

**SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPOPULACIONAL EM MAMOEIRO:  
SELEÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES**

**IZAIAS RODRIGUES DA SILVA JUNIOR**

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

**CAMPOS DOS GOYTACAZES  
JUNHO – 2023**

SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPOPULACIONAL EM MAMOEIRO:  
SELEÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES

**IZAIAS RODRIGUES DA SILVA JUNIOR**

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

Orientador: Prof. Messias Gonzaga Pereira

CAMPOS DOS GOYTACAZES  
JUNHO – 2023

**FICHA CATALOGRÁFICA**

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

S586

Silva Junior, Izaías Rodrigues da.

Seleção Recorrente Intrapopulacional em Mamoeiro : Seleção de Progenies Superiores / Izaías Rodrigues da Silva Junior. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2023.

120 f. : il.

Bibliografia: 90 - 106.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2023.

Orientador: Messias Gonzaga Pereira.

1. *Carica papaya* L. 2. melhoramento genético. 3. análise de correlação. 4. seleção combinada. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

SELEÇÃO RECORRENTE INTRAPOPOPULACIONAL EM MAMOEIRO:  
SELEÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES

IZAIAS RODRIGUES DA SILVA JUNIOR

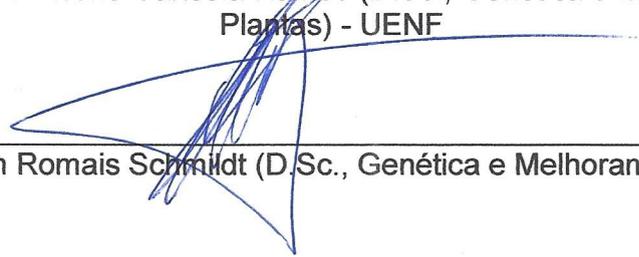
“Tese apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas.”

Aprovada em 09 de junho de 2023

Comissão Examinadora:

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

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

  
\_\_\_\_\_  
Prof. Edilson Romais Schmidt (D.Sc., Genética e Melhoramento) - UFES

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

## **DEDICATÓRIA**

Aos meus pais Izaias e Ruth. Aos meus irmãos Matheus,  
Kessy, Méghan e Winne e ao meu querido filho Pedro.  
Dedico esta conquista!

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, pelo dom da vida;

Aos meus pais, Ruth e Izaias, que sempre pacientes e compreensivos, deram todo o apoio e incentivos necessários;

Às minhas irmãs Kessy, Méghan e Winne, pela amizade e companheirismo. Ao meu irmão Matheus, por todo amor e carinho;

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

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro - FAPERJ pelo suporte financeiro;

Ao professor Dr. Messias Gonzaga Pereira, meu orientador, que sempre me atendeu com muita paciência e disposição. Por todo apoio e aprendizado transmitido durante esta etapa. Sua supervisão e acompanhamento foram essenciais;

Aos demais professores do LMGV, em especial, aos meus conselheiros, professores Marcelo Vivas e Helaine C.C. Ramos, pelos ensinamentos e contribuições durante o doutoramento;

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

A todos amigos, pela lealdade, confiança e motivação. Agradeço em especial aos amigos que fiz durante o doutorado e que me auxiliaram nesta pesquisa, Renato, Julio, Adriana, Daniel, Alex, Catiane e toda a equipe de trabalho que me acolheu e tornou a caminhada mais agradável;

Aos meus amigos Breno Gabriel e Silas Harim;

À Dr<sup>a</sup> Rafaela Pereira Duarte, pelo apoio, paciência e suporte indispensáveis;

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

Enfim, meu muito obrigado a cada um que contribuiu para a realização deste trabalho. Sem vocês, ele não seria possível!

## SUMÁRIO

RESUMO.....	viii
ABSTRACT.....	xi
1. INTRODUÇÃO .....	1
2. OBJETIVOS.....	3
2.1 Geral.....	3
2.2 Específicos .....	3
3. CAPÍTULOS.....	4
3.1. CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE PROGÊNIES S <sub>1</sub> DE MAMOEIRO VIA ANÁLISE MULTIVARIADA.....	4
3.1.1. INTRODUÇÃO .....	4
3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA .....	6
3.1.2.1. Aspectos gerais da cultura .....	6
3.1.2.2. Importância econômica do mamoeiro.....	8
3.1.2.3. Diversidade genética .....	9
3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS .....	11
3.1.3.1. Breve histórico do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF / CALIMAN .....	11
3.1.3.2. Material genético – 40 Progênies S <sub>1</sub> de mamoeiro.....	11
3.1.3.3. Local e condições experimentais .....	12
3.1.3.4. Avaliação fenotípica de progênies.....	13
3.1.3.4.1. Características avaliadas com base na planta .....	14

3.1.3.4.2. Características avaliadas com base na parcela: .....	14
3.1.3.5. Análise estatística.....	16
3.1.3.5.1. Estatística descritiva.....	16
3.1.3.5.2. Diversidade genética .....	16
3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	17
3.1.4.1. Estatística Descritiva .....	17
3.1.4.2. Diversidade genética .....	20
3.1.5. CONCLUSÃO.....	29
3.2. INTER-RELAÇÕES ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS EM MAMOEIRO.....	30
3.2.1. INTRODUÇÃO .....	30
3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA .....	32
3.2.2.1. Relação entre Caracteres.....	32
3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS .....	34
3.2.3.1 Breve histórico do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN.....	34
3.2.3.2. Material genético – 40 Progênies S <sub>1</sub> de mamoeiro .....	35
3.2.3.3. Local e condições experimentais .....	36
3.2.3.4. Avaliação fenotípica de progênies.....	37
3.2.3.4.1. Características avaliadas com base na planta .....	37
3.2.3.4.2. Características avaliadas com base na parcela: .....	38
3.2.3.5. Análise estatística.....	39
3.2.3.5.1. Correlação genotípica .....	39
3.2.3.5.2 Correlação canônica.....	40
3.2.3.5.3. Análise de trilha.....	40
3.2.4.RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	41
3.2.4.1. Correlações Genotípicas .....	41
3.2.4.2. Correlações Canônicas .....	44
3.2.4.3. Análise de Trilha.....	46
3.2.5. CONCLUSÃO.....	50
3.3. SELEÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES DE MAMOEIRO VIA MODELOS MISTOS .....	51
3.3.1. INTRODUÇÃO .....	51
3.3.2. REVISÃO DE LITERATURA .....	52

3.3.2.1. Melhoramento genético do mamoeiro .....	52
3.3.2.2. Seleção recorrente .....	54
3.3.2.3. REML/BLUP no melhoramento de mamoeiro .....	56
3.3.2.4. Índice de seleção.....	57
3.3.3. MATERIAL E MÉTODOS .....	58
3.3.3.1. Breve histórico do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN.....	58
3.3.3.2. Material genético – 40 Progênes S <sub>1</sub> de mamoeiro .....	59
3.3.3.3. Local e Condições experimentais.....	60
3.3.3.4. Avaliação fenotípica de progênes.....	61
3.3.3.4.1. Características avaliadas com base na planta: .....	61
3.3.3.4.2 Características avaliadas com base na parcela: .....	61
3.3.3.5. Análise estatística.....	62
3.3.3.5.1. Modelos Mistos – REML/BLUP .....	62
3.3.3.5.2. Seleção combinada e direta .....	64
3.3.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	65
3.3.4.1. Componentes de variância e parâmetros genéticos .....	65
3.3.4.2 Seleção combinada de progênes via modelos mistos .....	71
3.3.4.3 Perfil da seleção direta de progênes .....	80
3.3.5 CONCLUSÃO.....	89
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	90

## RESUMO

SILVA JUNIOR, Izaias Rodrigues da; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; junho de 2023; Seleção recorrente intrapopulacional em mamoeiro: seleção de progênies superiores; Orientador: D.Sc Messias Gonzaga Pereira; Conselheiros: D.Sc Helaine Christine Cancela Ramos e D.Sc Marcelo Vivas.

O Brasil figura entre os maiores países produtores de mamão, apresentando produção anual em torno de 1 milhão de toneladas. Assim, o mamoeiro tem grande importância para o agronegócio brasileiro. Contudo, existe o cultivo preferencial de um número reduzido de cultivares, o que contribui para uma restrita variabilidade genética nos campos de produção de mamoeiro, tornando a cultura mais vulnerável ao ataque de pragas e doenças. Esse fato evidencia a necessidade do desenvolvimento de novas cultivares que contornem estes problemas e que atendam às demandas do mercado consumidor. Nesse contexto, o presente estudo objetivou a avaliação, caracterização e seleção de 40 progênies  $S_1$  agronomicamente superiores oriundas do programa de seleção recorrente em mamoeiro da UENF/CALIMAN. O experimento consistiu em um DBC com cinco repetições e cinco plantas por parcela. Quatorze características foram avaliadas: número de frutos comerciais, número de frutos deformados, número de nós sem fruto, altura de planta, diâmetro de colmo, comprimento e diâmetro de fruto, peso médio de fruto, produção de frutos por planta, volume e espessura de polpa, firmeza de fruto e polpa e teor de sólidos solúveis. As análises biométricas realizadas foram

organizadas em três capítulos. O primeiro capítulo objetivou a caracterização das 40 progênies S<sub>1</sub>. Foram realizadas a análise descritiva das observações, bem como análise de diversidade. Por estas análises, foi possível verificar a existência de variabilidade no conjunto de progênies. Foram formados 5 grupos com características inerentes aos dois grupos heteróticos da cultura, Solo e Formosa. Os grupos II e III se enquadraram no tipo Solo; ao passo que os grupos I, IV e V apresentaram características de frutos Formosa. Foram observadas variações intragrupos para características de produção e qualidade de frutos. Em médio e longo prazo, as 40 progênies S<sub>1</sub> podem ser utilizadas para a obtenção de linhagens ou como genitoras de novas cultivares híbridas com características desejáveis para produção qualidade de frutos. O segundo capítulo abordou o estudo das associações e as causas e efeitos diretos e indiretos entre as características. Foi possível identificar 39 estimativas de correlação genética significativas entre as características. O maior coeficiente de correlação positivo foi observado entre peso médio de fruto e diâmetro de fruto (0,91) e a maior correlação no sentido negativo foi observada entre número de frutos deformados e peso médio de fruto (-0,71). O resultado da análise de correlação canônica demonstrou que o aumento na produtividade associado ao menor número de frutos comerciais é decorrente do incremento do peso médio dos frutos. Por sua vez, o resultado da análise de trilha revelou que o número de frutos comerciais e a espessura de polpa foram as características que exercem maior efeito direto sobre a produção de frutos por planta. A análise de trilha não explicou as associações entre as variáveis físico-químicas e a produção de frutos por planta, indicando que a utilização de índices de seleção combinada é uma estratégia importante para a seleção de progênies de mamoeiro com alta produtividade e qualidade de fruto. O terceiro capítulo objetivou estimar os parâmetros genéticos e efetuar a seleção de progênies para 14 características relacionadas à produção e qualidade de frutos. As características avaliadas apresentaram estimativas de herdabilidade média de progênies acima de 50%, o que demonstra situação favorável à seleção de progênies para o desenvolvimento de genótipos superiores de mamoeiro. Ao todo, 33 plantas agronomicamente superiores foram selecionadas, sendo 24 selecionadas via seleção combinada e nove via seleção direta para peso médio de fruto, teor de sólidos solúveis e número de frutos comerciais. Estes genótipos são promissores, portadores de alelos favoráveis para as características em questão e devem ser

considerados dentro do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN.

**Palavras-chave:** *Carica papaya* L.; melhoramento genético; análise de correlação; seleção combinada.

## **ABSTRACT**

SILVA JUNIOR, Izaias Rodrigues da; D.Sc.; State University of North Fluminense Darcy Ribeiro; June 2023; Intrapopulation recurrent selection in papaya: selection of superior progenies; Advisor: D.Sc. Messias Gonzaga Pereira; Counselors: D.Sc. Helaine Christine Cancela Ramos and D.Sc. Marcelo Vivas.

Brazil is among the largest papaya producing countries, with an annual production of around 1 million tons. Thus, papaya is of great importance for Brazilian agribusiness. However, there is preferential cultivation of a small number of cultivars, which contributes to a restricted genetic variability in papaya production fields, making the crop more vulnerable to attack by pests and diseases. This fact highlights the need to develop new cultivars that overcome these problems and meet the demands of the consumer market. In this context, the present study aimed to evaluate, characterize and select 40 agronomically superior  $S_1$  progenies from the papaya recurrent selection program at UENF/CALIMAN. The experiment consisted of a DBC with five blocks and five plants per plot. Fourteen traits were evaluated: number of commercial fruits, number of deformed fruits, number of fruitless nodes, plant height, stem diameter, fruit length and diameter, average fruit weight, fruit production per plant, volume and thickness of fruit pulp, fruit and pulp firmness and soluble solids content. The biometric analyzes carried out were organized into three chapters. The first chapter aimed to characterize the 40  $S_1$  progenies. A descriptive analysis of the observations was performed, as well as diversity analysis. Through these analyses, it was possible to verify the existence of variability in the set of progenies. Five groups were formed with

characteristics belonging to the two heterotic groups of the crop, Solo and Formosa. Groups II and III fit into the Solo type; while groups I, IV and V showed characteristics of Formosa fruits. Intragroup variations were observed for production characteristics and fruit quality. A medium to long term, the 40 S<sub>1</sub> progenies can be used to obtain lines or as progenitors of new hybrid cultivars with desirable characteristics for the production of fruit quality. The second chapter addressed the study of associations and direct and indirect causes and effects between the traits. It was possible to identify 39 genetic correlation estimates among the traits. The highest positive correlation coefficient was observed between average fruit weight and fruit diameter (0.91). The result of the analysis of canonical correlation showed that the increase in productivity associated with the lower number of commercial fruits is due to the increase in the average weight of the fruits. In turn, the result of the path analysis revealed that the number of commercial fruits and pulp thickness were the traits that exert the greatest direct effect on the production of fruits per plant. Path analysis did not explain the associations between the physical-chemical variable and fruit production per plant, indicating that the use of selection index is an important strategy for selecting papaya progenies with high productivity and fruit quality. The third chapter aimed to estimate the genetic parameters and carry out the selection of progenies for 14 traits related to production and fruit quality. The traits evaluated obtained estimates of average heritability of progenies above 50%, which demonstrates a favorable situation for the selection of progenies for the development of superior papaya genotypes. Altogether, 33 agronomically superior plants were selected, 24 selected via combined selection and nine via direct selection for average fruit weight, soluble solid content and number of commercial fruits. These genotypes are promising, carrying of favorable alleles for the trait in question and should be considered within the recurrent selection program in papaya UENF/CALIMAN.

**Keywords:** *Carica papaya* L.; breeding; correlation analysis; combined selection.

## 1. INTRODUÇÃO

O mamoeiro (*Carica papaya* L.), pertencente à família Caricaceae, e seus frutos possuem ótima aceitação no mercado nacional e internacional, são adocicados, ricos em vitamina C, fibras, com diferentes cores de polpa, amplamente utilizados na alimentação humana em razão do seu excelente valor nutritivo e digestivo, sendo consumidos *in natura* ou na forma de produtos industrializados (Dantas et al., 2002; Rupasinghe e Yu, 2013; Fatima e Shahid, 2018).

O Brasil ocupa a segunda posição na produção mundial de mamão com 1,25 milhão de toneladas, equivalente a 9,01% do total produzido no mundo (IBGE, 2021). No cenário nacional, os maiores produtores são os estados do Espírito Santo (439.550 toneladas) e da Bahia (400.438 toneladas). Juntos respondem por 66,85% da produção brasileira, seguidos dos estados do Ceará (140.979 toneladas) e Rio Grande do Norte (103.431 toneladas) (IBGE, 2021).

