos em virtude do desbalanceamento decorrente das perdas ocasionadas por *rouging* devidas a viroses. Para tanto, utilizou-se o modelo 70 do programa Selegen-REML/BLUP (Resende, 2006), por se tratar de uma avaliação de híbridos em várias repetições, em delineamento em blocos incompletos, com uma observação por parcela, em um mesmo local, medições repetidas no tempo (épocas).

Para a avaliação genética referente aos dados de incidência de pinta-preta em folhas e frutos e sua severidade em folhas, empregou-se um modelo de acordo com a equação descrita abaixo:

$$y = X_m + Z_g + W_b + T_p + e$$

Em que:

$y$  é o vetor de dados;

$m$  é o vetor dos efeitos das combinações medição-repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

$g$  é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

$b$  é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios);

$p$  é vetor dos efeitos de ambiente permanente (parcelas no caso) (aleatórios);

$e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios); e

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

O vetor  $m$  contempla todas as medições em todas as repetições e se ajusta simultaneamente aos efeitos de repetições, medição e interação repetição x medição.

Para a avaliação de severidade da pinta-preta em frutos, utilizou-se o modelo 17 do programa Selegen-REML/BLUP (Resende, 2006) por se tratar de uma avaliação de híbridos em várias repetições, em delineamento em blocos incompletos, com uma observação por parcela, em um mesmo local e em uma só medição (época). Utilizou-se o modelo estatístico a seguir:

$$y = Xr + Zg + Wb + e,$$

Em que:

$y$  é o vetor de dados;

$r$  é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral;

$g$  é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

$b$  é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios);

$e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios); e

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

#### **4.5 Componentes de variância (REML individual)**

Os componentes de variância permitem ao melhorista de plantas identificar a porção da variação oriunda dos efeitos genéticos e a porção devida aos efeitos ambientais, assim como aquela devida à interação genótipo x ambientes.

Foram calculados os seguintes componentes de variância:

Vg: variância genotípica;

Vbloc: variância ambiental permanente entre blocos;

Vperm: variância de ambiente permanente entre parcelas;

Ve: variância residual;

Vf: variância fenotípica individual;

$h^2_g$ : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais;

r: repetibilidade ao nível de parcela:

$$\rho = \frac{(Vg + Vperm + Vbloc)}{Vf}$$

c2bloc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco;

c2perm: coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente; e

MG: Média geral do experimento.

#### 4.6 Componentes de médias (BLUP individual) e seleção genotípica

Para as características incidência e severidade da pinta-preta em folhas e frutos, considerando todas as épocas de avaliação, foram estudados os efeitos (g) e os valores (u + g) genotípicos preditos.

#### 4.7 Estimação dos parâmetros genéticos

Foram estimados, para cada uma das características avaliadas, os parâmetros genéticos que indicam a variabilidade genética da população para resistência à pinta-preta.

- coeficiente de variação genético

$$CVg\% = \left( \frac{100 \sqrt{\theta g^2}}{x} \right)$$

- coeficiente de variação experimental

$$CVe \% = \left( \frac{100 \sqrt{\sigma^2}}{x} \right)$$

- índice de variação

$$Iv(\%) = \left( \frac{CVg \times 100}{CVe} \right)$$

#### 4.8 Heterose cultivar padrão

De posse da média de cada tratamento, estimou-se heterose cultivar padrão para cada característica avaliada, obtida pela expressão apresentada abaixo:

$$Hij(\%) = \left( \frac{Xij - Xi}{Xi} \right) * 100$$

Em que:

Xij é a média do híbrido da linhagem i com o testador j; e

Xi é a média da variedade padrão.

Foram estimados os valores de heterose cultivar padrão para a testemunha UENF/CALIMAN 01, híbrido comercial.

#### 4.9 Capacidade específica de combinação (CEC)

A estimativa da capacidade específica de combinação (CEC) foi feita segundo expressão descrita por Hallauer et al. (2010), sendo feito o cálculo das diferenças entre a média de cada um dos híbridos obtidos de um testador (Xe) e a média geral dos cruzamentos com aquele testador (Xg), como expresso abaixo:

$$CEC_{gTi} = X_{eTi} - X_{gTi}$$

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1 Componentes de variância (REML individual) e parâmetros genéticos

Foi feita análise estatística para as características IPPFo, IPPFr e SPPFo, considerando as duas épocas de avaliação. Para a variável SPPFr, cuja avaliação foi feita na segunda época, foi feita uma análise individual.

A análise de deviance (teste do Qui-quadrado) mostrou que para a variável IPPFo o efeito de genótipo não foi significativo, refletindo que não há variabilidade genética entre os genótipos para esta característica, mas que houve efeito significativo para bloco (Tabela 1).

Para a variável incidência de pinta-preta nos frutos, observou-se efeito significativo de genótipo e de bloco. Em relação à severidade da pinta-preta nas folhas, ela apresentou efeito significativo de genótipo. Quanto à severidade da pinta-preta nos frutos, verificou-se efeito significativo de genótipo (Tabela 1).

Quando uma variável se mostra não significativa pela análise de deviance (teste do Qui-quadrado), tal resultado pode indicar baixa precisão experimental ou maior número de genes controlando a característica (Mistro et al., 2004). Vale salientar que, de acordo com Poltronieri (2018), a resistência à pinta-preta é de natureza poligênica, tratando-se, portanto, de uma característica bastante influenciada pelo ambiente, o que pode ter contribuído para a baixa precisão experimental verificada. Por outro lado, quando uma variável se mostra significativa, indica existência de variabilidade genética para o caráter em questão, revelando a possibilidade de seleção.

**Tabela 1** - Análise de deviance das variáveis avaliadas no experimento com híbridos de mamoeiro. Linhares, ES, 2021.

<b>IPPFo</b>			<b>IPPFr</b>		
feito	Deviance	LRT (Qui-Quadrado)	Efeito	Deviance	LRT (Qui-Quadrado)
Bloco	2599,83	215.76**	Bloco	2422,34	25**
Genótipo	2385	0.93ns	Genótipo	2472,96	75.62**
Ambiente/época	2384,02	0.05ns	Ambiente/época	2397,35	0.01ns
Modelo completo	2384,07		Modelo completo	2397,34	
<b>SPPFo</b>			<b>SPPFr</b>		
Efeito	Deviance	LRT (Qui-Quadrado)	Efeito	Deviance	LRT (Qui-Quadrado)
Bloco	1471,79	0.13ns	Bloco	150,68	1.28ns
Genótipo	1363,33	108.59**	Genótipo	561,08	411.68**
Ambiente/época	1471,96	0.04ns	Modelo completo	149,4	
Modelo completo	1471,92				

IPPFo: incidência de pinta-preta em folha; IPPFr: incidência de pinta-preta em fruto; SPPFo: severidade de pinta-preta em folha; SPPFr: severidade de pinta-preta em fruto.

Quando se desdobrou a variância fenotípica em variância genotípica, variância ambiental permanente entre blocos, variância de ambiente permanente entre parcelas e variância residual, observou-se que a variância genética foi baixa para as variáveis IPPFo, IPPFr e SPPFo, 1,323752, 30,225074 e 0,006811, respectivamente, com predominância dos efeitos de bloco para IPPFo e de efeitos de ambiente para IPPFr e SPPFo (Tabela 2).

Estes resultados revelam forte efeito ambiental para estas características, uma vez que a variância ambiental foi maior que a variância genotípica, indicando, portanto, que não houve sucesso no melhoramento genético para estas características. Valores elevados da estimativa de variância ambiental indicam maior dificuldade na seleção (CRUZ, 2005).

**Tabela 2** – Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos, obtidos pelo REML individual para incidência de pinta-preta na folha (IPPFo), incidência de pinta-preta no fruto (IPPFr) e severidade de pinta-preta na folha (SPPFo) em híbridos de mamoeiro em duas épocas de avaliação no ano de 2021, em Linhares – ES.

	<b>IPPFo</b>	<b>IPPFr</b>	<b>SPPFo</b>
<b>Vg</b>	1,324	30,225	0,007
<b>Vbloc</b>	66,663	11,452	0,000084
<b>Vperm</b>	0,353	0,358	0,000069
<b>Ve</b>	52,229	63,986	0,010483
<b>Vf</b>	120,569	106,021	0,017447
<b>h2g</b>	0,010979 ± 0,0138	0,285086 ± 0,0718	0,390408 ± 0,0837
<b>r</b>	0,566810 ± 0,0994	0,396480 ± 0,0847	0,399183 ± 0,0846
<b>c2bloc</b>	0,553	0,108	0,004811
<b>c2perm</b>	0,003	0,003	0,003965
<b>CV<sub>g</sub>(%)</b>	1,568	8,423	42,566720
<b>Cve(%)</b>	9,845	12,255	52,808951
<b>lv</b>	0,159	0,687	0,806051
<b>Média geral</b>	73,402	65,274	0,193881

Vg: variância genotípica; Vbloc: variância ambiental permanente entre blocos; Vperm: variância de ambiente permanente entre parcelas; Ve: variância residual; Vf: variância fenotípica individual; h2g: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; r: repetibilidade de parcelas individuais, dada por  $(Vg + Vperm + Vbloc)/Vf$ ; c2bloc: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco; c2perm; coeficiente de determinação dos efeitos de ambiente permanente; Média geral do experimento.

Por outro lado, para severidade de pinta-preta em frutos (SPPFr), avaliada em julho de 2021, o valor do componente de variância genética foi superior ao valor do componente de variância ambiental (Tabela 3).

**Tabela 3** – Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos, obtidos pelo REML individual para severidade de pinta-preta em fruto (SPPFr2) em híbridos de mamoeiro na segunda época de avaliação, no ano de 2021, em Linhares – ES.

	<b>SPPFr2</b>
<b>Vg</b>	0,546581
<b>Vbloc</b>	0,035964
<b>Ve</b>	0,450112
<b>Vf</b>	1,032656
<b>h2g</b>	0,529296 ± 0,1474
<b>c2bloc</b>	0,034827
<b>h2mlin</b>	0,85859
<b>Aclin</b>	0,926601
<b>Cvgi%</b>	55
<b>Cve%</b>	49,85614
<b>PEV</b>	0,077292
<b>SEP</b>	0,278015
<b>Iv</b>	1,101963128
<b>Média geral</b>	1,345679

Vg: variância genotípica; Vbloc: variância ambiental entre blocos; Ve: variância residual; Vf: variância fenotípica individual; h2g = h2: herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; c2bloc = c2: coeficiente de determinação dos efeitos de bloco; h2mc: herdabilidade ajustada da média de genótipo, assumindo sobrevivência completa; Acclon: acurácia da seleção de genótipos, assumindo sobrevivência completa; CVgi%: coeficiente de variação genotípica; Cve%: coeficiente de variação residual; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo sobrevivência completa; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo sobrevivência completa; Média geral do experimento.

A variância genotípica está relacionada a diferenças genéticas entre os indivíduos. Quando se dispõe de valores mais elevados para este componente, há indicativo de maior variabilidade genética, o que possibilita identificar genótipos superiores.