Embora o volume total produzido faça com que o mamão figure entre as seis principais frutas do agronegócio brasileiro, movimentando mais de R\$1,4 bilhão, ocorreu uma significativa redução da produção das lavouras nos últimos anos, de 1,87 milhão de toneladas, em 2010, para 1,25 milhão de toneladas em 2021 (IBGE, 2021). Esta notável redução está associada também a uma restrita variabilidade genética nos campos de produção de mamoeiro, o que propicia maior suscetibilidade do cultivo ao ataque de pragas e doenças, e menor adaptabilidade às variações edafoclimáticas (Zaman et al., 2006; Galeano et al., 2022).

Para contornar estes problemas, várias pesquisas têm sido realizadas com o objetivo de ampliar a base genética da cultura e o desenvolvimento de novas cultivares de mamoeiro, mais produtivas, resistentes a pragas e doenças e com melhor qualidade de fruto. Nesse sentido, três instituições públicas se destacam no desenvolvimento de pesquisas de melhoramento genético do mamoeiro: a Universidade Estadual do Norte fluminense Darcy Ribeiro – UENF, a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Mandioca e Fruticultura) e o Instituto Capixaba de Pesquisa e Extensão Rural (INCAPER); essas instituições têm como objetivo principal o desenvolvimento de genótipos superiores capazes de contribuir substancialmente com o agronegócio do mamão no Brasil.

Um método de melhoramento genético que pode ser aplicado na cultura do mamoeiro visando ampliar a base genética e a obtenção de combinações superiores é a seleção recorrente. Esse método tem sido utilizado com sucesso em culturas de importância econômica como milho, feijão, soja e arroz (Rangel et al., 2011; Cordeiro e Rangel, 2011; Menezes Júnior et al., 2013; Freiria et al., 2019;). Entre as vantagens deste método destaca-se o aumento da frequência de alelos favoráveis com conseqüente incremento da média da população, sem reduzir a variabilidade genética. O método envolve três etapas: obtenção de progênies, avaliação de progênies e recombinação das progênies superiores para formar a geração seguinte. A cada ciclo, a seleção recorrente pode fornecer continuamente genótipos que podem ser utilizados diretamente como cultivares ou como fontes de linhagens em programas de produção de híbridos ou variedades.

Dentro desse contexto, a UENF é pioneira no emprego da seleção recorrente na cultura do mamoeiro. O programa de seleção recorrente intrapopulacional em mamoeiro visa, a cada ciclo, a obtenção de uma população de ampla base genética, com o intuito de desenvolvimento de híbridos com características que atendam às necessidades de mercado interno e externo, como qualidade de frutos e resistência a doenças, além da geração de novas pesquisas sobre as características genéticas dessa fruteira.

## 2. OBJETIVOS

### 2.1 Geral

- Seleção de progênies  $S_1$  agronomicamente superiores para produção e qualidade de frutos oriundas do programa de seleção recorrente intrapopulacional em mamoeiro.

### 2.2 Específicos

- Estimar a diversidade genética em progênies  $S_1$  oriundas do programa de seleção recorrente intrapopulacional de mamoeiro UENF/CALIMAN para auxiliar na etapa de seleção das progênies mais divergentes geneticamente;

- Estimar as inter-relações entre 14 caracteres morfoagronômicos em mamoeiro;

Avaliar características morfoagronômicas, estimar parâmetros genéticos e selecionar as progênies  $S_1$  superiores.

### **3. CAPÍTULOS**

#### **3.1. CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE PROGÊNIES S<sub>1</sub> DE MAMOEIRO VIA ANÁLISE MULTIVARIADA**

##### **3.1.1. INTRODUÇÃO**

O mamoeiro (*C. papaya* L.) é considerado uma espécie com variabilidade genética restrita, resultante da seleção a partir de uma base genética estreita devido ao isolamento geográfico e pelo cultivo preferencial de um número reduzido de cultivares (Ma et al., 2004; Ming et al., 2008; Chávez-Pesqueira e Núñez-Farfán, 2017). Nesse sentido, programas de melhoramento genético do mamoeiro têm por objetivo ampliar a base genética da cultura, aumentando assim, as chances de desenvolvimento de novas cultivares.

Portanto, é imprescindível estudar a diversidade genética em populações de mamoeiro para selecionar genitores geneticamente divergentes e com características interessantes para o desenvolvimento de híbridos ou a formação de populações segregantes. Uma vez que o estudo da divergência genética proporciona o conhecimento do grau de heterogeneidade ou nível de variação genética de uma população ou de indivíduos de uma determinada espécie, se torna

uma das etapas fundamentais para se obter sucesso em programas de melhoramento genético de plantas (Estopa, 2006).

Estudos de divergência genética em plantas perenes têm sido normalmente conduzidos com base em descritores morfoagronômicos por apresentarem baixo custo. As análises desses dados têm sido realizadas por técnicas multivariadas, as quais permitem avaliar o indivíduo por vários aspectos, proporcionando uma visão mais ampla de cada genótipo (Cruz et al., 2014).

As técnicas multivariadas constituem uma série de métodos biométricos empregados para estimar medidas de dissimilaridade entre indivíduos, visando a construção de gráficos de dispersão que viabilizam a análise da diversidade genética presente em uma população. Além disso, essas técnicas permitem a formação de agrupamentos de indivíduos que compartilham padrões de similaridade, ao passo que identificam quais atributos exercem maior influência na diversidade genética dos materiais em estudo (Cruz, 2014).

A utilização de técnicas multivariadas para estimar a divergência genética tem se tornado comum entre os melhoristas de plantas, em diferentes espécies, como soja, arroz, mandioca e pimenta (Oliveira et al., 2019; Passeri-lima et al., 2019; Gomes et al., 2020; Costa et al., 2020). Em mamoeiro, técnicas multivariadas foram utilizadas para estimar a diversidade genética entre diferentes genitores de híbridos (Pirovani et al., 2022), em que os resultados obtidos indicaram a possibilidade de seleção de genótipos com peso de fruto mais alto e mais baixo, confirmando a necessidade de purificação das linhagens.

Por meio de técnicas multivariadas, Vettorazzi et al. (2021) estimaram a divergência genética entre linhagens  $F_5$  recombinantes para 16 características morfoagronômicas, encontrando diferenças significativas ( $p < 0,01$ ) entre linhagens para todas elas. A diversidade genética observada nas linhagens de mamoeiro permitirá a seleção e indicação de linhagens a serem usadas em cruzamentos com outros testadores de elite para obtenção de híbridos que atendam às necessidades dos mercados nacionais e internacionais em relação ao tamanho, qualidade e rendimento das frutas.

A diversidade genética presente em uma população conduzida pelo método de seleção recorrente pode ser prejudicada, tornando a população mais homogênea, caso algumas estratégias não sejam adotadas, como amostragem representativa, manutenção do tamanho populacional adequado, seleção

equilibrada, ciclo de retrocruzamento e monitoramento da diversidade genética. Deste modo, este estudo teve como objetivo estimar a divergência genética, por meio de análises multivariadas, entre 40 progênies  $S_1$  de mamoeiro do programa de seleção recorrente UENF/CALIMAN com base em 14 características morfoagronômicas.

### 3.1.2. REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1.2.1. Aspectos gerais da cultura

O mamoeiro (*C. papaya* L.), gênero *Carica*, é pertencente à família Caricaceae. Atualmente, essa família está dividida em seis gêneros: *Carica*, *Cylicomorpha*, *Horovitzia*, *Jacaratia*, *Jarilla* e *Vanconcellea*. Dentre eles, o *Carica* é o de maior importância econômica (Badillo, 1993, 2000). Não há evidências arqueológicas diretas para o centro de origem do mamoeiro, contudo, a presença de populações naturais no México e na América Central sugerem uma origem Mesoamericana (Chávez-Pesqueira e Núñez-Farfán, 2017).

O mamoeiro é descrito como uma planta tipicamente tropical. Apresenta um sistema radicular pivotante com raiz principal bastante desenvolvida; suas raízes, majoritariamente, estão distribuídas nos primeiros 30 cm do solo. O caule é cilíndrico, herbáceo, fistuloso, ereto e pode chegar a 30 cm de diâmetro. Suas folhas, dispostas em espiral no terço superior do caule, são grandes, com 20 cm a 60 cm, glabras, com longos pecíolos fistulosos (Silva e Tassara, 1996; Dantas, 2000). Segundo Trindade (2000), o mamoeiro é de fácil propagação, apresenta grande densidade de plantas por hectare e rápido desenvolvimento, com alta produtividade durante todo o ano.

A espécie *C. papaya* L. é diploide e possui 18 cromossomos ( $2n = 2x = 18$ ) (Damasceno Junior et al., 2009a). Inicialmente, estudos sobre a herança sexual em mamoeiro indicavam que a determinação do sexo era controlada por um único gene com três alelos, *M1*, *M2* e *m*; plantas masculinas (*M1m*) e hermafroditas (*M2m*), heterozigotas, e plantas femininas (*mm*), homozigotas recessivas (Hofmeyr, 1938). Entretanto, com o avanço de técnicas moleculares, concluiu-se que a determinação

do sexo no mamoeiro é controlada geneticamente por um par de cromossomos sexuais,  $X$  e  $Y$ , recentemente evoluídos, havendo uma região genômica nos cromossomos  $Y$  e  $Y^h$ , denominada MSY em plantas masculinas e HSY em plantas hermafroditas, onde a recombinação com o  $X$  é suprimida. De tal modo que combinações  $XX$ ,  $XY$  e  $XY^h$  correspondem a plantas femininas, masculinas e hermafroditas, respectivamente (Ming et al., 2007).

O mamoeiro apresenta três tipos básicos de flores, que correspondem aos diferentes sexos da cultura. As flores masculinas apresentam flores menores organizadas em inflorescências em pedúnculo longo com ovário rústico e estéril. As flores femininas e hermafroditas apresentam ovário bem desenvolvido, são cerosas, branco-marfim, e estão inseridas diretamente no caule, em pedúnculos curtos nas axilas das folhas, ao longo do caule, isoladas ou agrupadas de duas a três flores. As flores femininas possuem formato piriforme e não apresentam estames, enquanto as flores hermafroditas são cilíndricas, geralmente compostas por cinco estigmas (Yogiraj et al., 2014).

Os frutos resultantes de plantas com flores femininas têm um valor comercial mais baixo, por apresentar uma forma arredondada ou ovalada. Por outro lado, os frutos gerados por plantas hermafroditas possuem formato alongado ou periforme, além de apresentarem menor cavidade interna e maior espessura de polpa. Essas características tornam esses frutos mais valorizados no mercado, o que explica o amplo uso de plantas hermafroditas em plantios comerciais (Costa e Pacova, 2003).

As plantas hermafroditas são classificadas como autógamias facultativas com cleistogamia, fenômeno em que a polinização é completada antes da abertura das flores (Damasceno Junior et al., 2009b). Diante disso, programas de melhoramento de mamoeiro podem ser direcionados para a obtenção de híbridos ou linhagens, já que as plantas de mamoeiro, quando autopolinizadas, não sofrem depressão por endogamia (Storey, 1953). Ademais, o processo de obtenção de híbridos é favorecido pela presença de plantas femininas, o que facilita a condução dos cruzamentos.

Na cultura do mamoeiro, dois grupos são relatados, “Solo” e “Formosa”, em que a classificação é definida basicamente pela característica peso de fruto. Frutos pertencentes ao grupo Solo apresentam peso médio entre 300 g e 750 g. Frutos

tipicamente Formosa apresentam peso médio acima de 750 g, podendo ultrapassar os 2 kg (Dantas e Neto, 2000).

### 3.1.2.2. Importância econômica do mamoeiro

O mamoeiro é cultivado em quase todos os continentes e sua importância econômica está, principalmente, na produção de frutos, consumidos *in natura* ou industrializados, que representam valioso alimento para consumo humano por possuir um alto valor nutritivo e digestivo (Dantas et al., 2002). Em 100 g do fruto maduro, têm-se 7,2 g de carboidrato, 0,8 g de fibra, 0,6 g de proteína e 0,5 g de minerais e apenas 32 calorias (Yogiraj et al., 2014). A importância econômica da espécie reside não apenas no fruto, mas também na produção de papaína, uma cisteína-protease amplamente utilizada nas indústrias têxtil, alimentícia e farmacêutica e cosmética (Oliveira et al., 1994).

Em 2021, a área total colhida foi de 486,161 mil hectares, com produção de 14,09 milhões de toneladas, concentrada, principalmente, na Ásia (57,41%) e nas Américas (31,86%). Os principais países produtores de mamão são a Índia, o Brasil, a Indonésia, a República Dominicana e o México, com 37,50%, 9,01%, 7,90%, 7,83% e 7,60%, respectivamente, da produção mundial (FAOSTAT, 2021).

No Brasil, 92,6% da produção está concentrada nas regiões Nordeste e Sudeste. Os estados do Espírito Santo e Bahia são os maiores produtores, responsáveis por 439.550 e 400.438 toneladas, respectivamente. Também se destacam os estados do Ceará (140.979 toneladas) e Rio Grande do Norte (103.431 toneladas) (IBGE, 2021).

No cenário mundial, o volume exportado do fruto em 2021 foi de, aproximadamente, 380 mil toneladas, o que representa um acréscimo de 8,00% nas exportações de mamões. O Brasil ocupa posição de destaque também entre os principais países exportadores da fruta, sendo responsável por 13,15% da exportação mundial (FAOSTAT, 2021). O volume exportado foi de aproximadamente 50 mil toneladas, movimentando cerca de US\$50 milhões, sendo o continente europeu o principal destino da exportação brasileira (ABRAFRUTAS, 2021).

### 3.1.2.3. Diversidade genética

A diversidade genética é a base para o melhoramento e conservação das culturas e faz referência ao grau de heterogeneidade ou nível de variação genética e/ou ambiental entre e dentro de uma população ou de indivíduos de uma determinada espécie, em suas condições naturais, em bancos de germoplasma ou desenvolvidas nos programas de melhoramento genético (Estopa, 2006; Assefa et al., 2016). Nesse sentido, estudos de diversidade genética têm sido realizados com base em descritores botânicos, morfológicos, químicos e moleculares. O grau de heterogeneidade pode ser predito pelas diferenças entre os valores fenotípicos mensurados nos indivíduos (Cruz et al., 2012).

As análises desses dados têm sido realizadas por meio de técnicas multivariadas, as quais permitem avaliar o indivíduo por vários aspectos, proporcionando uma visão mais ampla de cada genótipo (Cruz et al., 2014). O emprego de análises multivariadas para estimar a divergência genética é um procedimento consolidado nos programas de melhoramento genético de plantas, em diferentes espécies, como algodão, arroz, trigo e mamoeiro (Kakar et al., 2019; Liao et al., 2021; Singh et al., 2022; Yadav et al., 2023). Entre as análises multivariadas empregadas, têm-se componentes principais, variáveis canônicas e os métodos aglomerativos.

De acordo com Cruz et al. (2014), a análise de componentes principais, descrita originalmente por Pearson (1901), consiste em transformar um conjunto de características principais em um outro conjunto, que é uma combinação linear das variáveis principais, com o propósito de reter o máximo da informação sobre a variação total contida nos dados. De modo similar, a análise de variáveis canônicas objetiva também preservar a maior quantidade possível de informações referentes à variação total presente nos dados, e apresenta vantagem em relação à análise de componentes principais, por levar em consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a variância fenotípica entre as características avaliadas (Cruz et al., 2014).

Os métodos aglomerativos têm por objetivo agrupar distintos genótipos em vários grupos, por um esquema de classificação, em que haja homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos, ou ainda, separar um conjunto original em vários grupos. O processo de agrupamento se dá basicamente pela

estimação de uma medida de dissimilaridade entre os indivíduos e a adoção de técnicas de agrupamento para a formação dos grupos. As medidas de dissimilaridade para características quantitativas mais utilizadas nos estudos genéticos são: a distância euclidiana, o quadrado da distância euclidiana, a distância euclidiana média e a distância generalizada de Mahalanobis. Enquanto os principais métodos de agrupamento são: o método do vizinho mais próximo, o método do vizinho mais distante, o método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages) e o método da variância mínima de Ward (Cruz et al., 2014).