Avaliando genótipos crioulos de mamoeiro para resistência à pinta-preta, Vivas (2012) verificou que, embora tenha havido variabilidade genética para as características avaliadas, observou-se forte efeito ambiental. Em outro experimento que visou a avaliar incidência e severidade de oídio, mancha-de-phoma e pinta-preta em acessos do banco de germoplasma, o mesmo autor

observou variabilidade para resistência às três doenças.

Altos valores de variância ambiental não são desejados, uma vez que reduzem o ganho por seleção (Cruz, 2005), fato observado para todas as características, exceto SPPFr (Tabela 3). A variância ambiental dentro das parcelas depende de diversos fatores, como melhor distribuição dos fertilizantes, da irrigação. O manejo mais eficiente de tais fatores melhora a precisão ambiental e, assim, o sucesso com a seleção.

Para as características IPPFo, IPPFr e SPPFo, as variâncias ambientais ( $\sigma^2_e$ ) foram maiores que as variâncias genóticas ( $\sigma^2_g$ ), implicando, assim, baixas herdabilidades individuais no sentido amplo ( $h^2g$ ) (Tabela 3). As variâncias genóticas foram inferiores às variâncias ambientais para todas as características, exceto para SPPFr, indicando forte influência ambiental na determinação do caráter, resultado das prováveis variações relativas a tratos culturais.

A magnitude da herdabilidade individual no sentido amplo ( $h^2g$ ) foi baixa para todas as características, exceto para SPPFr. Para Ramos et al. (2014), baixos valores de herdabilidade individuais no sentido amplo ( $h^2g$ ) implicam a necessidade de aplicar métodos de seleção mais rigorosos para obter ganhos genéticos mais satisfatórios. No entanto, a herdabilidade é um coeficiente genético não somente de um caráter, mas também de uma população, do ambiente e do modo como o fenótipo é mensurado (Falconer e Mackay, 1996).

Pela estimativa dos parâmetros genéticos e das médias genóticas das características avaliadas via REML/BLUP, podem ser observados coeficientes de variação genético (CVg) e ambiental (CVe), variando de 1,568 a 55 % e de 9,845 a 52,81%, respectivamente. Os valores estimados para a razão CVg/CVe foram de 0,16 a 1,10. Com exceção da variável IPPFo, que apresentou valor de 0,16 para tal parâmetro genético, todas as demais variáveis tiveram valores superiores a 0,6, com destaque para SPPFr, cujo valor foi de 1,1 (Tabelas 2 e 3). Desse modo, o resultado para SPPFr indica que podem ser obtidos, na seleção de genótipos superiores, ganhos genéticos mais expressivos. A relação CVg/CVe se reflete nos efeitos genéticos (aditivos) e, quando o índice de variação estimado for próximo, maior ou igual a 1, a variação genética disponível é a maior responsável pela variação estimada dos dados experimentais, significando, por consequência, população favorável para o melhoramento genético (Vencovsky,

1978). A razão  $CV_g/CV_e$  pode ser empregada como um índice indicativo favorável de seleção de genótipos para cada caráter (Leite et al., 2016).

O componente genético de variação ( $CV_g$ ) é um parâmetro genético de grande importância, visto que, por meio dele, pode-se inferir sobre a magnitude da variabilidade genética presente na população para um dado caráter, quantificando a magnitude da variação genética disponível para seleção, sendo desejáveis altos valores (Ferrão et al., 2008). Pode-se observar que, para tal parâmetro, os valores genéticos variaram de 1,568 a 55 para todas as características avaliadas, o que indica variabilidade para os caracteres avaliados (Tabelas 2 e 3). No entanto, houve pronunciado efeito ambiental para as características de estudo, sobretudo para IPPFo.

O coeficiente de variação experimental ( $CV_{e\%}$ ) é um parâmetro genético que permite ao melhorista fazer inferências sobre a precisão experimental. Valores elevados de  $CV_e$  indicam menor precisão experimental. O valor obtido no presente trabalho foi de 9,85 para a característica IPPFo, de 12,26 para a característica IPPFr, de 52,81 para SPPFo e de 49,86 para SPPFr (Tabelas 2 e 3). O coeficiente de variação ( $CV_e$ ) foi alto para severidade de pinta-preta na folha (52,81%) e para severidade de pinta-preta no fruto (49,86%), entretanto, para as demais características, foram constatados baixos  $CV_e$ , indicando boa precisão experimental.

Durante as avaliações de campo, foi possível notar irregularidade na ocorrência da doença na área experimental, de modo que, em alguns casos, uma lateral da planta se apresentou com frutos com maiores níveis de doença pela incidência de luz, orvalho etc., o que indica a necessidade de uma amostragem mais representativa no que tange à avaliação de frutos ao redor da planta pela exposição ao sol. O exame dos valores de incidência e severidade mostrou alta variação de uma mesma variável entre os blocos de um mesmo genótipo. Este fato revela alta contribuição do componente ambiental na expressão do caráter, interferindo diretamente nas variáveis IPPFo, IPPFr, SPPFo e SPPFr e, conseqüentemente, nos parâmetros genéticos, o que implica a necessidade de melhor controle local. Além disso, cabe salientar que em experimentos com plantas perenes existe uma demanda por grandes áreas, o que faz com que haja maior risco de heterogeneidade ambiental e, conseqüentemente, erros nas estimativas.

A variação ambiental pode ocorrer pelas diferenças ambientais a que os indivíduos são submetidos, tendo ocorrido, nesse estudo, muitas variações ambientais, o que foi evidenciado pelos altos valores da  $V_a$ . Diversos fatores podem ter sido responsáveis pelos altos valores de variância ambiental.

Notou-se que a área experimental consistia de distintos talhões, de modo que havia um trecho onde o solo estava mais compactado e rochoso, fato que influencia diretamente na fisiologia da planta, reduzindo seu vigor.

Fatores inerentes aos tratos culturais realizados, como periodicidade e uniformidade das pulverizações e irrigações, podem ter contribuído para os altos valores de variância ambiental observados. A resistência à pinta-preta tem natureza quantitativa, sendo uma característica dependente do ambiente para expressão do fenótipo. Assim, diante de um ambiente heterogêneo, ocorre oscilação na expressão do fenótipo, que, segundo Falconer e Mackay (1996), pode ser justificada pelo fato de o caráter estudado ser de natureza quantitativa, ou seja, determinado por vários genes, cada gene com pouco efeito no caráter e altamente influenciado pelo ambiente.

Em pesquisas cujo objetivo é avaliar parâmetros genéticos, as condições ambientais precisam ser similares àquelas a serem utilizadas no cultivo comercial para que sejam representativas, o que não se verificou na presente pesquisa. Isso porque em uma população os fenótipos de cada indivíduo estão ligados a variações relativas ao caráter genético, ambiental ou através da interação genótipo x ambiente (Borém, 2013).

Há poucas chances de sucesso na seleção de híbridos superiores nessa avaliação, dados os baixos valores de variância genotípica e de herdabilidade individuais no sentido amplo (valores inferiores a 80 % para todos os atributos fenotípicos avaliados). Todavia as estimativas dos parâmetros genéticos revelam a existência de variabilidade genética para a característica resistência à pinta-preta em frutos e indicam potencial de seleção entre os híbridos estudados.

## **5.2 Seleção de genótipos superiores via modelos mistos**

Todos os indivíduos foram identificados para as características avaliadas de acordo com os ganhos genéticos preditos e as novas estimativas das médias (Tabela 4), tendo sido identificados os 15 melhores indivíduos. Para a

característica resistência a doenças, os genótipos de interesse são aqueles com as menores médias e ganhos, cujos valores são negativos.

O valor genético predito se refere ao valor genético observado, sem o efeito ambiental (Oliveira et. al., 2012). O ganho genético estimado corresponde ao valor genético predito para o genótipo selecionado, e a nova média refere-se à média geral somada ao ganho genético (Santos et al., 2015).

A média dos valores genotípicos livres da interação genótipo x ambiente ( $u + g$ ) dos indivíduos selecionados pelo índice foi de 0,76 para severidade de pinta-preta nos frutos, expressivamente inferior à média geral, de 1,35. Para tal característica avaliada, os genótipos 32 e 24 se sobressaíram, e seus valores genotípicos foram de 0,52 e 0,57, respectivamente. Ao selecionar os 15 genótipos em destaque, observa-se um ganho negativo de -22,89%, ou seja, uma redução para a severidade de pinta-preta em frutos em termos de ganho genético.

Para incidência de pinta-preta nos frutos, a média dos indivíduos selecionados pelos valores genotípicos ( $u+g$ ) foi de 59,8. Por fim, para a incidência de pinta-preta nas folhas a média dos valores genotípicos dos híbridos selecionados foi de 72,89, ligeiramente inferior à média geral, de 73,4 (Tabela 4).

**Tabela 4** – Ordenamento dos valores fenotípicos e ganhos preditos para severidade e incidência de pinta-preta em frutos (SPPFr e IPPFr) e severidade de pinta-preta em folhas e frutos (SPPFo e SPPFr) em híbridos de mamoeiro.