O estudo da diversidade genética no mamoeiro, através de análises multivariadas, é um fator importante para o melhoramento genético da cultura, auxiliando no desenvolvimento de novos genótipos mais produtivos, de maior qualidade de frutos, resistentes a pragas e doenças e adaptados as diferentes condições edafoclimáticas. Ara et al. (2016) avaliaram a magnitude da diversidade genética de 14 genótipos de mamoeiro por meio de análise multivariada, e obtiveram a formação de quatro clusters, em que as distâncias entre clusters foram maiores que as distâncias dentro dos clusters, indicando variabilidade genética entre os genótipos, auxiliando na seleção de genótipos como parentais para novos cruzamentos, o que pode resultar em novos recombinantes com características desejadas.

Vettorazzi et al. (2021), avaliaram a diversidade genética entre 97 linhagens  $F_5$  recombinantes, com base em 16 características morfoagronômicas e de qualidade dos frutos, e concluíram que a metodologia WARD-MLM foi eficiente na discriminação das linhagens endogâmicas, com a formação consistente de três grupos. As informações obtidas sobre diversidade genética estimada entre as 97 linhagens  $F_5$  permitirá a seleção e indicação de genótipos para serem utilizados para a obtenção de híbridos superiores para qualidade e rendimento de fruto.

Da Silva et al. (2017), estimaram a diversidade genética entre 57 acessos de mamoeiro utilizando a abordagem hierárquica aglomerativa baseada no método UPGMA, e observaram diferenças significativas para todas as 17 características avaliadas, demonstrando variabilidade genética entre os acessos; as variáveis massa do fruto, diâmetro do fruto e altura da planta foram as características que mais contribuíram para a diversidade genética.

### 3.1.3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1.3.1. Breve histórico do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN

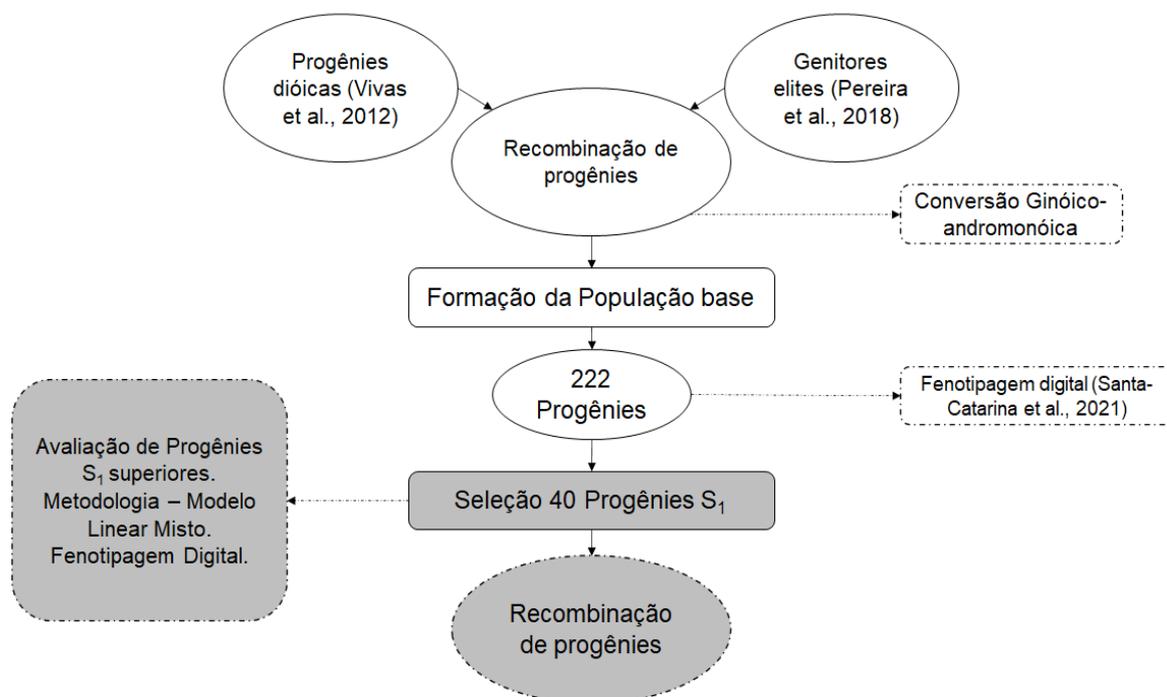
A população base (UENF Caliman Population - UCP-C<sub>0</sub>) da Seleção Recorrente Intrapopulacional de Progênes Endogâmicas de Mamoeiro (SRIPEM), foi formada a partir da recombinação entre cinco progênes dioicas de mamoeiro, sendo elas STA-22(3), STA-05(5), STA-17(6), STA-02(6) e STA-04(5), selecionadas e descritas por Vivas et al. (2012, 2014) quanto à resistência à pinta-preta - *Asperisporium caricae* (Speg.) Maubl. e à mancha-de-phoma - *Stagonosporopsis caricae* (Sydow e P. Sydow) Aveskamp, Gruyter e Verkley (Syn. *Phoma caricae* - papayae (Tarr) Punith), e cinco genitores elites (SS-72/12, JS-12, Sekati, UC 36/7 e UC 41/7), genitores de híbridos já registrados junto ao Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento – MAPA (Pereira et al., 2019).

Vale ressaltar que, já na formação da UCP-C<sub>0</sub>, as progênes dioicas foram convertidas para ginóico-andromonóica, uma vez que ao se eliminar as plantas masculinas e utilizar as hermafroditas como doadoras de pólen, está se fazendo a conversão sexual pela substituição do cromossomo Y por Y<sup>h</sup> (Ming et al., 2007). Esta população tem ampla base genética, portadora de genes de resistência e com elevado potencial agronômico para rendimento e qualidade de frutos (Pereira e Santa-Catarina, 2021).

#### 3.1.3.2. Material genético – 40 Progênes S<sub>1</sub> de mamoeiro

Durante a condução do programa de seleção recorrente em mamoeiro, aliado aos mais de 20 anos de experiência do grupo de pesquisa em melhoramento de plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, foi percebida a possibilidade de novas avaliações e seleção de progênes durante a fase de recombinação de progênes superiores dentro do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN, visando otimizar o desenvolvimento de novos genótipos (Figura 1). Nesse sentido, paralelamente a condução da recombinação de progênes superiores para a formação da população UCP-C<sub>1</sub>, as 40 progênes S<sub>1</sub> selecionadas previamente por Santa-Catarina et al. (2020b), foram

avaliadas em experimento conduzido a campo, visando a seleção de progêneses  $S_1$  superiores.



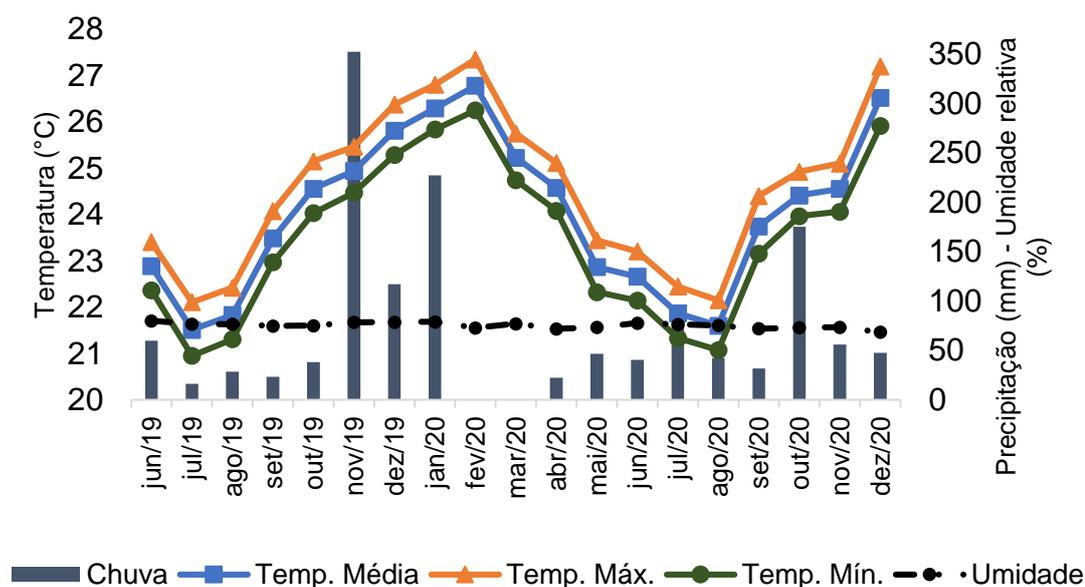
**Figura 1.** Fluxograma das atividades do programa de seleção recorrente intrapopulacional em mamoeiro.

### 3.1.3.3. Local e condições experimentais

As 40 progêneses  $S_1$  selecionadas foram avaliadas em ensaio localizado na área experimental da Empresa Caliman Agrícola S.A., situada no município de Linhares, no estado do Espírito Santo, Brasil ( $19^\circ 06' - 19^\circ 18'S$ ,  $39^\circ 45' - 40^\circ 19'W$ ). O clima da região, segundo a classificação climática de Koppen-Geiger, é AWi, tropical quente úmido com chuvas no verão e inverno seco (Alvares et al., 2013).

O semeio das progêneses foi realizado em casa de vegetação, em bandejas plásticas com capacidade para 96 tubetes de  $55 \text{ cm}^3$ , em julho de 2019. Foram utilizados o substrato para hortaliças HT Tropstrato e o fertilizante de liberação lenta Basacote mini 3 M<sup>®</sup>, fórmula NPK (Mg) 13-06-16 (1,4) com micronutrientes: 0,0; 2,5; 5,0; 7,5; 10,0 e  $12,5 \text{ kg m}^{-3}$ . Aproximadamente 40 dias após a semeadura, as progêneses foram plantadas na área experimental, em delineamento de blocos casualizados com cinco repetições e cinco plantas por parcela. O espaçamento

utilizado para condução do ensaio foi de 3,60 m entre fileiras e 1,50 m entre plantas na fileira, totalizando 5.400,00 m<sup>2</sup>. As adubações, o manejo, o controle de pragas e doenças e os tratos culturais foram os mesmos adotados nos plantios comerciais da empresa Caliman Agrícola S/A. As condições climáticas no município de Linhares -ES, referentes aos dias com precipitação, precipitação (mm), temperatura (°C) e umidade durante o experimento encontram-se na Figura 2.



**Figura 2.** Variáveis climáticas durante o experimento no município de Linhares – ES. Fonte: adaptado do INMET (2023).

#### 3.1.3.4. Avaliação fenotípica de progênies

A fenotipagem digital das progênies foi realizada de acordo com as metodologias de fenotipagem baseadas em análise e processamento de imagens digitais descritas por Cortes et al. (2017) e Santa-Catarina et al. (2018). Para as análises relacionadas aos frutos, estes foram coletados no início da frutificação e apresentaram o mesmo estágio de maturação RST1, momento em que o fruto atinge seu máximo desenvolvimento físico na fase de colheita (Barragán-Iglesias et al., 2018). Além disso, a produção de frutos por planta (PROD), expressa em kg planta<sup>-1</sup>, foi estimada multiplicando-se o NFC pelo PESO, estes obtidos pela média ponderada de cada época de avaliação.

#### **3.1.3.4.1. Características avaliadas com base na planta**

As características avaliadas com base na planta foram obtidas com o auxílio de uma câmera digital, utilizando duas fotografias completas por planta, uma fotografia do lado A e outra do lado B da planta. Cada planta foi identificada com uma etiqueta fixada ao solo para facilitar a identificação no processo de análise das imagens. Além disso, foi utilizado um marco de medida conhecida fixado junto ao solo próximo ao caule das plantas avaliadas. As imagens foram analisadas com ajuda do software ImageJ v1.50c.

As seguintes características foram mensuradas:

- a. Diâmetro do caule (DC): expresso em centímetros, medido aos 180, 270 e 360 dias após o plantio, foi mensurado com auxílio de imagem digital a 20 cm do solo;
- b. Altura da planta (AP): expressa em centímetros, correspondente à distância entre o nível do solo até o ponto de inserção do último par de folhas, localizado ápice caulinar do mamoeiro, foi avaliada aos 180, 270 e 360 dias após o plantio e mensurada com o auxílio de programa via imagem digital;
- c. Número de frutos comerciais (NFC): foi determinado pela contagem dos frutos com características comerciais via imagem digital, aos 180, 270 e 360 dias após o plantio;
- d. Número de frutos deformados (NFD): foi determinado pela contagem de frutos carpeloides e pentândricos presentes em cada planta via imagem digital aos 180, 270 e 360 dias após o plantio;
- e. Nós sem fruto (NSF): foi obtido pela contagem dos nós sem frutos aos 180, 270 e 360 dias após o plantio via imagem digital.

#### **3.1.3.4.2. Características avaliadas com base na parcela:**

Para as características avaliadas com base na parcela foi utilizada a metodologia descrita e validada por Santa-Catarina et al. (2018). Cada fruto foi cortado ao meio de forma longitudinal, metade do fruto foi escaneada com auxílio de Scanner modelo Optico Pro A320, para obtenção das imagens, posteriormente analisadas. A outra metade do fruto foi utilizada para mensurações de firmeza do

fruto e da polpa e teor de sólido solúveis. As imagens foram analisadas com ajuda do software ImageJ v1.50c.

As seguintes características foram mensuradas:

- a. Peso médio de fruto – PMF (g): foi obtido através da média de cinco frutos mensurados com o auxílio de balança analítica e expressa em gramas;
- b. Comprimento do fruto – CF (cm): foi determinado pela média da medida longitudinal de cinco frutos, com o auxílio de imagem digital;
- c. Diâmetro do fruto – DF (cm): foi obtido através da média da circunferência de cinco frutos, com o auxílio de imagem digital;
- d. Área de polpa – AP (cm<sup>2</sup>): foi determinada pela subtração da área da cavidade ovariana da área total do fruto, via imagem digital;
- e. Volume de polpa – VP (%): foi determinada pelo cálculo do volume da cavidade ovariana (VCO), volume do fruto (VF) e volume de polpa (VP). O VCO e VF foram calculados utilizando as mensurações dos comprimentos, diâmetros do fruto e da cavidade ovariana seguindo a fórmula  $V_e = \pi(L \times D^2/6)$ , em que  $V_e$  é o volume estimado,  $L$  é o comprimento e  $D$  o diâmetro, conforme descrito por Santa-Catarina et al. (2018) adaptado de Koc (2007);
- f. Teor de sólidos solúveis – TSS (°Brix): foi obtido por meio de suco extraído por prensa de mão de uma amostra da polpa de três pontos da região mediana dos frutos. O teor de sólidos solúveis foi obtido pelo uso de um refratômetro portátil modelo *Densito 30PX Density meter* marca Mettler Toledo;
- g. Firmeza do fruto – FF (N): foi mensurada realizando perfurações em três pontos equidistantes na região equatorial do fruto; a firmeza do fruto foi avaliada pela resistência à penetração, utilizando-se de um Penetrômetro digital de Bancada (*Fruit Pressure Tester, Italy, Modelo 53205*) com adaptador de 3,0 x 3,0 cm (altura x diâmetro);
- h. Firmeza da polpa – FP (N): foi mensurada cortando-se o fruto em duas faces iguais, no sentido transversal com perfuração de três pontos equidistantes na polpa do fruto; a firmeza da polpa foi avaliada pela resistência à penetração, utilizando-se de um Penetrômetro digital de Bancada (*Fruit Pressure Tester, Italy, Modelo 53205*) com adaptador de 3,0 x 3,0 cm (altura x diâmetro).

### 3.1.3.5. Análise estatística

#### 3.1.3.5.1. Estatística descritiva

Os dados obtidos a partir dos descritores quantitativos foram submetidos à estatística descritiva, calculando-se os valores mínimos, máximos e a média. Os dados foram submetidos ao teste de normalidade de Shapiro-Wilk.

As características NFC, NFD e NNSF foram obtidas pela soma das três épocas de avaliação. Além disso, a produção de frutos por planta (PROD), expressa em kg planta<sup>-1</sup>, foi estimada multiplicando-se o NFC pelo PESO, estes obtidos pela média ponderada de cada época de avaliação.

#### 3.1.3.5.2. Diversidade genética

A análise multivariada foi utilizada para estimar a variabilidade genética entre os genótipos analisados. Para obtenção da matriz de dissimilaridade genética foi utilizada a distância de Mahalanobis, considerando as 14 características morfoagronômicas avaliadas, sendo calculada através da matriz de covariância (COV) da seguinte maneira:

$$DM = \sqrt{(\mu x - \mu y)^T \text{cov}^{-1}(\mu x - \mu y)}$$

Em que:  $\mu x$  é a diferença das médias aritméticas da variável x; enquanto  $\mu y$  representa a mesma diferença aplicada para a variável y. O sufixo T representa a matriz transposta; e COV a matriz de covariância.

O método de agrupamento utilizado para a formação dos grupos foi o Unweighted Pair-Group Method Usingan Arithmetic Average (UPGMA).

O corte no dendrograma foi realizado pelo método de Mojena (1977) segundo o estimador:

$$PC = \text{média} + k\sigma$$

Em que PC: ponto de corte; k: constante baseada em resultado de simulação, sendo igual ao coeficiente de correlação cofenética; e  $\sigma$ : desvio-padrão.

O ajuste entre a matriz de distâncias e o dendrograma foi estimado pelo coeficiente de correlação cofenética (r) (Sokal e Rohlf, 1962). As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do software R, utilizando os pacotes

factoextra, FactoMineR, ggplot2, ggcorrplot, psych, ape, cluster, dendextend, circlize e magrittr (R Statistical Computing, 2019). Também foi estimada a contribuição relativa de cada característica à diversidade genética pela metodologia proposta por Singh (1981), utilizando o programa Genes (Cruz, 2014).

A análise da diversidade genética entre as progênes também foi avaliada por meio de dispersão gráfica via análise de variáveis canônicas (VC). Os gráficos tridimensionais das progênes de mamoeiro foram criados com as coordenadas da primeira, segunda e terceira variável canônica, VC1, VC2 e VC3, respectivamente.

### **3.1.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

#### **3.1.4.1. Estatística Descritiva**

Os valores mínimos e máximos, assim como as médias para as 14 características morfoagronômicas mensuradas nas 40 progênes S<sub>1</sub> de mamoeiro evidenciam a existência de variabilidade genética (Tabela 1). Considerando as três épocas de avaliação para as características relacionadas à produtividade, as médias gerais foram de 47,09 frutos, 732,01 g e 33,50 kg planta<sup>-1</sup> para NFC, PMF e PROD, com variações de 15,50 a 96,50 frutos, 308,25 a 1339,66 g e 8,91 a 70,95 kg planta<sup>-1</sup>, respectivamente. A progênie 2 obteve a maior média para PMF, enquanto a progênie 34 se destacou por apresentar a maior média para PROD. A maior média para NFC foi observada para a progênie 17.

Para NFC e PROD, os resultados do presente estudo foram superiores àqueles obtidos por Santa-Catarina et al. (2020a), que observaram valores médios de 39,99 frutos comerciais e 11,58 kg planta<sup>-1</sup>. Os resultados obtidos indicam progresso genético favorável para as características NFC e PROD, haja vista o aumento nas médias das 40 progênes superiores, que serão utilizadas posteriormente no processo de recombinação de progênes no programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN.

**Tabela 1.** Estatística descritiva para 14 características morfoagronômicas avaliadas em 40 progênies S<sub>1</sub> de mamoeiro

Característica	Mínimo	Máximo	Média	UCP-C0
NFC	15,50	96,50	47,09	39,99
NFD	7,59	61,00	25,86	13,71
NNSF	6,00	43,33	26,28	23,03
AP	103,87	306,26	207,23	222,73
DC	7,81	17,84	11,71	11,09
CF	10,84	24,72	16,96	18,26
DF	6,45	11,69	9,00	9,42
VP	58,31	87,64	75,78	77,28
PMF	308,25	1339,66	732,01	859,74
PROD	8,91	70,95	33,50	11,58
FF	112,34	162,03	135,74	126,60
FP	69,24	107,89	94,10	106,91
TSS	6,40	13,33	10,24	10,21
EP	1,60	2,95	2,18	2,14

UCP-C0: médias obtidas por Santa Catarina et al. (2020); NFC: número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NNSF: número de nós sem frutos; PMF: peso médio de fruto; FF: firmeza de fruto; FP: firmeza de polpa; TSS: teor de sólidos solúveis; EP: espessura de polpa; CF: comprimento médio do fruto; DF: diâmetro médio do fruto; VP: volume da polpa; AP: altura de planta; DC: diâmetro de colmo; PROD: produção de frutos por planta.

Na cultura do mamoeiro, muitas vezes a produtividade de uma cultivar é a principal característica levada em consideração pelos produtores no momento de decisão sobre quais cultivares plantar. De acordo com os dados da FAOSTAT (2021), a produtividade brasileira de mamão foi de 44,10 kg/ha<sup>-1</sup>, valor inferior à produtividade média de 63,03 kg/ha<sup>-1</sup> estimada neste estudo. Logo, os resultados indicam que é possível a seleção de progênies com características promissoras para produtividade que atendam a demanda da cadeia produtiva de mamão.

As médias para as características NFD e NNSF foram de 25,86 frutos deformados e 26,28 nós sem fruto, com valores mínimos de 9,07 (progênie 35) e 14,41 (progênie 17), respectivamente; valores superiores aos obtidos por Santa-Catarina et al. (2020a). Embora tenham sido verificados maiores valores para NFD e NNSF, foram obtidos também maiores valores de NFC. Segundo Damasceno Júnior et al. (2008), o ambiente afeta significativamente essas características, ocorrendo um aumento em NFD (carpeloidia e pentandria) nos meses mais frios do ano e um acréscimo na taxa de esterilidade (NNSF) nos meses mais quentes.

As avaliações de campo ocorreram durante os meses de janeiro, abril e julho de 2020. Durante o mês de janeiro, foi observada temperatura média mais

elevada, acompanhada de maior precipitação e umidade relativa, fatores que podem ter contribuído para o aumento em NNSF (Figura 2). Segundo Martelleto et al. (2011), as taxas de esterilidade ou reversão sexual são maiores em condições de temperaturas elevadas e estresse hídrico.

A ocorrência de frutos deformados pode ser favorecida pela ocorrência de temperaturas mais baixas ou amenas, alto nível de umidade e déficit hídrico (Arkle Junior e Nakasone, 1984; Couto e Nacif, 1999); condições climáticas vivenciadas durante os meses de abril e julho de 2020. Além disso, as características podem sofrer variações de acordo com a estrutura genética dos genótipos estudados; linhagens e populações segregantes apresentam menor estabilidade frente às variações climáticas quando comparados a híbridos.

Moreira et al. (2019a) quantificaram as taxas de frutos deformados e esterilidade na população segregante do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN. A maior taxa de esterilidade de verão ocorreu na faixa de temperatura entre 20,8°C a 26,49°C, e houve maior frequência de frutos deformados nos meses de inverno.

Para as características AP e DC, os valores mínimos e máximos variaram de 103,87 a 306,26 cm e 7,81 a 17,84 cm, respectivamente. O entendimento dessas características agronômicas impacta diretamente na viabilidade econômica do mamoeiro. Plantas de menor estatura e maior diâmetro de caule apresentam vantagens em relação às plantas de maior estatura e menor diâmetro, porque facilitam o processo de colheita de frutos e tendem a ser mais produtivas e com maior resistência ao acamamento (Silva et al., 2007b; Ide et al., 2009); de tal modo que o período econômico padrão do mamoeiro pode ser prolongado. Em comparação com os dados obtidos por Santa-Catarina et al. (2020a), observa-se acréscimo na média em DC e redução em AP.

Ao efetuar a seleção de plantas com maior DC pode ocorrer a seleção indireta para PROD, resultando em genótipos mais produtivos devido à alta correlação genética entre essas características (Silva et al., 2007a). Estudando a variabilidade genética de 40 progênies da população UCP-C0, Pereira e Santa-Catarina (2021) observaram variação de 95,80 a 201,30 cm para AP e de 6,3 a 13,50 cm para DC. Nascimento et al. (2019) avaliando genótipos de uma população segregante F<sub>2</sub>, encontraram resultados semelhantes para estas características.

Para as características EP, CF, DF e VP, as médias foram de 2,18 cm, 16,96 cm, 9,00 cm e 75,78%, respectivamente. Parâmetros relacionados ao fruto são extremamente importantes para o melhoramento do mamoeiro. Espessuras de polpa maiores de 2 cm são desejáveis, pois está diretamente associada ao

percentual de volume de polpa, redução na cavidade ovariana e, conseqüentemente, maior valor comercial devido ao maior rendimento de polpa (Reis et al., 2015; Nascimento et al., 2019).

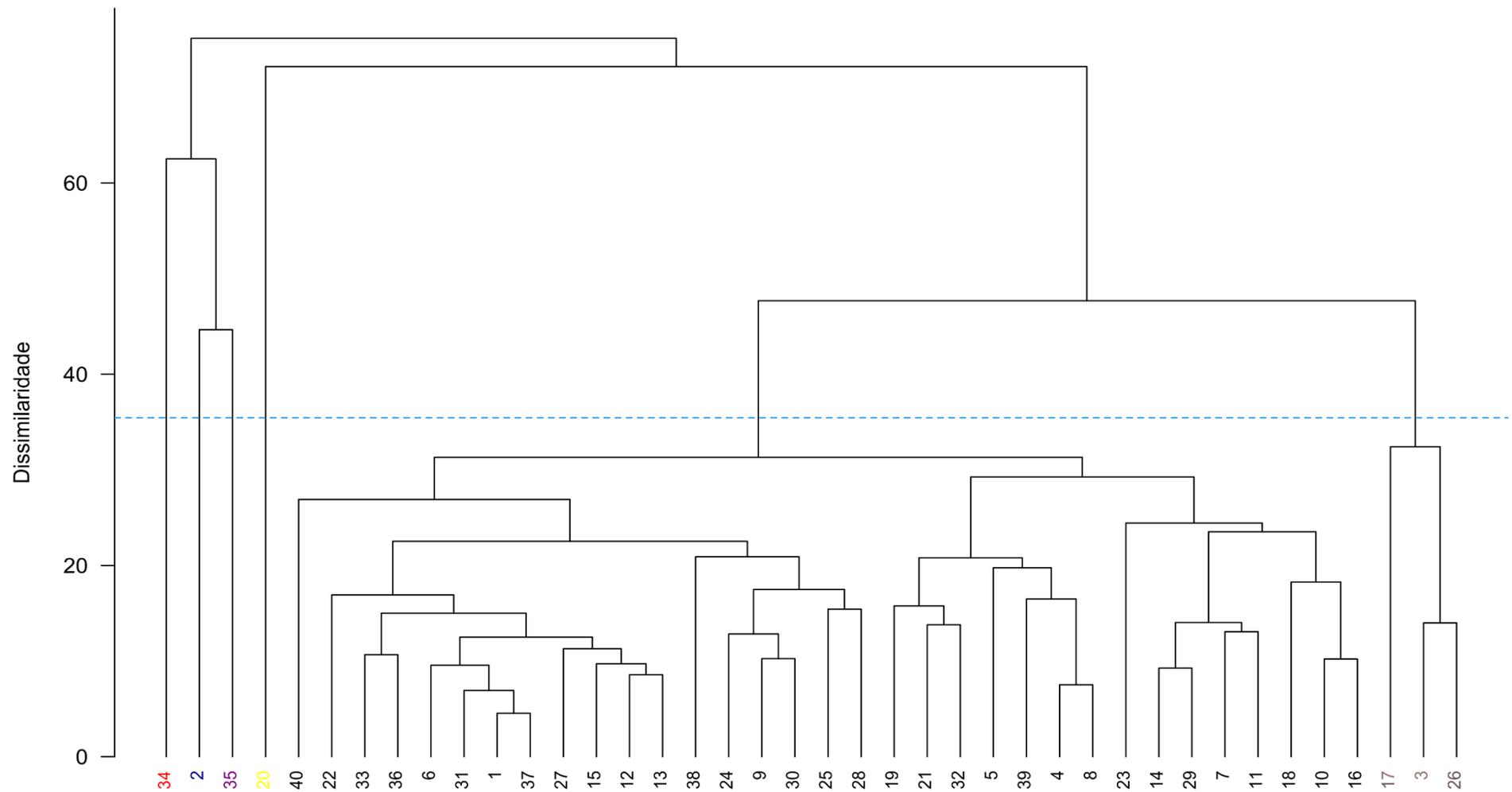
Em mamoeiro o tamanho do fruto também tem sido utilizado para diferenciar os grupos heteróticos Solo de Formosa (Luz et al., 2015). Os resultados para EP, CF, DF e VP indicam que a variabilidade presente neste conjunto de progênies pode fornecer genótipos com frutos de padrão Solo, intermediário e Formosa.

As características FF, FP e TSS obtiveram médias gerais de 135,74N, 94,10N e 10,24 °Brix, respectivamente. Valores entre 125 e 135 N para FF, 80 e 90N para FP e acima de 10 °Brix podem ser considerados adequados para a indicação de novas cultivares (Miranda et al., 2022). Para estas características, destacam-se as progênies 25 para FF, a progênie 20 para FP e a progênie 3 para TSS, com médias de 151,02N, 102,42N e 12,01°Brix, respectivamente. Santa-Catarina et al. (2020a) obtiveram menor média para FF (126,60N), maior média para FP (106,91N) e média similar para TSS (10,21°Brix).

As características de qualidade do fruto, FF, FP e TSS, são especialmente importantes no mamoeiro, em que cultivares de maior qualidade resultam em preço de varejo mais alto, além de terem a preferência do mercado consumidor por serem mais intensamente doces e mais resistentes contra danos mecânicos durante o manuseio, transporte e armazenamento.