Ordem	IPPFr					SPPFo					SPPFr				
	Genot	g	u+g	Ganho	Nova Média	Genot	g	u+g	Ganho	Nova Média	Genot	g	u+g	Ganho	Nova Média
1	39	-1,11	54,22	0,00	65,27	19	-0,13	0,07	0,00	0,19	32	-0,83	0,52	0,00	1,35
2	37	-9,43	55,85	0,23	65,50	22	-0,11	0,08	0,00	0,20	24	-0,77	0,57	0,02	1,36
3	42	-7,88	57,39	0,44	65,71	34	-0,10	0,09	0,01	0,20	45	-0,72	0,63	0,03	1,38
4	11	-7,39	57,88	0,62	65,89	39	-0,10	0,09	0,01	0,20	16	-0,70	0,65	0,05	1,40
5	30	-6,27	59,00	0,79	66,07	3	-0,09	0,10	0,01	0,20	39	-0,69	0,66	0,07	1,41
6	24	-5,57	59,71	0,96	66,23	11	-0,09	0,10	0,01	0,21	13	-0,62	0,73	0,08	1,43
7	41	-5,06	60,21	1,11	66,38	26	-0,09	0,10	0,01	0,21	37	-0,60	0,75	0,10	1,45
8	40	-5,03	60,24	1,25	66,53	7	-0,09	0,10	0,02	0,21	10	-0,57	0,78	0,12	1,46
9	22	-4,40	60,88	1,41	66,68	15	-0,09	0,11	0,02	0,21	29	-0,55	0,80	0,13	1,48
10	4	-4,26	61,01	1,55	66,83	33	-0,08	0,12	0,02	0,22	18	-0,52	0,82	0,15	1,50
11	13	-3,85	61,42	1,70	66,97	5	-0,08	0,12	0,03	0,22	22	-0,47	0,87	0,17	1,51
12	14	-3,71	61,56	1,85	67,12	12	-0,07	0,13	0,03	0,22	15	-0,45	0,89	0,19	1,53
13	8	-3,36	61,92	2,00	67,27	24	-0,06	0,13	0,03	0,22	40	-0,43	0,91	0,20	1,55
14	3	-2,44	62,83	2,15	67,42	6	-0,06	0,14	0,03	0,23	33	-0,42	0,93	0,22	1,57
15	19	-2,35	62,93	2,28	67,55	46	-0,05	0,14	0,04	0,23	21	-0,40	0,95	0,24	1,58
16	38	-2,12	63,15	2,41	67,69	2	-0,05	0,14	0,04	0,23	49	-0,39	0,96	0,26	1,60
17	26	-2,00	63,28	2,55	67,82	48	-0,04	0,15	0,04	0,23	34	-0,38	0,97	0,28	1,62
18	15	-1,23	64,04	2,69	67,97	37	-0,03	0,16	0,04	0,24	30	-0,37	0,98	0,30	1,64
19	5	-1,20	64,07	2,82	68,09	32	-0,03	0,16	0,05	0,24	12	-0,33	1,01	0,32	1,66
20	27	-1,04	64,24	2,95	68,23	10	-0,02	0,17	0,05	0,24	47	-0,31	1,03	0,34	1,69
21	18	-1,01	64,26	3,09	68,36	41	-0,02	0,17	0,05	0,24	11	-0,30	1,04	0,36	1,71
22	47	-0,83	64,45	3,24	68,51	31	-0,01	0,18	0,05	0,25	26	-0,27	1,07	0,39	1,73
23	29	-0,81	64,46	3,39	68,66	14	-0,01	0,18	0,06	0,25	3	-0,27	1,08	0,41	1,76
24	2	-0,47	64,80	3,55	68,82	43	-0,01	0,18	0,06	0,25	36	-0,24	1,11	0,44	1,78
25	6	-0,43	64,85	3,71	68,98	40	0,00	0,19	0,06	0,26	31	-0,23	1,12	0,46	1,81
26	23	-0,38	64,90	3,88	69,16	28	0,00	0,19	0,06	0,26	25	-0,19	1,15	0,49	1,84
27	32	0,53	65,81	4,07	69,34	29	0,00	0,20	0,07	0,26	19	-0,12	1,22	0,52	1,87
28	43	0,70	65,98	4,23	69,50	47	0,01	0,20	0,07	0,26	2	-0,10	1,25	0,55	1,90
29	45	0,72	66,00	4,40	69,67	13	0,01	0,20	0,07	0,27	27	-0,08	1,27	0,58	1,93
30	48	0,82	66,09	4,58	69,85	45	0,01	0,21	0,08	0,27	4	-0,05	1,30	0,62	1,96

Tabela 4 – Cont.

Ordem	IPPFr					SPPFo					SPPFr				
	Genot	g	u+g	Ganho	Nova Média	Genot	g	u+g	Ganho	Nova Média	Genot	g	u+g	Ganho	Nova Média
31	34	1,10	66,38	4,78	70,05	16	0,02	0,22	0,08	0,27	5	-0,02	1,32	0,65	2,00
32	33	1,17	66,44	4,98	70,26	18	0,02	0,22	0,08	0,28	48	0,04	1,39	0,69	2,03
33	17	1,41	66,68	5,21	70,48	49	0,03	0,22	0,09	0,28	20	0,06	1,40	0,73	2,07
34	16	1,94	67,22	5,44	70,72	35	0,03	0,23	0,09	0,28	17	0,07	1,41	0,77	2,11
35	36	2,25	67,53	5,68	70,95	30	0,04	0,23	0,09	0,29	43	0,11	1,45	0,81	2,16
36	28	2,59	67,86	5,92	71,20	1	0,04	0,23	0,10	0,29	6	0,28	1,62	0,86	2,21
37	35	2,94	68,21	6,18	71,45	42	0,04	0,23	0,10	0,29	41	0,31	1,66	0,91	2,25
38	12	3,03	68,30	6,45	71,72	25	0,05	0,25	0,11	0,30	28	0,37	1,72	0,96	2,30
39	1	3,98	69,25	6,76	72,03	8	0,06	0,25	0,11	0,30	42	0,45	1,79	1,01	2,36
40	20	4,33	69,61	7,04	72,31	21	0,09	0,29	0,12	0,31	23	0,47	1,82	1,07	2,41
41	21	4,59	69,87	7,34	72,61	9	0,09	0,29	0,12	0,31	38	0,54	1,89	1,13	2,48
42	7	5,05	70,32	7,68	72,96	17	0,10	0,29	0,12	0,32	1	0,55	1,90	1,21	2,55
43	10	5,74	71,01	8,06	73,33	23	0,10	0,30	0,12	0,32	14	0,55	1,90	1,30	2,65
44	46	5,97	71,25	8,44	73,72	27	0,11	0,31	0,13	0,32	44	0,69	2,03	1,43	2,77
45	44	7,53	72,80	8,94	74,21	38	0,12	0,31	0,13	0,33	46	1,19	2,54	1,58	2,92
46	31	8,95	74,22	9,29	74,57	44	0,12	0,32	0,13	0,33	35	1,21	2,55	1,67	3,02
47	9	9,16	74,43	9,41	74,68	4	0,12	0,32	0,14	0,33	7	1,74	3,09	1,82	3,17
48	49	9,20	74,47	9,53	74,80	36	0,13	0,33	0,15	0,34	8	1,83	3,18	1,87	3,21
49	25	9,87	75,14	9,87	75,14	20	0,16	0,35	0,16	0,35	9	1,90	3,24	1,90	3,24
<b>Média</b>			65,27					0,19					1,35		
<b>Média selecionados</b>			59,80					0,11					0,76		
<b>Ganho</b>			-2,39%					-17,36%					-22,89%		

Ao avaliar o ranqueamento dos valores de ganho, verificou-se que os genótipos 22 e 39 se situaram entre os 15 melhores genótipos para todas as características avaliadas, indicando que eles podem ser potencialmente resistentes à pinta-preta. Já os genótipos 13, 37 e 40 foram selecionados para severidade e incidência de pinta-preta nos frutos. Os dados obtidos mostram que na IPPFo a variância ambiental entre blocos seguida da variância residual (ambiental) foram os principais componentes de variância fenotípica entre os genótipos avaliados. Também para IPPFr e SPPFo, a variância ambiental (residual) foi o principal componente de variância fenotípica entre os genótipos avaliados. Somente para a variável SPPFr, a variância genotípica foi o principal componente de variância fenotípica entre os genótipos avaliados (Tabela 4).

Conforme mencionado no tópico anterior, para todas as características, exceto SPPFr, foram observados valores expressivos de variância ambiental (Tabelas 2 e 3). Altos valores de variância ambiental não são desejados, uma vez que reduzem o ganho por seleção (Cruz, 2005).

Para as características IPPFo, IPPFr e SPPFo, as variâncias ambientais ( $\sigma^2_e$ ) foram maiores que as variâncias genotípicas ( $\sigma^2_g$ ), implicando, assim, baixas herdabilidades individuais no sentido amplo ( $h^2g$ ) (Tabela 2). Para Ramos et al. (2014), baixos valores de herdabilidade individuais no sentido amplo ( $h^2g$ ) envolvem a necessidade de aplicar métodos de seleção mais rigorosos para obter ganhos genéticos mais satisfatórios. No entanto, a herdabilidade é um coeficiente genético não somente de um caráter, mas também de uma população, do ambiente e do modo como o fenótipo é mensurado (Falconer e Mackay, 1996).

As variâncias genotípicas foram inferiores às variâncias ambientais para todas as características, exceto para SPPFr, indicando forte influência ambiental na determinação do caráter, resultado das prováveis variações relativas a tratos culturais.

Os híbridos 15 e 33 foram selecionados exclusivamente para incidência de pinta-preta em folhas e severidade em folhas e frutos.

Os híbridos 32, 45, 16 e 10 foram selecionados exclusivamente para severidade em frutos, o que significa dizer que tais híbridos, embora apresentem sintomas, têm potencial para alguma redução de severidade da pinta-preta em frutos. De acordo com Vivas et al. (2018), é importante para o processo de seleção que materiais com características superiores de resistência a doenças

sejam acompanhados de estimativas de parâmetros genéticos que permitam conhecer a estrutura genética da população analisada, assim como a variabilidade genética das características de interesse, de modo a subsidiar a predição dos ganhos genéticos e o sucesso do programa de melhoramento.

### 5.3 Capacidade de combinação

Analisando os resultados estimados de CEC, foram verificados tanto valores positivos como negativos, o que indica desvios de dominância. Com relação à severidade de pinta-preta no fruto, os valores negativos para severidade de pinta-preta no fruto foram para os híbridos oriundos dos seguintes cruzamentos: do genitor Aliança com as linhagens L-21 e L-16 (Tabela 5); do genitor Caliman SG com as linhagens L-01, L-04, L-10, L-13, L-17, L-20, L-21 e L-22 (Tabela 6); do genitor Formosa Brilhoso com as linhagens L-02, L-04, L-13, L-17, L-21, L-22 e L-18 (Tabela 7); do genitor São Mateus com as linhagens L-02, L-04, L-09, L-16, L-18 e L-19 (Tabela 8); Sekati com a linhagem L-01 (Tabela 9); e do genitor SS-72/12 com as linhagens L-D05, LD-06, L-LA08 e L-D29 (Tabela 10).

**Tabela 5** - Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) de híbridos de mamoeiro utilizando o testador Aliança para as quatro características de resistência à pinta-preta (*A. caricae*), tanto nos frutos como nas folhas, Linhares, ES, 2021

Híbridos	Características					
	IPPFr		SPPFo		SPPFr	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
Aliança X L-13	63,62	0,25	0,27	0,00	3,79	1,59
Aliança X L-16	63,42	0,05	0,34	0,07	1,93	-0,28
Aliança X L-21	63,07	-0,30	0,19	-0,07	0,91	-1,30
<b>Média</b>	<b>63,37</b>		<b>0,27</b>		<b>2,21</b>	

IPPFo: incidência de pinta-preta em folha; IPPFr: incidência de pinta-preta em fruto; SPPFo: severidade de pinta-preta em folha; SPPFr: severidade de pinta-preta em fruto.

**Tabela 6** - Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) de híbridos de mamoeiro utilizando o testador Caliman SG para as quatro características de resistência à pinta-preta (*A. caricae*), tanto nos frutos como nas folhas, Linhares, ES, 2021.

Híbridos	Características					
	IPPFr		SPPFo		SPPFr	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
Caliman SG X L-01	57,56	-3,50	0,12	-0,09	1,05	-0,22
Caliman SG X L-02	50,68	-10,38	0,06	-0,14	1,45	0,18
Caliman SG X L-04	59,70	-1,37	0,20	-0,01	0,51	-0,77
Caliman SG X L-06	60,40	-0,66	0,17	-0,04	2,81	1,54
Caliman SG X L-09	55,89	-5,17	0,15	-0,05	1,70	0,43
Caliman SG X L-10	63,18	2,12	0,33	0,13	1,26	-0,01
Caliman SG X L-13	68,10	7,03	0,31	0,10	0,80	-0,47
Caliman SG X L-16	63,49	2,43	0,18	-0,03	2,06	0,79
Caliman SG X L-17	63,94	2,87	0,33	0,12	0,58	-0,70
Caliman SG X L-20	65,44	4,38	0,32	0,11	1,13	-0,14
Caliman SG X L-21	67,76	6,70	0,09	-0,12	1,04	-0,24
Caliman SG X L-22	56,60	-4,46	0,23	0,03	0,88	-0,39
<b>Média</b>	61,06		0,21		1,27	

IPPFo: incidência de pinta-preta em folha; IPPFr: incidência de pinta-preta em fruto; SPPFo: severidade de pinta-preta em folha; SPPFr: severidade de pinta-preta em fruto.

**Tabela 7** - Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) de híbridos de mamoeiro utilizando o testador Formosa brilhoso para as quatro características de resistência à pinta-preta (*A. caricae*), tanto nos frutos como nas folhas, Linhares, ES, 2021.

Híbridos	Características					
	IPPFr		SPPFo		SPPFr	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
Formosa brilhoso X L-01	60,36	-8,11	0,19	0,04	2,12	1,03
Formosa brilhoso X L-02	64,19	-4,28	0,06	-0,09	0,62	-0,46
Formosa brilhoso X L-04	62,95	-5,52	0,20	0,05	0,54	-0,55
Formosa brilhoso X L-09	63,05	-5,43	0,05	-0,10	1,45	0,36
Formosa brilhoso X L-10	67,95	-0,52	0,18	0,03	1,36	0,27
Formosa brilhoso X L-13	71,70	3,23	0,11	-0,04	0,90	-0,19
Formosa brilhoso X L-16	64,55	-3,93	0,12	-0,03	1,60	0,51
Formosa brilhoso X L-17	69,37	0,90	0,20	0,04	1,03	-0,06
Formosa brilhoso X L-19	61,37	-7,11	0,09	-0,06	1,69	0,60
Formosa brilhoso X L-20	77,75	9,28	0,25	0,10	1,30	0,21
Formosa brilhoso X L-21	74,70	6,23	0,13	-0,02	0,60	-0,49
Formosa brilhoso X L-22	72,32	3,84	0,17	0,01	0,61	-0,48
Formosa brilhoso X L-18	79,89	11,42	0,23	0,07	0,34	-0,75
<b>Média</b>	68,47		0,15		1,09	

IPPFo: incidência de pinta-preta em folha; IPPFr: incidência de pinta-preta em fruto; SPPFo: severidade de pinta-preta em folha; SPPFr: severidade de pinta-preta em fruto.

**Tabela 8** - Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) de híbridos de mamoeiro utilizando o testador São Mateus para as quatro características de resistência à pinta-preta (*A. caricae*), tanto nos frutos como nas folhas, Linhares, ES, 2021.

Híbridos	Características					
	IPPFr		SPPFo		SPPFr	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
São Mateus X L-01	66,35	-0,79	0,06	-0,12	1,79	0,47
São Mateus X L-02	64,95	-2,19	0,10	-0,07	0,67	-0,65
São Mateus X L-04	69,58	2,45	0,14	-0,04	0,39	-0,93
São Mateus X L-09	58,14	-8,99	0,12	-0,06	0,99	-0,33
São Mateus X L-10	71,55	4,41	0,23	0,06	2,03	0,71
São Mateus X L-16	56,44	-10,69	0,24	0,07	1,03	-0,29
São Mateus X L-17	76,87	9,73	0,30	0,13	3,51	2,19
São Mateus X L-19	65,13	-2,00	0,08	-0,10	0,86	-0,46
São Mateus X L-18	75,22	8,08	0,30	0,13	0,60	-0,72
<b>Média</b>	<b>67,14</b>		<b>0,17</b>		<b>1,32</b>	

IPPFo: incidência de pinta-preta em folha; IPPFr: incidência de pinta-preta em fruto; SPPFo: severidade de pinta-preta em folha; SPPFr: severidade de pinta-preta em fruto.

**Tabela 9** - Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) de híbridos de mamoeiro utilizando o testador Sekati para as quatro características de resistência à pinta-preta (*A. caricae*), tanto nos frutos como nas folhas, Linhares, ES, 2021.

Híbridos	Características					
	IPPFr		SPPFo		SPPFr	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
Sekati X L-01	67,754	-2,46	0,222	0,0645	1,2333	-1,233
Sekati X L-04	72,665	2,456	0,093	-0,065	3,7	1,2334
<b>Média</b>	<b>70,21</b>		<b>0,1575</b>		<b>2,4667</b>	

IPPFo: incidência de pinta-preta em folha; IPPFr: incidência de pinta-preta em fruto; SPPFo: severidade de pinta-preta em folha; SPPFr: severidade de pinta-preta em fruto.

Vivas et al. (2012c) apontaram o genótipo Sekati como possível fonte de resistência à pinta-preta. Neste estudo, a combinação híbrida Sekati x L-01 mostrou-se favorável para as características IPPFr e SPPFr (Tabela 9).

**Tabela 10** - Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) de híbridos de mamoeiro utilizando o testador SS-72/12 para as quatro características de resistência à pinta-preta (*A. caricae*), tanto nos frutos como nas folhas, Linhares, ES, 2021.

Híbridos	Características					
	IPPFr		SPPFo		SPPFr	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
<b>SS-72/12 X L-D05</b>	65,06	-4,74	0,22	-0,01	1,09	-0,07
<b>SS-72/12 X L-D06</b>	70,75	0,95	0,18	-0,05	0,71	-0,45
<b>SS-72/12 X L-D08</b>	65,90	-3,90	0,38	0,15	2,83	1,66
<b>SS-72/12 X L-LA08</b>	80,35	10,55	0,16	-0,07	0,72	-0,44
<b>SS-72/12 X L-D29</b>	66,93	-2,87	0,21	-0,02	0,46	-0,70
<b>Média</b>	69,80		0,23		1,16	

IPPFo: incidência de pinta-preta em folha; IPPFr: incidência de pinta-preta em fruto; SPPFo: severidade de pinta-preta em folha; SPPFr: severidade de pinta-preta em fruto.

Quanto à severidade de pinta-preta em folhas, constatou-se que os valores negativos de CEC foram para os híbridos: do genitor Aliança com a linhagem L-21; Caliman SG com as linhagens L-01, L-02, L-04, L-06, L-09, L-16 e L-21; Formosa Brilhoso com as linhagens L-01, L-09, L-13, L-16, L-19 e L-21; São Mateus com as linhagens L-01, L-02, L-04, L-09 e L-19; e Sekati com a linhagem L-04; e SS-7212 com as linhagens L-D05, L-D06, L-LA08 e L-D29 (Tabelas 5, 6, 7, 8, 9 e 10).

Quando observadas as estimativas de CEC para a variável incidência de pinta-preta nos frutos, os valores negativos foram para os híbridos obtidos dos cruzamentos: genitor Aliança com a linhagem L-21; genitor Caliman SG com as linhagens L-01, L-02, L-04, L-06, L-09 e L-22; Formosa brilhoso com as linhagens L-01, L-02, L-04, L-09, L-10, L-16 e L-10; São Mateus com as linhagens L-01, L-02, L-09, L-16 e L-19; Sekati com a linhagem L-01; e o genitor SS-72/12 com as linhagens L-D05, L-D08 e L-D29 (Tabelas 5, 6, 7, 8, 9 e 10).

Considerando as características severidade de pinta-preta em folha e severidade em fruto, os híbridos que obtiveram estimativas negativas de CEC para ambas as variáveis foram: Aliança x L-21; Caliman SG x L-01, Caliman SG x L-04; Caliman SG x L-21; Formosa brilhoso x L-02, Formosa brilhoso x L-13, Formosa brilhoso x L-21; São Mateus x L-02, São Mateus x L-04, São Mateus x L-

09, São Mateus x L-19; SS-72/12 x L-D05, SS-72/12 x L-D06, SS-72/12 x L-LA08, SS-72/12 x L-D29 (Tabelas 5, 6, 7, 8 e 10).

Em estudo que visou a avaliar, por meio de cruzamentos dialélicos, as capacidades geral e específica de combinação (CGC e CEC) para resistência à pinta-preta e também o efeito recíproco de oito genótipos de mamoeiro, quatro do grupo “Solo” e quatro do grupo “Formosa”, com o intuito de desenvolver cultivares e/ou híbridos de mamoeiro resistentes, Vivas (2012), foram obtidos valores negativos de CEC para severidade de pinta-preta em folha a partir dos cruzamentos do genitor “São Mateus” com os genótipos “JS12-N”, “Sekati” e “Golden” e Sunrise Solo 72/12”. Para severidade de pinta-preta no fruto, o autor identificou valores negativos de CEC para as combinações híbridas do genitor “São Mateus” com os genótipos “JS12-N”, JS12-4”, “Waimanalo”, “Golden” e “Sunrise Solo 72/12”. E os híbridos ‘São Mateus x JS12-N’, ‘São Mateus x Golden’ e ‘São Mateus x Sunrise Solo 72/12’ apresentaram resultados promissores para seleção de híbridos com baixos valores de CEC para severidade de pinta-preta, tanto em folha como em fruto.

Em estudo que visou a avaliar, por meio de cruzamentos dialélicos, as capacidades geral e específica de combinação (CGC e CEC) para resistência à pinta-preta e também o efeito recíproco de oito genótipos de mamoeiro, quatro do grupo “Solo” e quatro do grupo “Formosa”, com o intuito de desenvolver cultivares e/ou híbridos de mamoeiro resistentes, Vivas (2012), foram obtidos valores negativos de CEC, tanto em folha como em fruto, para híbridos cujo testador foi o genótipo São Mateus. Na presente pesquisa, confirmou-se que os materiais oriundos desse genitor apresentam também elevado nível de resistência ao fungo *Asperisporium caricae*.

#### **5.4 Heterose**

Na literatura científica constam poucos dados relativos à heterose para resistência a doenças em mamoeiro (Vivas, 2009; Vivas, 2012, 2014a; Poltronieri et al., 2017; Poltronieri 2018).

Na presente pesquisa, a heterose, com base na cultivar padrão UENF/CALIMAN 01, para as variáveis incidência de pinta-preta nos frutos e severidade nas folhas e frutos, foi estimada, compreendendo a primeira e a

segunda época de avaliação e a severidade em frutos apenas na segunda época.