#### **3.1.4.2. Diversidade genética**

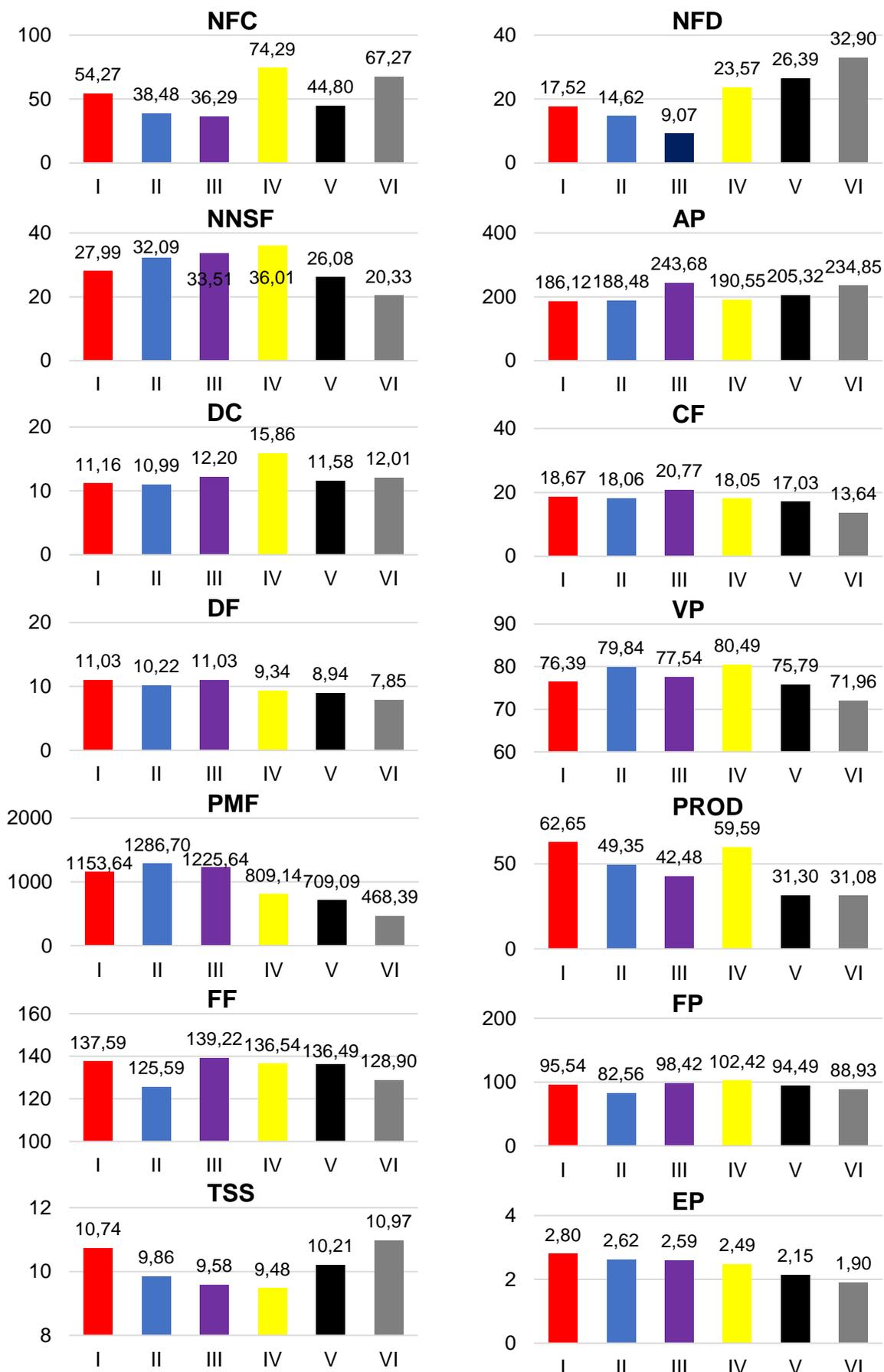
A análise de diversidade genética foi realizada considerando as 14 características morfoagronômicas avaliadas nas 40 progênies S<sub>1</sub>. O Dendrograma foi obtido pela distância de Mahalanobis utilizando o método de agrupamento UPGMA (Figura 3). O ponto de corte no dendrograma foi estimado conforme o método de mojena (Mojena, 1977), com valor da constante k igual ao valor do coeficiente de correlação cofenética (CCC = 0,800). A distância genética média entre as progênies foi de 38,34, a máxima distância foi verificada entre as progênies 3 e 34 (d = 147,90), e a mínima entre as progênies 1 e 37 (d = 4,57)



**Figura 3.** Dendrograma obtido pelo método da ligação média entre grupos (UPGMA), com base na análise de 40 progênies S<sub>1</sub> do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN. Coeficiente de correlação cofenética = 0,800. Ponto de corte = 35,36.

De acordo com a análise de agrupamento foi possível verificar a formação de seis grupos distintos entre as 40 progênies, com ponto de corte na distância de 35,36. Os quatro primeiros grupos foram formados por apenas uma progênie cada. A progênie 34 corresponde ao grupo I (cor vermelha); no grupo II está inserida a progênie 2 (cor azul); a progênie 35 representa o grupo III (cor roxa); a progênie 20 representa o grupo IV (cor amarela); o grupo V foi formado pelo maior número de progênies, 33 (cor preta); seguido pelo grupo VI (cor cinza) com três progênies.

Na Figura 4, são apontadas as médias de acordo com os grupos, para as 14 características morfoagronômicas avaliadas. A produção de frutos por planta variou de 31,08 kg planta<sup>-1</sup> para o grupo VI a 62,65 kg planta<sup>-1</sup> para o grupo I. Para as características relacionadas à frutificação, observou-se que o grupo IV apresentou as maiores médias para NFC (74,29 frutos) e NNSF (36,01 frutos), representado pela progênie 20. O grupo VI apresentou a maior média para a característica NFD (32,90 frutos), sendo a maior média observada na progênie 38, com valor de 45,20 frutos deformados. As menores médias para as características NFC e NFD foram observadas na progênie 35 (grupo III), com médias de 36,29 frutos comerciais e 9,07 frutos deformados. A característica NNSF variou de 20,33 nós para o grupo VI a 36,01 nós para o grupo IV.



**Figura 4.** Gráfico das médias dos grupos para as 14 características morfoagronômicas avaliadas em 40 progênies S<sub>1</sub> de mamoeiro.

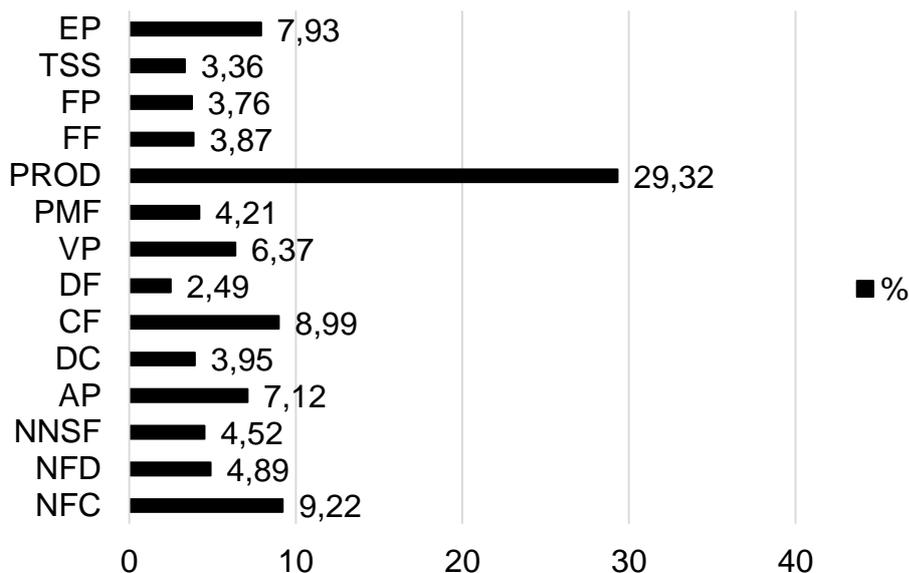
O grupo II apresentou a maior média para a característica PMF, com peso médio de 1286,70 g. As maiores médias para as características CF e DF foram observadas na progênie 35, correspondente ao grupo III, com médias de 20,77 cm para CF e 11,03 cm para DF. As menores médias foram observadas no grupo VI, com 468,39 g para PMF, 13,64 cm para CF e 7,85 cm para DF.

Para as características relacionadas à polpa do fruto, as maiores médias foram observadas em progênies do grupo IV para VP, com média de 80,49% e grupo I para EP, com média de 2,80 cm. Para estas duas características, as menores médias foram observadas em progênies pertencentes ao grupo VI, com médias de 71,96% para VP e 1,90 cm para EP.

Para as características FF e FP, as menores médias foram observadas em progênies do grupo II, sendo 125,59N para FF e 82,56N para FP; no entanto, o grupo III foi o que obteve a maior média para FP, com 139,22N, e o grupo IV para FF, com 102,42N. Para a característica TSS, a maior média foi observada no grupo VI, com média de 10,97°Brix, sendo a progênie 3 a de maior valor médio, 12,01°Brix.

Considerando as características relacionadas à estatura de planta, o grupo III apresentou a maior média para AP, com valor de 243,68 cm; o grupo IV apresentou a maior média para DC, 15,86 cm. O grupo II apresentou o menor porte de planta, com médias de 188,48 cm para AP e 10,99 cm para DC. Tendo estes números como referência, é possível verificar a existência de variabilidade nos materiais genéticos em estudo tanto para as características relacionadas à produção quanto à qualidade dos frutos.

A Figura 5 mostra a contribuição relativa das características à diversidade genética entre as progênies avaliadas. Verifica-se que a característica que proporcionou maior contribuição relativa foi PROD com 29,32%, seguida pelo NFC com 9,22%, CF com 8,99%; as características que menos contribuíram foram FP com 3,76%, TSS com 3,36% e DF com 2,49%.



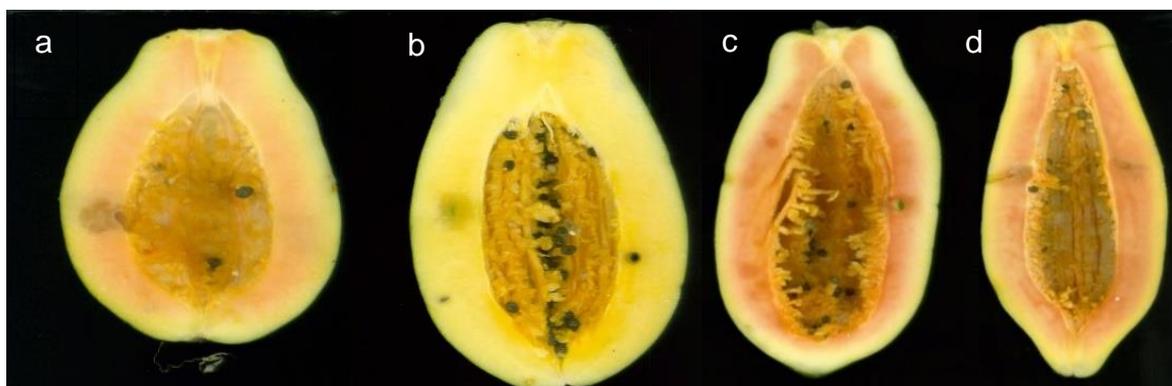
**Figura 5.** Contribuição genética relativa das características avaliadas em 40 progênies de mamoeiro. NFC: número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NNSF: número de nós sem frutos; PMF: peso médio de fruto; FF: firmeza de fruto; FP: firmeza de polpa; TSS: teor de sólidos solúveis; EP: espessura de polpa; CF: comprimento médio do fruto; DF: diâmetro médio do fruto; VP: volume da polpa; AP: altura de planta; DC: diâmetro de colmo; PROD: produção de frutos por planta, estimada pela metodologia proposta por Singh (1981).

De acordo com o guia de identificação de variedades de mamão (CEAGESP, 2023), os grupos podem ser classificados pelo tipo de fruto (tabela de equivalência); essa classificação leva em consideração o peso médio de fruto, assim como tamanho e formato de fruto. O grupo VI se enquadra no grupo de mercado Havaí (tipo Solo), com progênies classificadas na classe de valoração B (entre 400 – 500 g). Os grupos I, II, III e IV são classificados como frutos Formosa, classe de valoração B, com frutos variando entre 0.750 kg a 1.350 kg.

Levando em consideração que a principal característica para a análise da divergência genética das progênies foi PROD e não características relacionadas ao tamanho e peso de fruto, o grupo V, considerando o guia de identificação, compreende progênies com características para os dois grupos de mercado, Formosa e Havaí, com variação de PMF de 396,02 g a 1032,83 g.

Além da classificação baseada no peso do fruto, na cultura do mamoeiro é possível classificar as progênies de acordo com o formato do fruto (CEAGESP, 2023). Nesta classificação, o formato do fruto pode ser qualificado como globular pontudo, piriforme alongado e ponta arredondada, piriforme alongado pontudo,

piriforme e, piriforme com pescoço. Considerando as 40 progênies S<sub>1</sub>, foi possível observar todos os diferentes formatos de fruto, resultado que evidencia a variabilidade genética do conjunto de progênies (Figura 6).



**Figura 6.** Diferentes formatos de frutos de mamão do conjunto de 40 progênies S<sub>1</sub> do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN. a: piriforme; b: piriforme com pescoço; c: piriforme alongado pontudo; d: piriforme alongado e ponta arredondada

Ponderando os diferentes agrupamentos das progênies S<sub>1</sub> e as características relacionadas à qualidade do fruto, é possível identificar progênies promissoras. A progênie 34 (grupo I) se destaca por apresentar elevada PROD (62,65 kg planta<sup>-1</sup>), com TSS de 10,74°Brix, FF de 137,59N e FP de 95,54N. No grupo VI, a progênie 3 destaca-se por apresentar TSS de 12,96 °Brix, com média de 62,00 frutos comerciais. No mesmo grupo, destaca-se a progênie 17, com elevado número de frutos comerciais, 78, e reduzido número de nós sem fruto, 14.

No grupo V, a progênie 28 se destaca por apresentar elevado TSS, 11,98°Brix, com médias de firmezas de fruto e polpa de 142,96N e 99,34N, respectivamente. Embora apresente baixa firmeza de fruto (129,60N), a progênie 5 (grupo V), se destaca por apresentar excelente média TSS (11,85°Brix). Também no grupo V, a progênie 18 se destaca por apresentar elevada FF (144,00N) e FP (101,49N), com TSS de 10,43°Brix.

Para obter uma visão mais ampla, foi aplicada a análise de variáveis canônicas (VC) com o objetivo de capturar o efeito simultâneo das características originais e assim maximizar a variação total dos dados (Tabela 2). A variância contida em cada VC gerada foi expressa pelos autovalores da matriz padronizada,

de modo que o maior autovalor está associado a primeira VC, o segundo maior autovalor a segunda VC, e assim sucessivamente, até que o menor autovalor esteja associado à última VC, colocando as primeiras como as mais importantes.

**Tabela 2.** Coeficiente de correlação canônico (R-Can), autovalor (AV), porcentagem da variância explicada (PVE) e variância explicada acumulada (VEA) estimados em 40 progênes S1 de mamoeiro

	R-Can	AV	PVE	VEA
VC 1	0,867	6,521	27,217	27,217
VC 2	0,775	3,452	14,406	41,623
VC 3	0,752	3,034	12,663	54,286
VC 4	0,741	2,869	11,975	66,262
VC 5	0,690	2,231	9,312	75,575
VC6	0,617	1,613	6,731	82,307
VC7	0,554	1,242	5,184	87,491

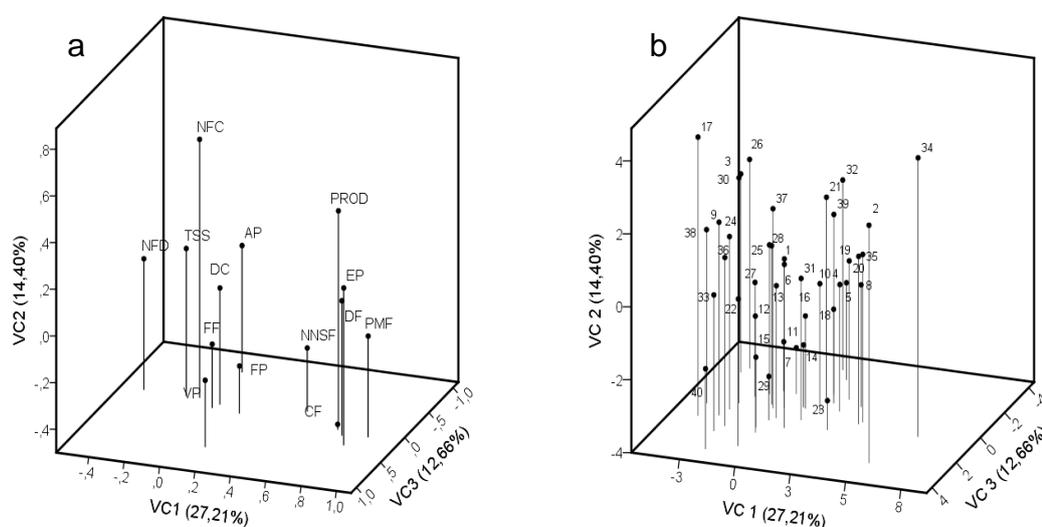
	VC 1	VC 2	VC 3
NFC	-0,132	0,608	-0,204
NFD	-0,449	0,062	-0,211
NNSF	0,472	-0,227	-0,221
AP	-0,043	0,044	-0,757
DC	0,002	0,000	-0,134
CF	0,711	-0,477	0,025
DF	0,760	0,078	0,119
VP	0,134	-0,213	0,655
PMF	0,900	-0,066	0,086
PROD	0,683	0,410	-0,093
FF	-0,020	-0,226	-0,055
FP	0,143	-0,296	-0,023
TSS	-0,208	0,132	-0,206
EP	0,817	0,175	0,288

VC; variável canônica. NFC: número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NNSF: número de nós sem frutos; PMF: peso médio de fruto; FF: firmeza de fruto; FP: firmeza de polpa; TSS: teor de sólidos solúveis; EP: espessura de polpa; CF: comprimento médio do fruto; DF: diâmetro médio do fruto; VP: volume da polpa; AP: altura de planta; DC: diâmetro de colmo; PROD: produção de frutos por planta.