As combinações que apresentaram desempenho superior à testemunha UENF/CALIMAN 01, ou seja, estimativas negativas de heterose para severidade de pinta-preta em folha foram: Aliança X L-21; Caliman SG X L-01; Caliman SG X L-02; Caliman SG X L-04; Caliman SG X L-06; Caliman SG X L-09; Caliman SG X L-16; Caliman SG X L-21; Caliman SG X L-22; Formosa brilhoso X L-01; Formosa brilhoso X L-02; Formosa brilhoso X L-04; Formosa brilhoso X L-09; Formosa brilhoso X L-10; Formosa brilhoso X L-13; Formosa brilhoso X L-16; Formosa brilhoso X L-17; Formosa brilhoso X L-19; Formosa brilhoso X L-21; Formosa brilhoso X L-22; Formosa brilhoso X L-18; São Mateus X L-01; São Mateus X L-02; São Mateus X L-04; São Mateus X L-09; São Mateus X L-10; São Mateus X L-19; Sekati X L-01; Sekati X L-04; SS-72/12 X L-D05; SS-72/12 X L-D06; SS-72/12 X L-LA08; SS-72/12 X L-D29.

**Tabela 11** - Estimativa de heterose com base na cultivar padrão Maradol, para severidade e incidência de pinta-preta em folhas, avaliadas em híbridos de mamoeiro derivados de cruzamento com testadores do grupo Solo e Formosa, no ano de 2021, Linhares, ES.

Híbridos	IPPFr	SPPFo	SPPFr
Aliança X L-13	-8,08	13,02	90,05
Aliança X L-16	7,73	313,29	69,86
Aliança X L-21	7,13	135,73	-20,14
Caliman SG X L-01	-2,22	41,10	-7,53
Caliman SG X L-02	-13,91	-23,29	27,72
Caliman SG X L-04	-13,74	-13,96	-74,70
Caliman SG X L-06	-12,73	-28,51	40,91
Caliman SG X L-09	-19,24	-34,47	-14,83
Caliman SG X L-10	-8,71	41,83	-36,77
Caliman SG X L-13	-1,61	32,51	-59,92
Caliman SG X L-16	-8,26	-24,17	3,33
Caliman SG X L-17	-7,62	38,30	-71,19
Caliman SG X L-20	-5,44	35,11	-43,55
Caliman SG X L-21	-2,09	-61,70	-48,10
Caliman SG X L-22	-18,22	-0,43	-55,91
Formosa brilhoso X L-01	-12,79	-18,09	6,21
Formosa brilhoso X L-02	-7,25	-72,60	-68,74
Formosa brilhoso X L-04	-9,04	-14,89	-73,20
Formosa brilhoso X L-09	-8,90	-78,72	-27,61

**Tabela 11 - Cont.**

<b>Híbridos</b>	<b>IPPFr</b>	<b>SPPFo</b>	<b>SPPFr</b>
Formosa brilhoso X L-10	-1,82	-22,13	-31,86
Formosa brilhoso X L-13	3,61	-53,66	-55,01
Formosa brilhoso X L-16	-6,74	-48,47	-20,04
Formosa brilhoso X L-17	0,24	-16,60	-48,52
Formosa brilhoso X L-19	-11,33	-62,13	-15,33
Formosa brilhoso X L-20	12,35	8,09	-34,77
Formosa brilhoso X L-21	7,94	-44,26	-70,14
Formosa brilhoso X L-22	4,49	-28,94	-69,69
Formosa brilhoso X L-18	15,44	-3,40	-82,97
São Mateus X L-01	-4,14	-75,53	-10,45
São Mateus X L-02	-6,16	-56,89	-66,31
São Mateus X L-04	0,54	-41,83	-80,46
São Mateus X L-09	-15,99	-50,34	-50,24
São Mateus X L-10	3,38	-0,26	1,83
São Mateus X L-16	-18,44	2,64	-48,40
São Mateus X L-17	11,07	28,94	75,85
São Mateus X L-19	-5,89	-66,89	-57,04
São Mateus X L-18	8,68	28,51	-70,11
Sekati X L-01	-2,10	-5,53	-38,21
Sekati X L-04	5,00	-60,43	85,37
SS-72/12 X L-D05	-5,99	-5,53	-45,39
SS-72/12 X L-D06	2,23	-24,26	-64,26
SS-72/12 X L-D08	-4,77	61,70	41,53
SS-72/12 X L-LA08	16,10	-32,77	-64,09
SS-72/12 X L-D29	-3,29	-10,17	-76,95

Com relação à severidade em fruto, os melhores híbridos foram para os seguintes testadores: Aliança X L-16; Aliança X L-21; Caliman SG X L-01; Caliman SG X L-02; Caliman SG X L-04; Caliman SG X L-09; Caliman SG X L-10; Caliman SG X L-13; Caliman SG X L-1; Caliman SG X L-20; Caliman SG X L-21; Caliman SG X L-22; Formosa brilhoso X L-02; Formosa brilhoso X L-04; Formosa brilhoso X L-09; Formosa brilhoso X L-10; Formosa brilhoso X L-13; Formosa brilhoso X L-16; Formosa brilhoso X L-17; Formosa brilhoso X L-19; Formosa brilhoso X L-20; Formosa brilhoso X L-21; Formosa brilhoso X L-22; Formosa brilhoso X L-18; São Mateus X L-01; São Mateus X L-02; São Mateus X L-04; São Mateus X L-09; São Mateus X L-16; São Mateus X L-19; São Mateus X L-18; Sekati X L-01; SS-72/12 X L-D05; SS-72/12 X L-D06; SS-72/12 X L-LA08;

SS-72/12 X L-D29. E os híbridos Aliança X L-13; Aliança X L-16; Aliança X L-21; Caliman SG X L-01; Caliman SG X L-02; Caliman SG X L-04; Caliman SG X L-06; Caliman SG X L-09; Caliman SG X L-10; Caliman SG X L-13; Caliman SG X L-16; Caliman SG X L-17; Caliman SG X L-20; Caliman SG X L-21; Caliman SG X L-22; Formosa brilhoso X L-01; Formosa brilhoso X L-02; Formosa brilhoso X L-04; Formosa brilhoso X L-09; Formosa brilhoso X L-10, Formosa brilhoso X L-16; Formosa brilhoso X L-19; São Mateus X L-01; São Mateus X L-02; São Mateus X L-09; São Mateus X L-16; São Mateus X L-19; Sekati X L-01; e SS-72/12 X L-D05. SS-72/12 X L-D08 e SS-72/12 X L-D29 apresentaram valores negativos de heterose para incidência de pinta-preta em frutos (Tabela 11).

Considerando a severidade de pinta-preta em folhas e frutos, os híbridos Aliança X L-21, Caliman SG X L-01, Caliman SG X L-02, Caliman SG X L-04, Caliman SG X L-09, Caliman SG X L-21, Caliman SG X L-22, Formosa brilhoso X L-02, Formosa brilhoso X L-04, Formosa brilhoso X L-09, Formosa brilhoso X L-10, Formosa brilhoso X L-16, Formosa brilhoso X L-19, São Mateus X L-01, São Mateus X L-02, São Mateus X L-09, São Mateus X L-19, Sekati X L-01, SS-72/12 X L-D05 e SS-72/12 X L-D29 apresentaram estimativas negativas de heterose (Tabela 11).

Estudos anteriores mostraram que os genótipos Caliman SG e SS-72/12 apresentaram valores mais baixos para incidência e severidade de pinta-preta em fruto (Vivas, 2012). Vivas (2012) observou que híbridos provenientes de cruzamentos cujo testador foi o São Mateus, considerando conjuntamente a severidade de pinta-preta em folha e em fruto, e constatou que aqueles que apresentaram estimativas negativas para as duas variáveis foram São Mateus x Maradol, São Mateus x Sekati, São Mateus x Waimanalo e São Mateus x Golden.

Avaliando a resistência à pinta-preta *per se* e em cruzamento, Poltronieri (2018) obteve resultados promissores para resistência à pinta-preta em genótipos cujos testadores foram Sekati e SS-72/12, com estimativas negativas de CEC e heterose. No entanto, para o testador Sekati, neste trabalho não foi obtido tal resultado.

Vivas et al. (2011) selecionaram híbridos promissores para resistência à pinta-preta em cruzamentos com Sekati e Sunrise Solo (SS-72/12). Valores negativos de CEC foram obtidos para resistência à pinta-preta em cruzamentos com o genótipo SS-72/12, sugerindo que ele pode ser usado na obtenção de

materiais com maiores níveis de resistência (Vivas 2011, 2012a ). Santa Catarina (2016) obteve boas estimativas de CEC para as características morfoagronômicas de maior relevância em cruzamentos envolvendo o genótipo SS 72/12 como testador. Nesta pesquisa, para o híbrido SS-72/12 XL-D05, foram obtidas estimativas negativas de CEC para todas as características, mas com baixos níveis de resistência para SPPFo e SPPFr (Tabela 10).

Não foi possível apontar híbridos que deverão se comportar como resistentes para todas as variáveis avaliadas, dado o grande efeito ambiental apresentado para as características de doença, nas condições do experimento. Entretanto, foram observadas boas estimas de CEC e heterose para severidade de pinta-preta.

## 6. CONCLUSÕES

As estimativas dos parâmetros genéticos revelam a existência de variabilidade genética para resistência à pinta-preta em frutos e indicam potencial de seleção para esta característica entre os híbridos estudados.

Ocorreu uma forte influência de fatores de ordem ambiental na área do experimento, o que pode ser evidenciado pelos valores observados de variância, bem como pelos baixos valores das estimativas de herdabilidade individuais no sentido amplo para as características incidência de pinta-preta em folhas e frutos e severidade de pinta-preta em folhas e frutos. Apenas para severidade de pinta-preta em frutos, as estimativas dos parâmetros genéticos revelam a existência de variabilidade genética para resistência, indicando potencial de seleção entre os híbridos estudados.

Constatou-se que, na seleção conjunta, o híbrido mais promissor foi o 39, com os menores valores de média para incidência e severidade de pinta-preta em folhas e frutos.

Os resultados revelaram interação significativa entre a população e o ambiente. Considerando as médias e as estimativas de parâmetros genéticos das variáveis analisadas, conclui-se que é necessária a repetição do ensaio para uma avaliação mais representativa do potencial dos híbridos avaliados, permitindo uma melhor correlação entre as variáveis avaliadas. Ressalta-se a grande importância de um melhor controle ambiental para a obtenção de um ambiente mais homogêneo, diante de altos valores de herdabilidade, pela associação entre

estes valores e as maiores magnitudes de variância genotípica das características avaliadas, para possibilitar uma seleção de genótipos superiores.