As sete primeiras VC apresentaram autovalores acima de 1 e explicam juntas 87,49% da variância dos dados. Considerando as três primeiras VC, é possível observar que as variáveis que melhor explicaram a variância dos dados são: para VC 1 (PMF, EP, DF, CF, PROD, NNSF e NFD), para VC 2 (NFC, CF e PROD) e para VC 3 (AP e VP).

Analisando a dispersão gráfica e os autovetores na Figura 7a, considerando a VC1 (0,897;  $p < 0.01$ ), é possível evidenciar alta associação entre

as características PMF, DF, EP e NNSF, assim como forte associação negativa dessas com NFD. Assim, pode-se inferir que as progênies apresentam comportamento similares para estas características, em que progênies que apresentam elevados valores médios para PMF, DF, EP e NNSF, geralmente apresentam menores médias para NFD.



**Figura 7.** Gráficos tridimensionais para as três variáveis canônicas (VC). a: gráfico tridimensional para as três VC para as 14 características morfoagronômicas; b: gráfico tridimensional para as três VC para as 40 progênies S<sub>1</sub> de mamoeiro. NFC: número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NNSF: número de nós sem frutos; PMF: peso médio de fruto; FF: firmeza de fruto; FP: firmeza de polpa; TSS: teor de sólidos solúveis; EP: espessura de polpa; CF: comprimento médio do fruto; DF: diâmetro médio do fruto; VP: volume da polpa; AP: altura de planta; DC: diâmetro de colmo; PROD: produção de frutos por planta.

Considerando a VC2 (0,775;  $p < 0.01$ ), verifica-se que a característica NFC exerce forte influência na divergência genética das progênies, com associação negativa com CF, ou seja, na análise de diversidade via VC, progênies com elevado NFC divergem das demais por apresentam reduzido CF e vice-versa. Com base na VC3 (0,752;  $p < 0.01$ ), as progênies divergem, principalmente, para as características AP e VP, isto é, plantas com maior estatura, tendem a apresentar menor volume de polpa.

Em termos de indivíduo (Figura 7b), as progênies 2 e 34 se destacam para as características que envolvem a VC1, com médias superiores de 1286,70 g e

1153,64 g para PMF, 10,22 cm e 11,03 cm para DF, 2,62 cm e 2,80 cm para EP e 32,09 e 27,99 nós para NNSF, e médias inferiores para NFD, com 14,62 e 17,52 frutos, respectivamente. Para a VC2, as progênies 17 e 3 se destacam por apresentarem médias superiores para NFC (77,92 e 62,05 frutos), e médias inferiores para CF (14,28 cm e 13,54 cm). As progênies 2 e 34 também se destacam para as características AP e VP, considerando a VC3, com médias de 188,48 cm e 186,12 cm e 79,84% e 76,36%, respectivamente.

Os resultados do estudo de divergência genética e caracterização demonstram que a variabilidade genética presente nas 40 progênies  $S_1$  pode ser explorada pelo programa de melhoramento genético de plantas, visando o desenvolvimento de novas linhagens e/ou híbridos com características que atendam o mercado consumidor de mamão.

### **3.1.5. CONCLUSÃO**

Existe variabilidade genética passível de ser explorada no programa de melhoramento genético do mamoeiro a partir das 40 progênies  $S_1$  oriundas do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN. Em médio e longo prazo, as 40 progênies  $S_1$  podem ser utilizadas para a obtenção de linhagens ou como genitoras de novas cultivares híbridas com características desejáveis para produção qualidade de frutos.

## **3.2. INTER-RELAÇÕES ENTRE CARACTERES AGRONÔMICOS EM MAMOEIRO**

### **3.2.1. INTRODUÇÃO**

O mamoeiro (*C. papaya* L.) é uma das fruteiras com maior relevância econômica para as regiões tropicais e subtropicais do mundo, sendo apreciado por seus benefícios nutricionais e medicinais (Aravind et al., 2013; Pinnamaneni, 2017).

O Brasil ocupa um lugar de destaque no cenário mundial por ser o segundo maior produtor da fruta, com produção anual em torno de 1,25 milhões de toneladas (FAOSTAT, 2021). Entretanto, apesar da grande importância para o agronegócio brasileiro, seu cultivo está baseado em um pequeno número de cultivares, realidade que torna a cultura suscetível a doenças e pragas. Para contornar tal problema é necessário o desenvolvimento contínuo de novas cultivares, considerando a produtividade, a resistência a doenças e, principalmente, a qualidade do fruto (Luz et al., 2018).

Para desenvolver cultivares de mamoeiro com qualidade superior de frutos, pode-se utilizar a seleção indireta por meio da estimativa de correlações, que indicam o grau de associação entre um par de caracteres e se as inter-relações se devem a fatores genéticos (Cruz et al., 2012). Na cultura do mamoeiro, a identificação de correlações entre características relacionadas à produtividade e à

qualidade de frutos, que são geralmente controladas por vários genes e sofrem forte efeito ambiental, e características de alta herdabilidade e de fácil aferição permite ao melhorista obter resultados mais precisos através da seleção direta (Oliveira et al., 2010).

Alguns estudos quantificando as associações entre características em mamoeiro, já foram realizados (Silva et al., 2007b; Oliveira et al., 2010; Oliveira et al., 2012; Luz et al., 2018; Moreira et al., 2018; Silva et al., 2018), todavia, há divergências de resultados quanto as estimativas dessas pesquisas, o que suscita a realização de novos estudos para mitigar os efeitos dessas paradoxalidades e possibilitar uma segura seleção indireta para características de qualidade do fruto, de modo que o produto alcance preço mais elevado no mercado.

Embora as correlações simples sejam uma opção de interesse para a seleção indireta, mesmo que duas variáveis apresentem alta correlação entre si, o efeito que uma exerce sobre a outra, pode ser insignificante ou até mesmo negativo, tornando os coeficientes de correlação inviáveis para uma identificação de associação indireta, uma vez que não levam em consideração as causas e efeitos dessa associação (Del-Conte et al., 2020). Para o melhoramento genético de plantas, o melhor entendimento das correlações existentes entre as características morfoagronômicas tem fundamental importância, visto que a seleção baseada em um caráter pode afetar os demais (Oliveira et al., 2010). Deste modo, a análise de correlações canônicas e a análise de trilha são importantes ferramentas para a seleção múltipla de caracteres.

A análise de correlação canônica é apropriada para identificar e quantificar a relação entre dois grupos de caracteres de interesse. O objetivo é a quantificação da inter-relação destes grupos, através de funções canônicas constituídas por pares de variáveis estatísticas, permitindo o agrupamento de características de interesse, onde a determinação das associações entre os grupos possibilita a seleção indireta de caracteres (Cruz et al., 2012). A análise de trilha proposta por Wright (1921) desdobra os coeficientes de correlação em efeitos diretos e indiretos sobre uma variável dependente, permitindo melhor entendimento das associações de diferentes caracteres. As estimativas destes efeitos são obtidas por equações de regressão, em que as variáveis são primeiramente padronizadas (Cruz et al., 2012).

Nos últimos anos, essas técnicas têm sido amplamente utilizadas em estudos com diferentes culturas como milho-pipoca (Cabral et al., 2016), algodão (Teodoro et al., 2018), cana-de-açúcar (Espósito et al., 2012) e mamoeiro (Oliveira et al., 2010).

Assentado nesse contexto, este estudo teve como objetivo estimar os coeficientes de correlação e as consequências das correlações genótípicas sobre os efeitos diretos e indiretos entre as 14 características morfoagronômicas avaliadas em 40 progênies  $S_1$  oriundas do programa de seleção recorrente intrapopulacional em mamoeiro UENF/CALIMAN, a fim de identificar como a interação entre características pode afetar o processo de seleção de progênies superiores.

### **3.2.2. REVISÃO DE LITERATURA**

#### **3.2.2.1. Relação entre Caracteres**

A correlação é uma medida de intensidade de associação linear entre duas características, que pode ser positiva ou negativa; com coeficientes de correlação adimensionais, podendo oscilar de -1 a 1, em que correlações nulas evidenciam a falta de relação linear entre as características, e não a ausência de relação ou dependência entre elas (Cruz et al., 2012; Ramalho et al., 2012). Nesse sentido, três aspectos devem ser considerados: a magnitude dos coeficientes; a direção; e a significância das correlações (Nogueira et al., 2012). Quanto mais perto de um, independente do sinal, maior será o grau de dependência linear entre as variáveis. Estimativas de correlação positivas fazem referência às associações em que uma característica aumenta em decorrência do aumento da outra, enquanto estimativas negativas estão relacionadas às associações em que há o aumento da performance de uma característica em consequência da redução da performance de outra.

Portanto, para os programas de melhoramento genético, cujo objetivo é a seleção de genótipos superiores para um conjunto de características e, com isso, o desenvolvimento de novas cultivares que atendam aos interesses do mercado consumidor, o conhecimento da natureza e da magnitude dessas associações é uma etapa primordial, sobretudo se a seleção de um caráter for dificultada em razão da baixa herdabilidade, influência ambiental, natureza poligênica, ação de genes

não aditivos, e, ou, problemas de avaliação (Ferreira et al., 2003; Cruz et al., 2012; Fellahi et al., 2018).

A análise de correlação entre características tem sido amplamente utilizada no melhoramento genético de mamoeiro. Silva et al. (2007b) estimaram correlações genotípicas entre características morfoagronômicas em populações segregantes de mamoeiro e, dentre os resultados, concluíram que a seleção precoce para maior diâmetro de caule pode resultar em plantas mais produtivas. Santana et al. (2022) avaliando linhagens quanto à qualidade de fruto, obtiveram correlações positivas de peso médio de fruto com volume e espessura de polpa, e comprimento e diâmetro da cavidade ovariana do fruto.

Embora a análise de correlação seja uma ferramenta importante para a adoção de critérios de seleção dentro de programas de melhoramento genético, apenas a magnitude e o valor das correlações não são suficientes para elucidar os efeitos diretos e indiretos dessas associações, já que estes podem ser influenciados pelo material genético utilizado e pelos fatores ambientais em que o experimento foi instalado (Cruz et al., 2012; Mubai et al., 2020).

Para contornar este problema, Wright (1921) desenvolveu a análise de trilha, com a finalidade de desdobrar os coeficientes de correlação em efeitos diretos e indiretos de caracteres sobre uma variável básica. O desdobramento dos coeficientes de correlação depende do conjunto de características em estudo, as quais são definidas de acordo com a expertise do pesquisador, dada sua importância e pelas possíveis inter-relações expressas em diagramas de trilha (Cruz et al., 2012). As estimativas de correlação desta análise são obtidas por meio de equações de regressão, em que as variáveis são previamente padronizadas (Cruz et al., 2012).

Nesse contexto, a análise de trilha permite compreender a relação de causa e efeito entre as variáveis explicativas e uma variável principal, decompostas em efeitos diretos e indiretos (Li et al., 2013). Verifica-se o emprego desta análise em diversas culturas, como milho (Cargnelutti Filho et al., 2021), soja (Ranjan et al., 2019), girassol (Follmann et al., 2019) e pimenta (Moreira et al., 2013). Kumar et al. (2019) utilizaram a análise de trilha na avaliação de 10 linhagens de mamoeiro, e com base no avanço genético, identificaram que altura de planta na floração, frutos por planta e produção de frutos por planta são caracteres que podem ser precocemente selecionados para o melhoramento visando componentes de rendimento e qualidade de fruto.

Com o propósito de estudar a relação entre dois grupos de características, e não somente os efeitos diretos e indiretos de um conjunto de variáveis

independentes sobre uma variável principal via análise de trilha, Hotelling (1936) propôs a análise de correlação canônica. Nesta análise, é estimada a máxima correlação entre dois conjuntos de variáveis, por meio de combinações lineares das várias características que compõem os diferentes grupos, não havendo, portanto, distinção entre variável independente e principal (Cruz et al., 2012).

No melhoramento de plantas, o emprego da análise de correlação canônica pode assessorar pesquisas envolvendo mais de um caráter principal, trazendo uma abordagem multivariada, possibilitando aos melhoristas maior enfoque em características de alta herdabilidade, de fácil mensuração e de menos complexidade no melhoramento. Segundo Cruz et al. (2012), as correlações canônicas permitem avaliar as inter-relações entre dois grupos complexos, como por exemplo as relações entre caracteres agronômicos *versus* fisiológicos, ou ainda, características da parte aérea *versus* do sistema radicular. Várias pesquisas relatam a eficiência do emprego da análise de correlação canônica no melhoramento de plantas (Rocha et al., 2017; Daher et al., 2018; Carvalho et al., 2022).

### 3.2.3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.2.3.1 Breve histórico do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN

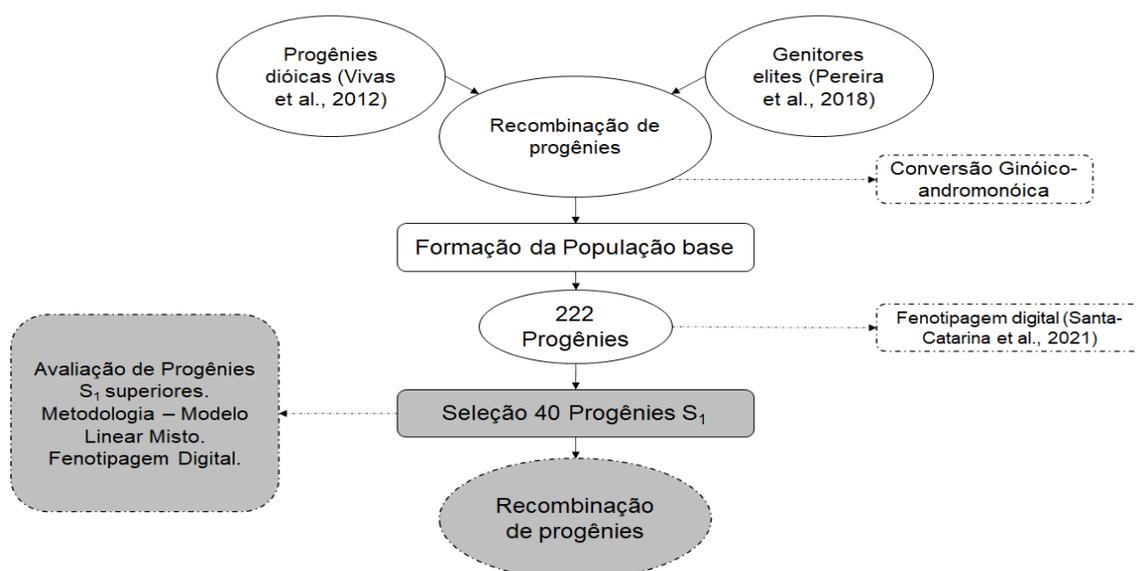
A população base (UENF Caliman Population - UCP-C<sub>0</sub>) da Seleção Recorrente Intrapopulacional de Progênes Endogâmicas de Mamoeiro (SRIPEM), foi formada a partir da recombinação entre cinco progênes dioicas de mamoeiro, sendo elas STA-22(3), STA-05(5), STA-17(6), STA-02(6) e STA-04(5), selecionadas e descritas por Vivas et al. (2012, 2014) quanto à resistência à pinta-preta - *Asperisporium caricae* (Speg.) Maubl. e à mancha-de-phoma - *Stagonosporopsis caricae* (Sydow e P. Sydow) Aveskamp, Gruyter e Verkley (Syn. *Phoma caricae* - papayae (Tarr) Punith), e cinco genitores elites (SS-72/12, JS-12, Sekati, UC 36/7 e UC 41/7), genitores de híbridos já registrados junto ao Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento – MAPA (Pereira et al., 2018).