Um ponto importante observado é a necessidade de uma amostragem mais representativa de folha e de fruto na determinação dos valores de severidade. Em conjunto com o uso da escala diagramática, uma amostragem mais fidedigna propiciará maior acurácia e precisão das mensurações.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alzate-Marin, A. L., Cervigni, G. D. L., Moreira, M. A., Barros, E. G. (2005) Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. *Fitopatologia Brasileira*, vol 30, p. 333-342.
- Amorim, L. (1995) Avaliação de doenças. In: Bergamin Filho, A., Kimati, H., Amorim, L (Ed.). *Manual de fitopatologia*. 3.ed. São Paulo: Agronômica Ceres, cap.32, p. 647-671, 919 p.
- Amorim, L.; Bergamin Filho, A. (2011) Fenologia, patometria e quantificação de danos. In: Amorim, L., Bergamin Filho, A., Rezende, J.A.M. (Ed.). *Manual de fitopatologia: princípios e conceitos*. 4.ed. São Paulo: *Agronômica Ceres*, p.517-540, 704 p.
- Bárbaro, I. M. (2003) Seleção de genótipos de soja e estudo da herança da resistência ao cancro da haste (*Diaporthe phaseolorum* f. sp. *meridionalis*) 58f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal.
- Barbieri, M., Barbosa, G. (2019) MAMÃO/CEPEA: Exportações encerram 2018 em alta. In: Hf Bras. <https://www.hfbrasil.org.br/br/mamao-cepea-exportacoes-encerram-2018-em-alta.aspx>. Acessado 8 abril 2020.

- Barros, G.B. de A. (2015) Desempenho agrônômico, capacidade combinatória e análise molecular de linhagens de mamoeiro (*Carica papaya* L.) em Topcross. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro 127p.
- Berger, R.D., Bergamin Filho, A.; Amorim, L. (1997) Lesion expansion as an epidemic component. *Phytopathology*, vol 87, p. 1005-1013.
- Bonaterra, A., Badosa, E., Cabrefiga, J., Francés, J., Montesinos, E. (2012) Prospects and limitations of microbial pesticides for control of bacterial and fungal pomefruit tree diseases. *Trees*, vol 26, p. 215-226.
- Borém, A.; Miranda, G. V.(2013) Melhoramento de plantas 6. ed. rev. e ampl. - Viçosa, MG : Ed. UFV, 523p
- Borrelli, V. M. G., Brambilla, V., Rogowsky, P., Marroco, A., Lanubile, A. (2018) The enhancement of plant disease resistance using CRISPR/Cas9 Technology. *Frontiers in Plant Science*, vol 9, artigo 1245, p. 1-15.
- Boteon, M. (2005) Desafios da fruticultura e o mercado de mamão. In: MARTINS, D.S. (Ed.). Papaya Brasil: mercado e inovações tecnológicas para o mamão. Vitória: Incaper, p. 15-21, *Bragantia* vol 71, p. 455–459.
- Brown, J. K. M. (2015) Durable resistance of crops to disease: a Darwinian perspective. *Annual Review of Phytopathology*, v. 53, p. 513-539.
- Carvalho, C. G. P. de, Grunvald , A. K., Bassoli, P. A. C. , Amabile, R. F. , Carvalho, H. W. L.de , Oliveira, I. R. de, Godinho, V. de P. C., Oliveira, A. C. B. de, Gonçalves, S. L., Ramos, N. P. (2011) Coeficiente de determinação genotípico e fenotípico entre rendimento de grãos e teor de óleo de genótipos de girassol. In: *Anais da 19ª Reunião Nacional de Pesquisa de Girassol/7º Simpósio Nacional sobre a Cultura do Girassol - Aracaju/SE*.
- Chambers, K. R. (1978) Studies on *Asperisporium caricae*, the causal organism of papaya black spot organism. *Phytophylactica*, vol 19, 113 p.

- Chambers, K.R; Rijkenberg, F.H.J. (1987) Culture of *Asperisporium caricae*, the papaya black spot organism. *Phytophylactica*, vol 19, n.1, p.113.
- Clair, D. A. S. (2010) Quantitative disease resistance and quantitative resistance loci in breeding. *Annual Review of Phytopathology*, v. 48, p. 247-268.
- Costa, A. F. S. da (2003) Aspectos gerais do melhoramento do mamoeiro. Papaya Brasil. In: <https://biblioteca.incaper.es.gov.br/digital/bitstream/item/862/1/2003-cap-10.pdf>. cap 10.
- Cruz CD. 2005. Princípios da genética quantitativa. Viçosa: Editora UFV, 394p.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2014) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa-MG: UFV, 480p.
- Damasceno Junior, P. C., Costa, F. R., Pereira, T. N. S., Freitas Neto, M., Pereira, M. G. (2009) Karyotype determination in three Caricaceae species emphasizing the cultivated form (*Carica papaya* L.). *Caryologia*, vol 62, p.10-15.
- Dianese, A.C., Blum, L.E.B, Dutra, J.B, Lopes, L.F, Sena, M.C, Freitas, L.F, Yamanishi, O.K. (2007) Reação de Genótipos de Mamoeiro à Variola e à Podridão-do-pé. *Fitopatologia Brasileira*, vol 32, p. 419–423.
- Dias, N. L. P, Oliveira, E. J. de, Dantas, J. L. L. (2011) Avaliação de genótipos de mamoeiro com uso de descritores agronômicos e estimação de parâmetros genéticos. *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, vol 46, n.11, p.1471-1479.
- Falconer, D.S. (1987) Introdução à genética quantitativa. Viçosa: UFV, 279p.
- Falconer, D.S.; MACKAY, T.F.C. Introduction to quantitative genetics. 4 ed. London: Longman, 1996. 464 p.
- Faostat - Food and Agriculture Organization of the United Nations (2021). Crops: 2019. In: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/> Acesso em 24 de janeiro de 2022.

- Ferrão, R.G., Cruz, C.D., Ferreira, A., Cecon, P.R., Ferrão, M.A.G., Fonseca, A.F.A. Carneiro, P.C.S., Silva, M.F. (2008). Parâmetros genéticos em café conilon. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 43: 61- 69.
- Filho, H. P. S., Oliveira, A. A. R., Noronha, A. C. da S., Sanches, N. F., Lopes, F. F., Andrade, P. R. O., Osório, A. C. B, Souza, J. A. de, Oliveira, A. M. G., Santos, M. de J. (2007) Monitoramento e controle da pinta preta do mamoeiro. Cruz das Almas, BA: Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, 5 p.
- Flint-Garcia, S.A., Thuillet, A.C., YU, J.M., Pressoir, G., Romero, S.M., Mitchell, S.E., Doebley, J., Kresovich, S., Goodman, M.M., Buckler, E.S. (2005) Maize association population: a high-resolution platform for quantitative trait locus dissection. *Plant Journal*, Oxon, vol 44, n. 6, p. 1054-1064.
- Freitas Neto, M. (2010) Estudos citogenéticos em espécies Caricáceas com uso potencial no melhoramento genético do mamoeiro. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro 75p.
- Freitas-Júnior, S. P.; Amaral Júnior, A. T.; Pereira, M; G.; Cruz, C. D.; Scapim, C. A. (2006) Capacidade combinatória em milho-pipoca por meio de dialelo circulante. *Pesq. agropec. bras.*, Brasília, v.41, n.11, p.1599-1607.
- Gardner, C., Eberhart, S. (1966) Analysis and Interpretation of the Variety Cross Diallel and Related Populations. *Biometrics* 22: 439–452.
- Giacometti, D.C.; Ferreira, F.R. (1988)Melhoramento genético do mamão no Brasil e perspectivas. In: Simpósio brasileiro sobre a cultura do mamoeiro, 2., 1988, Jaboticabal, SP. Anais... Jaboticabal, SP: FCA/UNESP, p.377-38.
- Griffing, B. (1956) Concept of general and especific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust J Biol Sci* 9: 463–493
- Guatimosim, P. (2020) Sexagem molecular do mamoeiro reduz custos de produção e aumenta rendimento. Disponível em: <http://www.faperj.br/?id=4090.2.0> Acessado em: 20 fevereiro 2021.

- Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.B. (2010) Quantitative genetics in maize breeding. 3.ed. New York: Springer, 663
- Hallauer, A.R., Carena, M.J., Miranda Filho, J.B. (2010) *Quantitative genetics in maize breeding*. 3.ed. New York: Springer, 663p
- Hallauer, A.R., Lopez-Perez, E. (1979) Comparisons among tasters for evaluating lines of corn. In: IL.Am. (org) Proc. 34th Annu. Corn Sorghum Research Conference Chicago. Washington D.C.: Seed Trade Assoc., p. 57–75
- Hamawaki, O.T., Sousa, L.B., Romanato, F.N., Nogueira, A.P.O., Santos Júnior, C.D., Polizel, A.C. (2012). Genetic parameters and variability in soybean genotypes. *Comunicata Scientiae* 3: 76-83.
- Hammond-Kosack, K. E., Kanyuka, K. (2007) Resistance genes (R genes) in plants: a review. In: Encyclopedia of life sciences. Wiley Interscience.
- Hayman, B.I. (1954a) The Analysis of Variance of Diallel Tables. *Biometrics* 10: 235–244.
- Hayman, B.I. (1954b) The Theory and Analysis of Diallel Crosses. *Genetics* 39: 789–809.
- Hogenhout, S. A. et al. (2009) Emerging concepts in effector biology of plant associated organisms. *Molecular Plant Microbe Interactions*, vol 22, p. 115-122.
- Holliday, P. (1980) Fungus diseases of tropical crops. Cambridge: Cambridge University Press, 607 p.
- INCAPER, (2020). Polos de fruticultura – Mamão. In: <https://www.incaper.es.gov.br/fruticultura-mamão>. Acessado 8 abril 2020.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE (2021). In: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria>. Acessado 24 janeiro 2022.
- International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences, vol 7, número 11, p. 309-314.

- James, W.C. (1974) Assessment of plant diseases and losses. *Annual Review of Phytopathology* vol 12, p. 27-48.
- Johnson, R., Taylor, A. J. (1976) Spore yield of pathogens in investigations of the race-specificity of host resistance. *Annual Review of Phytopathology*, vol 14, p. 97-119.
- Kuhlcamp, K.T., Macêdo, I., Barros, F.L.S., Moreira, O.M. (2018) Métodos de avaliação e parâmetros genéticos de pinta-preta em famílias de meios-irmãos de mamoeiro. In: Anais do VII Simpósio do papaya brasileiro. Vitória.
- Laranjeira, F. F. (2005) Problemas e perspectivas da avaliação de doenças como suporte ao melhoramento do maracujazeiro. In: Faleiro, F. G., Junqueira, N. T.V., Braga, M. F. Maracujá: germoplasma e melhoramento genético. Planaltina: Embrapa Cerrados. p.161-184.
- Leite, W. S., Pavan B. E., Filho, C. H. A. M., Neto, F A., Oliveira, C. B., Feitos, F. S. (2016) Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de soja. *Comunicata Scientiae*, v.7, p.302-310.
- Lima, F. A., Martins, M. V. V., Lima, J. S., Viana, F. M. P., Melo, J. G. M. (2012) Aprimoramento da germinação e avaliação da viabilidade de *Asperisporium caricae*, extraídos de folhas de mamoeiro como fonte de inóculo. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 1 ed., 22 p.
- Luna, J.V.U. Variedades de mamoeiros (1986). Epamig, Belo Horizonte, MG. Informe Agropecuário, v.12, n.134, p.14-18.
- Maciel, J. L. N., Danelli, A.L.D. (2018) Resistência genética de plantas a fungos. In: Monteiro, A. L. R, Danelli, A.L. D., Pereira, A. da S., Castro, C. M., Debona, D., Dianas, É de C., Rodrigues, F. de Á., Ferraz, H. G. M., Filho, J. V. de A., Maciel, J. L. N., Rios, J. A., Badel, J. L., Dallagnol, L. J., Thurow, L. B., Guimarães, L. M. da S., Eiras, M., Ceresini, P. C., Möller, P. A. (Ed.) Resistência genética de plantas a patógenos. Pelotas, RS: Universidade Federal de Pelotas, p. 359- 393, 437 p.

- Marin, S. L. D., Gomes, J. A., Salgado, J. S. (2018) A cultura do mamoeiro: tecnologias de produção. In: VII Simpósio do Papaya Brasileiro. 1ed. Vitória, ES: DCM/Incaper, v. 6, p. 01-68.
- Marin, S.L.D. (2001) Melhoramento genético do mamoeiro (*Carica papaya* L.): habilidade combinatória de genótipos dos grupos 'Solo' e 'Formosa'. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense – UENF, 117p.
- Marin, S.L.D., Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T. Do., Martelleto, L.A.P., Ide, C.D. (2006) Partial diallel to evaluate the combining ability for economically important traits of papaya. *Sci Agric* 63: 540–546.
- Martins, D. dos S., Costa, A. de F. S. da. (eds.) (2003) A cultura do mamoeiro: tecnologias de produção. Vitória, ES: Incaper, 497 p.
- Menezes, M., Oliveira, S.M.A. de. (1993) Fungos fitopatogênicos. Recife: UFRPE, Imprensa Universitária, 277p
- Miedaner, T.; Korzun, V. (2012) Marker-assisted selection for disease resistance in wheat and barley breeding. *The American Phytopathological Society (APS). Phytopathology*. vol 102, n 6, p. 560-566.
- Mistro, J. C.; Fazuoli, L. C.; Gonçalves, P. D. S.; Guerreiro Filho, O (2004) Estimates of genetic parameters and expected genetic gains with selection in robust coffee. *Crop breeding and applied biotechnology*, v. 4, p. 86-91.
- Moraes, R. , Vivas, M. , Silva, J. M. ; Daher, R. F., GRAVINA, G. A., Francelino, H. O., Cruz, D. P., Ramos, G. K. S., Pereira, M. G. (2019) Genetic parameters and performance of papaya genotypes to black spot resistance (*Asperisporium caricae*). *Australian journal crop science*, p. 649-655.
- Moraes, S.A. (2007) Quantificação de doenças de plantas. Disponível em: <https://www.infobios.com/doi/10.1590/S1519-89242007000100007>>doenças. Acessado 06 de junho 2020.
- Niks, R., Li, X., Marcel, T. C. (2015) Quantitative resistance to biotrophic filamentous plant pathogens: concepts, misconceptions, and mechanisms. *Annual Review of Phytopathology*, vol 53, p. 445-470.

- Oliveira, A. A. R., Filho, H. P. S., Andrade, E. C. de, Filho, P. E. M. (2011) Impacto potencial das mudanças climáticas sobre as doenças do mamoeiro no Brasil. In: Ghini, R., Hamada, E., Bettioli, E., Bettioli, W. Impacto das mudanças climáticas as sobre doenças de importantes culturas no Brasil. Jaguariúna, SP: Embrapa Meio Ambiente, 356p.
- Oliveira, C. R. R. de (2015) Resistência de mamoeiro à pinta-preta e variabilidade genética de *Asperisporium caricae* (SPEG.) MAUBL. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 74 p.
- Oliveira, E. J. et al.(2010) Correlações genéticas e análise de trilha para número de frutos comerciais por planta em mamoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 45, n. 8, p. 855-862.
- Pádua, T. R. (2019). Plano estratégico para a cultura do mamoeiro 2017-2021. 1 ed. Cruz das Almas, BA: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 32p.
- Parlevliet, J. E. (1978) Race-specific aspects of polygenic resistance of barley to leaf rust, *Puccinia hordei*. *Netherlands Journal of Plant Pathology*, v. 84, p. 121-126.
- Parlevliet, J.E. (2002). Durability of resistance against fungal, bacterial and viral pathogens; present situation. *Euphytica*, vol 124, 147-156.
- Pereira M.G., Ferregueti G. A., Ramos H. C. C., Santa-Catarina R., Vettorazzi J. C. F., Poltronieri T. P. S., Aredes, F. A. Z., Boechat, M. S. B., Azevedo, A. O. N., Moreira, N. F., Bohry, D., Pereira, T. N. S., Silveira, S. F., Vivas, M. (2018) Melhoramento genético do mamoeiro: programa UENF/CALIMAN. In: Martins DS (ed) VII Simpósio do papaya brasileiro: produção e sustentabilidade hídrica. Incaper, Vitória, p. 1-59
- Pereira, M. G., Pereira, Poltronieri, T. P. de S., T. N. S., Ramos, H. C. C., Santa Catarina, R., Vettorazzi, J. C. F., Arêdes, F. A. S., Boechat, M. S. B., Venâncio, T. M., Azevedo, A. O. N., Cortes, D. F. M., Moreira, N. F. Bohry, D., Silveira, S. F. da, Vivas, M., Ferregueti, G. A. (2019) Twenty-two-year papaya

- breeding program: from breeding strategy establishment to cultivar development. *Functional plant breeding journal*, vol 1, p. 9-27.
- Pilet-Nayel, M-L., Moury, B., Caffier, V., Montarry, J., Kerlan, M-C, Fournet, S., Durel, C-E., Delourme, R. (2017) Quantitative resistance to plant pathogens in pyramiding strategies for durable crop protection. *Frontiers in Plant Science*, vol 8, artigo1838, p 1-9.
- Pinto, F. O., Luz, L. N. da, Pereira, M. G., Cardoso, D. L., Ramos, H. C. C. (2013) Metodologia dos modelos mistos para seleção combinada em progênies segregantes de mamoeiro. *Agrária*, vol 8, n. 2, p. 211-217.
- Pípolo, V. C., Assis, J. S., Garcia, I. P. (1993) Adubação e resistência de plantas a doenças e nematoides. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina - PR, vol 14, n. 14, p. 40 - 46.
- Pirovani, A. A. V., Ramos, H. C. C., Poltronieri, T. P. S., Santa Catarina, R., Vettorazzi, J. C. F., Moraes, R., Vivas, M., Pereira, M., G. (2018) Avaliação de resistência à pinta-preta e mancha-de-phoma em genótipo hermafrodita M3. In: *Anais do VII Simpósio do papaya brasileiro*, Vitória.
- Poland, J.A., Balint-Kurt, P.J., Wisser, R. A., Pratt, R. C., Nelson, R.J. (2009) Shades of gray: the world of quantitative disease resistance. *Trends in Plant Science*, Cambridge, p. 21 – 29.
- Poltronieri, T. P. S. (2018) Melhoramento genético do Mamoeiro e mapeamento de locus de resistência quantitativa (Qrl) às doenças pinta-preta e mancha-de-phoma. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro 185p.
- Poltronieri, T.P.S., Silveira, S.F., Vivas, M., Santa Catarina, R., Cortes, D.F.M., Azevedo, A.O.N., Pereira, M.G. (2017) Selecting black-spot resistant papaya genotypes derived from backcrossing and hybrids. *Genetic and Molecular Research*, vol 12, p. 1-11.

- Prakash, J., K, Sing S.K., Goswami, A. K., Singh, P., Hussain, Z., Singh, A.K. (2018) Genetic diversity in qualitative and quantitative traits of papaya. *Indian Journal of Horticulture*, vol 75, p.165-171
- Ramalho, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. (2012) Experimentação em genética e melhoramento de planta. 3. ed. Lavras: UFLA. 328 p.
- Ramalho, M. A. P.; Santos, J.B. dos; Zimmermann, M. J. (1993) Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento de feijoeiro. Goiânia: UFG, p. 271.
- Ramalho, M.A.P. Santos, J.B. (2000) Genética na Agropecuária. Lavras - MG: UFLA, 472p.
- Ramos, H.C.C. et al. (2014) Combined Selection in Backcross Population of Papaya (*Carica papaya* L.) by the Mixed Model Methodology. *American Journal of Plant Sciences*, v.5, n.20, p.2973-2983.
- Resende, J.A.M., Martins, M.C. (2005) Doenças do mamoeiro. In: Kimati, H.; Amorim, L.; Rezende, J. A. M.; Bergamin Filho, A.; Camargo, L. E. A. (Ed.). Manual de fitopatologia. São Paulo: Agronômica Ceres, vol 2, p. 435-496.
- Resende, M. D. V. ; J. T. de Farias Neto (2001) Aplicação da metodologia de modelos mistos (reml/blup) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). *Rev. Bras. Frutic.*, Jaboticabal - SP, v. 23, n. 2, p. 320-324.
- Resende, M. D. V. (2006) O Software Selegen-Reml/Blup. Campo Grande: EMBRAPA, 305 p.
- Resende, M.D.V. de. (2007) Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético. Colombo: Embrapa Florestas, 359p.
- Santa-Catarina, R. (2016) Capacidade combinatória, heterose de linhagens endogâmicas recombinantes e análise de imagens digitais em mamoeiro (*Carica papaya* L.). Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de

Plantas) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro 86p.

- Santos, P.H.D. dos., Silveira, S.F. da., Vivas, M., Carvalho, B.M., Pereira, M.G. (2017) Alternative control to black spot disease in papaya genotypes. *Summa Phytopathol*, vol 4, p. 60–62.
- Sasaki , F. F. C, Pereira, M. E. C., Morais, P. L. D., Almeida, G. V. B., Terao, D., Oster, A. H., Cerqueira ,T. S. (2018) Manejo pós-colheita e desenvolvimento de tecnologias para aplicação em pós-colheita para redução do uso de agrotóxicos em mamão. In: Anais do VII Simpósio do papaya brasileiro. Vitória, p.1 – 20.
- Shantamma, S.G., Mantur, S.C., Chandrashekar, K.T., Patil, R., Patil, B. (2018) Status of Black Spot of Papaya (*Asperisporium caricae*): A New Emerging Disease.
- Shew, H. D., Shew, B. B. (1994) Host resistance. In: Campbell, C. L. e Benson, D. M. (Eds.) Epidemiology and management of root diseases. Heidelberg: Springer-Verlag, p. 244-275.
- Sikora, R. A., Brigde, J., Starr, J. L. (2005) Management practices: an overview of integrated nematode management Technologies. In: LUC, M., SIKORA, R. A., BRIGDE, J. Plants Parasitic Nematodes in Subtropical and Tropical Agriculture. 2. ed. Wallingford: CAB International, p. 793-826.
- Silva T. N., Moro, G. V., Moro, F. V., Santos, D. M. M. dos, Buzinaro, R. (2016) Correlation and path analysis of agronomic and morphological traits in maize. *Revista Ciência Agronômica*, vol 47, n. 2, p. 351-357.
- Silva, F.F. da., Pereira, M.G., Campos, Wellington Ferreira Damasceno Junior, P.C., Pereira, T.N.S., Souza Filho, G.A. de., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Ferregueti, G.A. (2007) DNA marker-assisted sex conversion in elite papaya genotype (*Carica papaya* L.). *Crop Breed Appl Biotechnol*, vol 7, p. 52–5
- Silva, L. G. (2010) Isolamento e crescimento de *Asperisporium caricae* e sua relação filogenética com *Mycosphaerellaceae*. Dissertação (Mestrado em Fitopatologia) – Viçosa – MG, Universidade Federal de Viçosa, 58p.