Vale ressaltar que, já na formação da UCP-C<sub>0</sub>, as progênes dioicas foram convertidas para ginoico-andromonoica, uma vez que ao se eliminar as plantas

masculinas e utilizar as hermafroditas como doadoras de pólen, está se fazendo a conversão sexual pela substituição do cromossomo Y por  $Y^h$  (Ming et al., 2007). Esta população tem ampla base genética, portadora de genes de resistência e com elevado potencial agrônomo para rendimento e qualidade de frutos (Pereira e Santa-Catarina, 2021).

### 3.2.3.2 Material genético – 40 Progênes $S_1$ de mamoeiro

Durante a condução do programa de seleção recorrente em mamoeiro, aliado aos mais de 20 anos de experiência do grupo de pesquisa em melhoramento de plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, foi percebida a possibilidade de novas avaliações e seleção de progênes durante a fase de recombinação de progênes superiores dentro do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN, visando otimizar o desenvolvimento de novos genótipos (Figura 1). Nesse sentido, paralelamente a condução da recombinação de progênes superiores para a formação da população UCP-C1, as 40 progênes  $S_1$  selecionadas previamente por Santa-Catarina et al. (2020b), foram avaliadas em experimento conduzido a campo, visando a seleção de progênes  $S_1$  superiores.

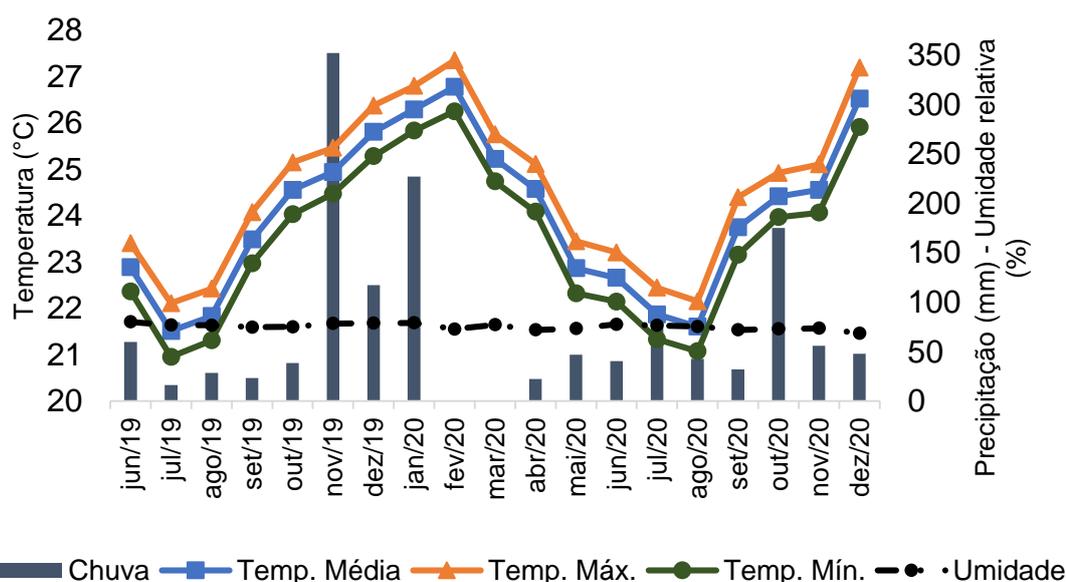


**Figura 1.** Fluxograma das atividades do programa de seleção recorrente intrapopulacional em mamoeiro.

### 3.2.3.3. Local e condições experimentais

As 40 progênies S<sub>1</sub> selecionadas foram avaliadas em ensaio localizado na área experimental da Empresa Caliman Agrícola S.A., situada no município de Linhares, no estado do Espírito Santo, Brasil (19° 06' -19° 18'S, 39° 45' -40° 19'W). O clima da região, segundo a classificação climática de Koppen-Geiger, é AWi, tropical quente úmido com chuvas no verão e inverno seco (Alvares et al., 2013).

O semeio das progênies foi realizado em casa de vegetação, em bandejas plásticas com capacidade para 96 tubetes de 55 cm<sup>3</sup>, em julho de 2019. Foram utilizados o substrato para hortaliças HT Tropstrato e o fertilizante de liberação lenta Basacote mini 3 M<sup>®</sup>, fórmula NPK (Mg) 13-06-16 (1,4) com micronutrientes: 0,0; 2,5; 5,0; 7,5; 10,0 e 12,5 kg m<sup>-3</sup>. Aproximadamente 40 dias após a semeadura, as progênies foram plantadas na área experimental, em delineamento de blocos casualizados com cinco repetições e cinco plantas por parcela. O espaçamento utilizado para condução do ensaio foi de 3,60 m entre fileiras e 1,50 m entre plantas na fileira, totalizando 5.400,00 m<sup>2</sup>. As adubações, o manejo, o controle de pragas e doenças e os tratos culturais foram os mesmos adotados nos plantios comerciais da empresa Caliman Agrícola S/A. As condições climáticas no município de Linhares -ES, referentes aos dias com precipitação, precipitação (mm), temperatura (°C) e umidade durante o experimento encontram-se na Figura 2.



**Figura 2.** Variáveis climáticas durante o experimento no município de Linhares – ES. Fonte: adaptado do INMET (2023).

### **3.2.3.4. Avaliação fenotípica de progênies**

A fenotipagem digital das progênies foi realizada de acordo com as metodologias de fenotipagem baseadas em análise e processamento de imagens digitais descritas por Cortes et al. (2017) e Santa-Catarina et al. (2018). Para as análises relacionadas aos frutos, estes foram coletados no início da frutificação e apresentaram o mesmo estágio de maturação RST1, momento em que o fruto atinge seu máximo desenvolvimento físico na fase de colheita (Barragán-Iglesias et al., 2018). Além disso, a produção de frutos por planta (PROD), expressa em kg planta<sup>-1</sup>, foi estimada multiplicando-se o NFC pelo PESO, estes obtidos pela média ponderada de cada época de avaliação.

#### **3.2.3.4.1. Características avaliadas com base na planta**

As características avaliadas com base na planta foram obtidas com o auxílio de uma câmera digital, utilizando duas fotografias completas por planta, uma fotografia do lado A e outra do lado B da planta. Cada planta foi identificada com uma etiqueta fixada ao solo para facilitar a identificação no processo de análise das imagens. Além disso, foi utilizado um marco de medida conhecida fixado junto ao solo próximo ao caule das plantas avaliadas. As imagens foram analisadas com ajuda do software ImageJ v1.50c.

As seguintes características foram mensuradas:

- a. Diâmetro do caule (DC): expresso em centímetros, medido aos 180, 270 e 360 dias após o plantio, foi mensurado com auxílio de imagem digital a 20 cm do solo;
- b. Altura da planta (AP): expressa em centímetros, correspondente à distância entre o nível do solo até o ponto de inserção do último par de folhas, localizado ápice caulinar do mamoeiro, foi avaliada aos 180, 270 e 360 dias após o plantio e mensurada com o auxílio de programa via imagem digital;
- c. Número de frutos comerciais (NFC): foi determinado pela contagem dos frutos com características comerciais via imagem digital, aos 180, 270 e 360 dias após o plantio;

d. Número de frutos deformados (NFD): foi determinado pela contagem de frutos carpeloides e pentândricos presentes em cada planta via imagem digital aos 180, 270 e 360 dias após o plantio;

e. Nós sem fruto (NSF): foi obtido pela contagem dos nós sem frutos aos 180, 270 e 360 dias após o plantio via imagem digital.

#### **3.2.3.4.2. Características avaliadas com base na parcela:**

Para as características avaliadas com base na parcela foi utilizada a metodologia descrita e validada por Santa-Catarina et al. (2018). Cada fruto foi cortado ao meio de forma longitudinal, metade do fruto foi escaneada com auxílio de Scanner modelo Optico Pro A320, para obtenção das imagens, posteriormente analisadas. A outra metade do fruto foi utilizada para mensurações de firmeza do fruto e da polpa e teor de sólido solúveis. As imagens foram analisadas com ajuda do software ImageJ v1.50c.

As seguintes características foram mensuradas:

a. Peso médio de fruto – PMF (g): foi obtido através da média de cinco frutos mensurados com o auxílio de balança analítica e expressa em gramas;

b. Comprimento do fruto – CF (cm): foi determinado pela média da medida longitudinal de cinco frutos, com o auxílio de imagem digital;

c. Diâmetro do fruto – DF (cm): foi obtido através da média da circunferência de cinco frutos, com o auxílio de imagem digital;

d. Área de polpa – AP (cm<sup>2</sup>): foi determinada pela subtração da área da cavidade ovariana da área total do fruto, via imagem digital;

e. Volume de polpa – VP (%): foi determinada pelo cálculo do volume da cavidade ovariana (VCO), volume do fruto (VF) e volume de polpa (VP). O VCO e VF foram calculados utilizando as mensurações dos comprimentos, diâmetros do fruto e da cavidade ovariana seguindo a fórmula  $Ve = \pi(L \times D^2/6)$ , em que  $Ve$  é o volume estimado,  $L$  é o comprimento e  $D$  o diâmetro, conforme descrito por Santa-Catarina et al. (2018) adaptado de Koc (2007);

f. Teor de sólidos solúveis – TSS (°Brix): foi obtido por meio de suco extraído por prensa de mão de uma amostra da polpa de três pontos da região mediana dos frutos. O teor de sólidos solúveis foi obtido pelo uso de um refratômetro portátil modelo *Densito 30PX Density meter* marca Mettler Toledo;

g. Firmeza do fruto – FF (N): foi mensurada realizando perfurações em três pontos equidistantes na região equatorial do fruto; a firmeza do fruto foi avaliada pela resistência à penetração, utilizando-se de um Penetrômetro digital de Bancada (*Fruit Pressure Tester, Italy, Modelo 53205*) com adaptador de 3,0 x 3,0 cm (altura x diâmetro);

h. Firmeza da polpa – FP (N): foi mensurada cortando-se o fruto em duas faces iguais, no sentido transversal com perfuração de três pontos equidistantes na polpa do fruto; a firmeza da polpa foi avaliada pela resistência à penetração, utilizando-se de um Penetrômetro digital de Bancada (*Fruit Pressure Tester, Italy, Modelo 53205*) com adaptador de 3,0 x 3,0 cm (altura x diâmetro).

### 3.2.3.5. Análise estatística

#### 3.2.3.5.1. Correlação genotípica

Na análise das associações entre pares de características, as estimativas dos coeficientes de correlações genotípicas ( $r_g$ ) foram obtidas pelo seguinte estimador:

$$r_g = \frac{COV_{G(xy)}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{Gx}^2 \times \hat{\sigma}_{Gy}^2}}$$

em que:  $COV_{G(xy)}$  é a covariância genotípica entre os caracteres X e Y;  $\hat{\sigma}_{Gx}^2$  é a variância genotípica do caráter X;  $\hat{\sigma}_{Gy}^2$  é a variância genotípica do caráter Y.

A significância das correlações foi testada por meio do teste t de Student ( $p < 0,05$  e  $p < 0,01$ ).

Posteriormente foi realizado o diagnóstico de multicolinearidade da matriz de correlações X'X, seguindo os pressupostos de Montgomery et al. (2012): quando o  $NC < 100$  a multicolinearidade foi considerada fraca;  $100 < NC < 1.000$ : moderada a severa e  $NC \geq 1.000$ : severa. Para mediar a multicolinearidade, foi aplicada uma constante k à matriz diagonal X'X do estimador. O valor de K adicionado 0,10 proporcionou multicolinearidade fraca (número de condição  $< 100$ ), possibilitando a utilização de 12 características na análise de trilha.

### 3.2.3.5.2 Correlação canônica

A análise de correlação canônica foi conduzida para verificar a existência de correlação entre o grupo de características principais (NFC, PROD, TSS e FF) denominado como Grupo I, com o grupo formado pelas características secundárias (NFD, NNSF, PMF, FP, EP, CF, DF e VP) nomeado como Grupo II. Conforme demonstrado por Cruz et al. (2014), as seguintes equações foram utilizadas para os conjuntos de variáveis:

$$X_1 = a_1x_1 + a_2x_2 + \dots + a_nx_n;$$

e

$$Y_1 = b_1y_1 + b_2y_2 + \dots + b_ny_n$$

Onde:

$a_i$  [ $a_1, a_2, \dots, a_n$ ] é o vetor  $1 \times p$  de pesos das variáveis do grupo I;

$b_i$  [ $b_1, b_2, \dots, b_n$ ] é o vetor  $1 \times q$  de pesos das variáveis do grupo II.

As variáveis canônicas  $X_1$  e  $Y_1$  constituem o primeiro par canônico associado à primeira correlação canônica, expressa por:

$$r_1 = \text{COV}(X_1Y_1) / \sqrt{V(X_1) \times V(Y_1)}$$

A significância dos coeficientes das correlações canônicas foi testada por meio do teste qui-quadrado a 5% de probabilidade.

### 3.2.3.5.3. Análise de trilha

A análise de trilha, considerando a produção de frutos por planta como variável dependente principal, foi realizada com base no modelo:

$$PROD = \beta_1NFC + \beta_2NFD + \dots + \beta_{12}VP + p_\varepsilon,$$

em que:  $\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_{12}$  são os estimadores dos efeitos diretos dos caracteres NFC, NFD, NNSF, PMF, FF, FP, TSS, EP, CF, DF e VP sobre PROD;  $p_\varepsilon$  é o efeito residual da análise. O sistema normal de equações  $X'X\hat{\beta} = X'Y$  foi utilizado para estimar os efeitos diretos e indiretos de cada variável explicativa sobre o PROD, conforme a equação:

$$\begin{bmatrix} 1.1 & \cdots & r_{NFC;VP} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ r_{VC;NFC} & \cdots & 1.1 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} \hat{\beta}_1 \\ \vdots \\ \hat{\beta}_{12} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} r_{NFC;PROD} \\ \vdots \\ r_{b;PROD} \end{bmatrix}$$

O coeficiente de determinação ( $R^2$ ) e o efeito residual ( $\hat{p}_\varepsilon$ ) da análise de trilha foram obtidos pelas seguintes equações:

$$R^2 = \hat{\beta}_1 r_{\text{NFC};\text{PROD}} + \dots + \hat{\beta}_{12} r_{\text{VP};\text{PROD}}; \text{ e}$$

$$\hat{p}_\varepsilon = \sqrt{1-R^2}.$$

A multicolinearidade, as correlações canônicas e a análise de trilha foram estimadas com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2013).