- Silvério, T. C., Rezende, N. C., Pivoto, H. C., Salles, R. E., Martelleto, L. A. P. (2015). Ação do leite de vaca adicionado à calda bordalesa, associado a diferentes densidades de cultivo, na ocorrência da varíola do mamoeiro. *Cadernos de Agroecologia*, número 3, vol 10.
- Silvério, T.C.; Martelleto, L.A.P.; Resende, N.C.; Pivoto, H.C.; Ferreira, L.I. (2018) Influência das variáveis climáticas na incidência da varíola do mamoeiro “Sunrise Golden” em diferentes densidades de cultivo sob manejo orgânico de produção. *Revista Agrogeoambiental*, v. 10, n.4.
- Souza Júnior, C. L. de, Câmara, T. M. M., Bento, D. A. V., Alves, G. F., Santos, M. F, Moreira, J. U. V. (2007) Parâmetros genéticos de caracteres relacionados à tolerância à deficiência hídrica em milho tropical. *Bragantia*, Campinas, vol 66, n.4, p.595-603
- Sprague, G.F.; Tatum, L.A. (1998) General vs. Specific combining ability in single crosses of corn. *Journal of American Society of Agronomy*, Madison, v. 34, p. 923-932.
- Storey, W.B. (1953) Genetics of the papaya. *Journal of Heredity*, v.44, p.70-78.
- Suzuki, M.S., Zambolim, L., Liberato, J.R. (2007) Progresso de doenças fúngicas e correlação com variáveis climáticas em mamoeiro. *Summa Phytopathologica*, Botucatu, v. 33, n.2, p.167-177.
- Taha, R. M., Al-Shara, B., Rashid, K. (2018) Biotechnological methods and limitations of micropropagation in papaya (*Carica papaya* L.) production: a review. *The Journal of Animal & Plant Sciences*, vol 28, n.5, p.1208-1226.
- Terra, C.E.P.S., Vivas, M., Melo, C.S., Silveira, S.F., Pereira, M.G. (2008) Elaboração e validação de escala diagramática para avaliação da severidade da podridão preta (*Phoma caricae papayae*) em folhas de mamoeiro (*Carica papaya*). In: XX Congresso Brasileiro de Fruticultura. Vitória ES.: Anais.
- Thiribhuvanamala, G., Alice, D., Parthasarathy, S., Karthikeyan G., Krishna, M. R., Sundaram, K. S. (2016) Prevalence of black leaf spot of papaya caused by *Asperisporium caricae* in Tamil Nadu, India. *Pest Manag Hortic Ecosyst*, vol 22, n. 2, p. 193-194.

- Thurrow, L. B., Castro, C. M., Pereira, A. da S. (2018) Melhoramento de plantas visando à resistência a patógenos. In: Monteiro, A. L. R, A.L. D., Danelli, P. A. da S., Castro, C. M., Debona, D., Dianes, É de C., Rodrigues, F. de Á., Ferraz, H. G. M., Filho, J. V. de A., Maciel, J. L. N., Rios, J. A., Badel, J. L., Dallagnol, L. J., Thurrow, L. B., Guimarães, L. M. da S., Eiras, M., Ceresini, P. C., Möller, P. A. (Ed.) Resistência genética de plantas a patógenos. Pelotas, RS: Universidade Federal de Pelotas, p. 66- 102, 437 p.
- Van Der Plank, J. E. (1982) Host-Pathogen Interaction in Plant Disease. *Academic Press*, New York/London, 207 p.
- Van Droogenbroeck, B.; Breyne, P.; Gotghebeur, P.; Romeijn-Peeters, E.; Kyndt, T.; Gheysen, G. (2002) AFLP analysis of genetic relationships among papaya and its wild relatives (Caricaceae) from Ecuador. *Theoretical and Applied Genetics*, v.105, p.289-297.
- Van Droogenbroeck, B.; Kyndt, T.; Maertens, I.; Romeijn-Peeters, E.; Scheldeman, X.; Romero-Motochi, J.; Van Damme, P.; Goetghebeur, P.; Gheysen, G. (2004) Phylogenetic analysis of the highland papayas (*Vasconcellea*) and allied genera (Caricaceae) using PCR-RFLP. *Theoretical and Applied Genetics*, v.108, p.1473-1486.
- Vanderplank, J.E. (1963) Plant Disease: Epidemics and Control. Academic Press, New York, 349 p.
- Vencovsky, R. (1970) Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades. Tese (Livre Docência) - Piracicaba - SP. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - ESALQ, 59p.
- Vencovsky, R. and Barriga, P. (1992) Genética biométrica no fitomelhoramento. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 496 p.
- Ventura, J. A., Costa, H., Tatagiba, J. S. (2003) Manejo das doenças do mamoeiro. In: Martins, D. dos S., Costa, A. F S. (eds.). A cultura do mamoeiro: tecnologias de produção. Vitória: Incaper, p.231 - 308.

- Vieira, A., Ruggieiro, C., Marin, S. L. D. (2003). Fitotoxicidade de fungicidas, acaricidas e inseticidas sobre o mamoeiro (*Carica papaya* L.) cultivar sunrise solo improved line 72/12. *Revista brasileira de fruticultura*, vol 25, p. 75 – 178.
- Vilarino, C. (2020). Brasil bate recorde e atinge pela primeira vez US\$ 1 bilhão em exportação de frutas. In: <https://revistagloborural.globo.com/Noticias/Economia/noticia/2020/01/brasil-bate-recorde-e-atinge-pela-primeira-vez-us-1-bilhao-em-exportacao-de-frutas.html>. Acessado 8 abril 2020.
- Vivas, J. M. S. (2014) Identificação e caracterização de fungos hiperparasitas de *Asperisporium caricae*. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 80 p.
- Vivas, M. (2009) Avaliação de germoplasma e híbridos de Mamoeiro quanto à resistência a doenças causadas pelos fungos *Asperisporium caricae*, *Colletotrichum gloeosporioides*, *Oidium caricae* e *Phoma caricae-papayae*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 111p.
- Vivas, M., Terra, C.E.P. da S., Silveira, S.F. da, Fontes, R. V., Pereira, M.G. (2010) Escala diagramática para avaliação da severidade de pinta-preta em frutos de mamoeiro. *Summa Phytopathologica* 36:161-163.
- Vivas, M., Silveira, S.F. da., Terra, C.E.P. da S., Pereira, M.G. (2011) Testers for combining ability and selection of papaya hybrids resistant to fungal diseases. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, vol 11, p. 36–42.
- Vivas, M. (2012). Melhoramento genético do mamoeiro visando resistência à pinta-preta, mancha-de-phoma e oídio. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 133p.
- Vivas, M., Silveira, S.F. da., Cardoso, D.L., Pereira, M.G., Santos, P.H.D. dos., Ferregueti, G.A. (2012a) Capacidade combinatória e heterose para

resistência a pinta-preta em mamoeiro por meio de análise dialélica. *Trop Plant Pathol* 37: 326–332.

Vivas, M., Silveira, S.F., Cardoso, D.L., Pereira, M.G., Santos, P.H.D., Ferreguetti, G.A., (2012b) Capacidade Combinatória e heterose para resistência a pinta-preta em mamoeiro por meio de análise dialélica. *Tropical Plant Pathology*, vol 37, p. 326– 332.

Vivas, M., Silveira, S.F. da., Vivas, J.M.S., Pereira, M.G. (2012c) Patometria, parâmetros genéticos e reação de progênies de mamoeiro à pinta-preta. *Bragantia*, Campinas, v. 71, n. 2, p.235-238.

Vivas, M., Silveira, S.F. da., Cardoso, D.L., Pereira, M.G., Vivas, J.M.S., Ferreguetti, G.A. (2012d) Capacidade combinatória em mamoeiro para resistência a oídio.

Vivas, M., Felipe, S., Maganha, J., Vivas, S., Pereira, M. (2013a) Predição de ganhos genéticos e seleção de progênies de mamoeiro para resistência à pinta-preta. *Tropical Plant Pathology* vol 38, p. 142–148.

Vivas, M., Silveira, S.F. da., Amaral Junior, A.T. do., Cardoso, D.L., Pereira, M.G. (2013b) Herança da resistência do mamoeiro a doenças fúngicas com base em análise dialélica de Hayman. *Bragantia*, vol 72, p. 332–337.

Vivas, M., Silveira, S.F. da., Cardoso, D.L., Amaral Júnior, A.T. do., Pereira, M.G. (2014a) Heterose para resistência a mancha-de-phoma em híbridos de mamoeiro obtidos a partir de cruzamentos entre e dentro de grupos heteróticos. *Summa Phytopathol* 40: 318–322.

Vivas, M.; Silveira, S. F.da; Vivas, J. M. S.; Viana, A. P.; Amaral Junior, A. T. do; Pereira, M. G (2014b) Seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma via modelos mistos. *Bragantia*, vol 73, p. 446-450.

Vivas, M., Silveira, S. F., Pio-Viana. A., Amaral-Junior, A. T., Ferreguetti, G. A., Pereira, M. G. (2015) Resistance to multiple foliar diseases in papaya genotypes in Brazil. *Crop Protection*, vol 71, p.138-143.

- Vivas, M., Silveira, S. F., Vivas, J. M. S., Santos, P. H. D., Carvalho, B. M., Daher, R. F., Amaral, A. T., Pereira, M. G. (2017) Phenotypic characterization of papaya genotypes to determine powdery mildew resistance. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, vol 17, p. 198-205
- Yadagiri, J., Gupta, N. K., Tembhire, D., Verma, S. (2017) Genetic variability, Heritability and Morphological Characterization in Bitter Gourd (*Momordica charatia* L.). *Internacional Journal of Pure and Applied Bioscience*, vol 5, p. 1322-1327.
- Young, N.D. (1996) QTL mapping and quantitative disease resistance in plants. *Annual Review Phytopathology*, vol 34, p. 479-501.
- Yuan, S. et al. (2019) Characterization of defense responses in the 'green ring' and 'red ring' on jujube fruit upon postharvest infection by *Alternaria alternata* and the activation by the elicitor treatment. *Postharvest Biology and Technology*, v.149, p. 166-176.
- Zhu, Y. J., Jia, R. (2016) Papaya genome analysis for disease resistance genes and molecular markers in *Carica papaya* and wild relative: *Vasconcellea goudotiana*. *Acta Horticulturae*, vol 111, p.1–6.