### 3.2.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.2.4.1. Correlações Genotípicas

A análise de correlação revelou, para a maioria das características, coeficientes significativos entre as variáveis mensuradas (Tabela 1). Das 66 correlações estimadas, 39 foram significativas, sendo 22 correlações positivas e 17 negativas. O maior coeficiente de correlação positivo foi observado entre PMF e DF (0,91;  $p < 0.01$ ) e a maior correlação no sentido negativo foi observada entre NFD e PMF (-0,71;  $p < 0.01$ ), o que indica que o aumento no diâmetro do fruto é favorecido pelo aumento do peso médio, entretanto haverá um acréscimo no número de frutos deformados.

As características NFC e NFD correlacionaram-se positivamente entre si (0,34;  $p < 0.01$ ) e, juntamente com as correlações, negativas e positivas, observadas entre NFC e NFD com as demais variáveis sugerem que progênies que apresentam maior número de frutos comerciais possuem, em geral, maior NFD, menor NNSF, menor PMF, conseqüentemente menor CF e DF, menor EP e VP, assim com menor FF. No entanto, nota-se que a PROD é afetada negativamente em progênies com NFD elevado.

Analisando essas correlações, ressalta-se que a redução observada em PROD está associada às progênies do grupo heterótico Solo, que apresentam frutos mais adocicados, devido ao maior TSS, mas em contrapartida, possuem menores CF e DF, PMF e PROD, já que à medida que a PROD aumenta, as características morfoagronômicas das progênies tendem a se enquadrar no grupo Formosa, com PMF entre 1.100 e 2700 g (Luz et al., 2015). Assim, oferecendo suporte a estes resultados, Moreira et al. (2018), avaliando genótipos de mamoeiro

pertencentes aos grupos Solo e Formosa, verificaram correlações positivas entre NFC e NFD (0,530), e negativas entre NFD e PROD (-0,730), além de obterem as maiores médias para NFC, NFD e TSS dentro do grupo Solo, contudo a PROD foi superior em genótipos do grupo Formosa.

**Tabela 1.** Estimativa do coeficiente de correlação genética entre 12 características morfoagronômicas avaliadas em 40 progênies superiores de mamoeiro

Carac.	NFC	NFD	NNSF	CF	DF	VP	PMF	PROD	FF	FP	TSS
NFD	0,34*										
NNSF	-0,40**	-0,60**									
CF	-0,43**	-0,65**	0,48**								
DF	-0,27 <sup>ns</sup>	-0,60**	0,45**	0,72**							
VP	-0,20 <sup>ns</sup>	-0,47**	0,14 <sup>ns</sup>	0,21 <sup>ns</sup>	0,01 <sup>ns</sup>						
PMF	-0,33*	-0,71**	0,57**	0,84**	0,91**	0,14 <sup>ns</sup>					
PROD	0,50*	-0,34*	0,23 <sup>ns</sup>	0,44**	0,62**	0,02 <sup>ns</sup>	0,63**				
FF	-0,34*	-0,26 <sup>ns</sup>	0,46**	0,07 <sup>ns</sup>	0,16 <sup>ns</sup>	-0,04 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	-0,20 <sup>ns</sup>			
FP	-0,20 <sup>ns</sup>	-0,22 <sup>ns</sup>	0,68**	0,38*	0,34*	0,11 <sup>ns</sup>	0,23 <sup>ns</sup>	0,12 <sup>ns</sup>	0,84**		
TSS	-0,04 <sup>ns</sup>	0,05 <sup>ns</sup>	-0,05 <sup>ns</sup>	-0,47**	-0,44**	-0,56**	-0,44**	-0,45**	-0,11 <sup>ns</sup>	-0,20 <sup>ns</sup>	
EP	-0,09 <sup>ns</sup>	-0,71**	0,43**	0,68**	0,89**	0,31*	0,90**	0,76**	-0,05 <sup>ns</sup>	0,22 <sup>ns</sup>	-0,51**

<sup>ns</sup>: não significativo; \* e \*\*: Significativo pelo teste *t* a 5% e 1%, respectivamente. Carac.: característica; NFC: número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NNSF: número de nós sem frutos; PROD: produtividade planta (Kg); PMF: peso médio de fruto (g); CF: comprimento médio do fruto (cm); DF: diâmetro médio do fruto (cm); FF: firmeza de fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); EP: espessura de polpa (cm); VP%: volume da polpa (%).

Conforme o esperado, as características morfológicas baseadas no fruto, como PMF, CF, DF e EP apresentaram coeficientes de correlação positivos e significativos entre si. Essas correlações indicam que os frutos dessas progênies cresceram proporcionalmente em diâmetro e comprimento, resultando em maior PMF e EP. Coeficientes de correlação similares a estes também foram observados por Luz et al. (2018b). Na cultura do mamoeiro, o tamanho e a forma do fruto são algumas das principais características que determinam o preço de mercado (Barrett et al., 2010; Zhou et al., 2021); frutos piriformes ou alongados, derivados de plantas hermafroditas, são desejados e possuem maior valor comercial.

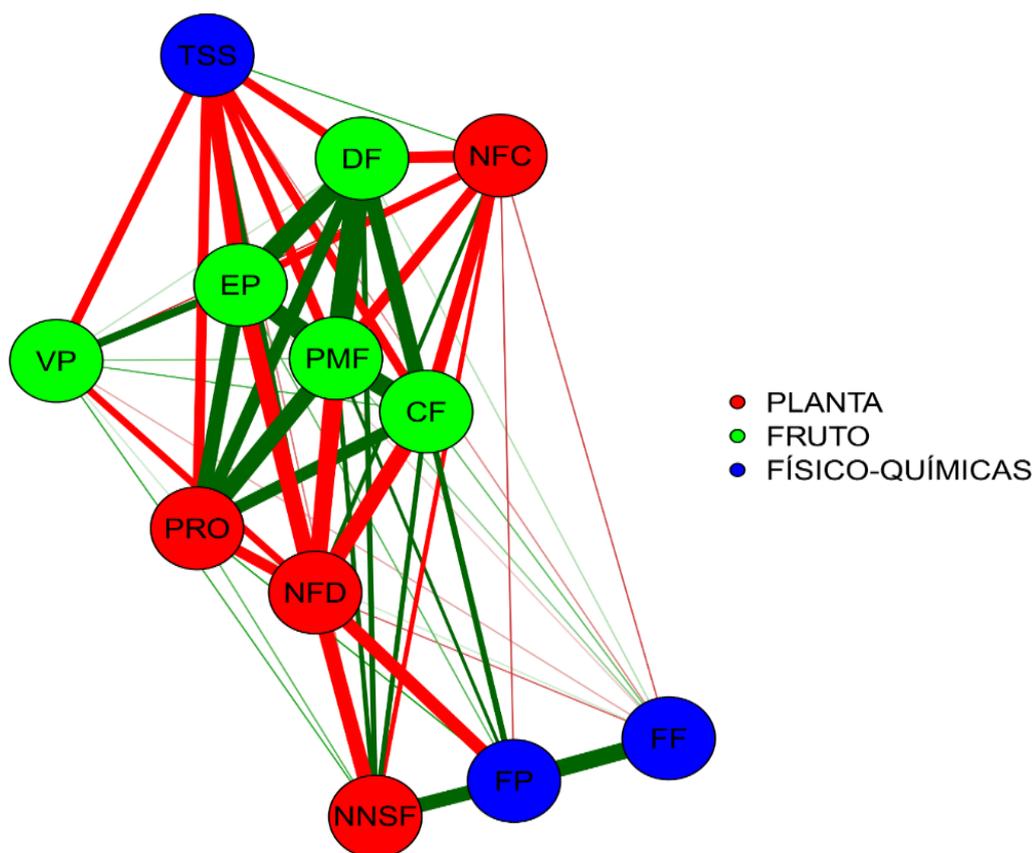
As firmezas de fruto e polpa apresentaram correlação positiva de alta magnitude (0,84;  $p < 0.01$ ). Essas firmezas são uns dos atributos de qualidade de

fruto mais relevantes, pois estão diretamente relacionadas com estágio de amadurecimento do fruto e com as perdas de pós-colheita; de tal modo, frutos mais firmes tendem a apresentar maior resistência ao transporte, armazenamento e manuseio e, conseqüentemente, maior tempo de prateleira e aceitabilidade pelos consumidores (Fagundes & Yamanishi, 2001; Hanif et al., 2020).

O TSS se correlacionou negativamente com as características morfológicas de fruto (CF, DF, EP e VP), bem como com PROD, o que indica que este caráter é afetado, sobretudo, em progênies com atributos pertencentes ao grupo heterótico Formosa, no qual se verificam menores teores de sólidos solúveis. Comportamento similar foi observado por Carvalho et al. (2020), em que genótipos Formosa apresentaram médias inferiores para TSS quando comparados a genótipos Solo.

Para a característica PROD foram observadas correlações positivas e significativas com as características NFC (0,50;  $p < 0.01$ ) e PMF (0,63;  $p < 0.01$ ). Isso indica que, considerando as principais características que formam o componente de produção, existem genótipos produtivos por possuírem frutos mais pesados, tendo em conta que o menor número de frutos comerciais produzidos por planta é compensado pelo maior PMF, como também genótipos mais produtivos, que embora tenham menor PMF, apresentam elevado NFC.

Para uma análise visual e maior facilidade nas interpretações das correlações entre as características, foi utilizada a rede bidimensional de correlação (Figura 3). A eficiência dessa técnica já foi relatada por Dileo et al. (2011), Silva et al. (2016) e Teodoro et al. (2018).



**Figura 3.** Rede de correlação entre 12 características morfoagronômicas avaliadas em 40 progênies  $S_1$  de mamoeiro. Linhas vermelhas e verdes representam correlações negativas e positivas, respectivamente. NFD: número de frutos deformados; NNSF: número de nós sem frutos; PROD: produtividade de frutos por planta; PMF: peso médio de fruto; CF: comprimento médio do fruto; DF: diâmetro médio do fruto; FF: firmeza de fruto; FP: firmeza de polpa; TSS: teor de sólidos solúveis; EP: espessura de polpa; VP: volume da polpa.

### 3.2.4.2. Correlações Canônicas

As variáveis foram separadas em dois grupos; o primeiro grupo (GI) foi formado com base nas características mais desejáveis para a cultura do mamoeiro, independente do grupo heterótico, relacionadas à produção e qualidade do fruto, a saber, NFC, TSS, FF e PROD. As demais características foram abarcadas no segundo grupo (GII). A análise de correlação canônica foi realizada no intuito de estudar a relação entre os grupos de características, a fim de maximizar a correlação entre o conjunto de variáveis.

As duas primeiras correlações canônicas entre os grupos foram significativas ( $p < 0.01$ ) pelo teste qui-quadrado (Tabela 2). Assim, a interação entre

os dois grupos de variáveis ocorreu de forma dependente e os dois primeiros pares canônicos devem ser considerados (CRUZ et al., 2011), com correlações de magnitudes de 0,880 e 0,692, respectivamente.

**Tabela 2.** Coeficientes de correlação canônica e pares canônicos estimados entre caracteres primários (grupo I) e caracteres secundários (grupo II) de 40 progênies S<sub>1</sub> de mamoeiro

Variável	Pares canônicos			
	Grupo I			
	1°	2°	3°	4°
PROD	0,95	0,03	0,66	-0,04
NFC	-0,75	-0,08	0,17	0,81
TSS	-0,17	0,22	0,83	-0,53
FF	-0,02	0,92	0,04	0,35
Variável	Grupo II			
PMF	0,43	-0,02	0,19	-0,21
NFD	0,11	-0,50	-0,43	0,49
NNSF	0,07	0,08	-0,07	-0,42
CF	0,20	-0,23	-0,41	-0,45
DF	0,21	0,27	-0,72	-0,03
VP	0,10	-0,18	-0,96	0,09
EP	0,23	-0,56	0,93	0,97
FP	-0,01	0,78	0,00	0,64
Correlação	0,88**	0,69**	0,49 <sup>ns</sup>	0,43 <sup>ns</sup>
gl	32	21	12	5
Qui-quadrado	153,39	65,90	27,69	11,86

NFC: número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NNSF: número de nós sem frutos; PROD: produtividade de frutos por planta; PMF: peso médio de fruto; CF: comprimento médio do fruto; DF: diâmetro médio do fruto; FF: firmeza de fruto; FP: firmeza de polpa; TSS: teor de sólidos solúveis; EP: espessura de polpa; VP: volume da polpa.

Pelo primeiro par canônico é possível observar que progênies que possuem baixo NFC, porém altas produtividades, a fazem por apresentar frutos com maiores dimensões, ou seja, maiores valores para EP, CF, DF e principalmente PMF. Este comportamento já havia sido identificado através da análise de correlação genotípica, e reforça o comportamento característico de progênies tipicamente Formosa, em que o aumento do PMF acarreta acréscimos em PROD, mesmo com

reduzido NFC quando comparado a progênies caracteristicamente Solo (Moreira et al., 2018).

De acordo com o segundo par canônico, nota-se que com um aumento em FF, as progênies tendem a apresentar frutos com maiores firmezas e menor espessura de polpa, associadas a menores taxas de deformidade de frutos (NFD). É importante para os programas de melhoramento genético do mamoeiro que genótipos com elevada qualidade de fruto apresentem também reduções em características como número de frutos deformados, visto que esta variável está diretamente relacionada com a produtividade. Desta forma, a seleção de progênies para FF e FP pode acarretar na seleção indireta em NFD.

### **3.2.4.3. Análise de Trilha**

Atualmente, existe a demanda por aumento na produtividade das lavouras de mamoeiro aliada à exigência do mercado consumidor por frutos de mamão com alta qualidade (Galeano et al., 2022). Nesse sentido, os programas de melhoramento genético de mamoeiro visam desenvolver genótipos com alto NFC, TSS, FF, FP, EP, VP e baixo NFD, NNSF, aliado à alta produção de frutos por planta. Portanto, para que as inter-relações entre as características sejam melhor compreendidas, há a necessidade do desdobramento entre as correlações existentes em efeitos diretos e indiretos, por meio da análise de trilha, a fim de avaliar o grau de importância de cada variável explicativa para com a variável principal (Tabela 3).

**Tabela 3.** Estimativas dos efeitos diretos e indiretos das variáveis explicativas número de frutos comerciais (NFC), número de frutos deformados (NFD), número de nós sem frutos (NNSF), peso médio de fruto (PMF), firmeza de fruto (FF), firmeza de polpa (FP), teor de sólidos solúveis (TSS), espessura de polpa (EP), comprimento do fruto (CF), diâmetro do fruto (DF) e volume de polpa (VP) sobre a característica principal produção de frutos por planta (PROD)

Característica	E. D.	Efeitos indiretos											Total
		NFC	NFD	NNSF	PMF	FF	FP	TSS	EP	CF	DF	VP	
NFC	0,606	-	-0,011	-0,048	-0,069	0,033	-0,007	0,004	-0,032	-0,042	-0,021	0,022	0,497
NFD	-0,031	0,207	-	-0,072	-0,151	0,025	-0,008	-0,006	-0,243	-0,063	-0,048	0,051	-0,342
NNSF	0,120	-0,243	0,019	-	0,120	-0,045	0,023	0,006	0,147	0,047	0,036	-0,015	0,226
PMF	0,212	-0,197	0,022	0,068	-	-0,002	0,008	0,052	0,309	0,083	0,072	-0,015	0,634
FF	-0,098	-0,206	0,008	0,055	0,004	-	0,028	0,013	-0,018	0,007	0,013	0,004	-0,200
FP	0,034	-0,123	0,007	0,081	0,049	-0,083	-	0,023	0,076	0,037	0,027	-0,012	0,121
TSS	-0,119	-0,022	-0,002	-0,006	-0,093	0,010	-0,007	-	-0,177	-0,046	-0,035	0,061	-0,448
EP	0,345	-0,056	0,022	0,051	0,191	0,005	0,007	0,061	-	0,067	0,071	-0,034	0,764
CF	0,098	-0,259	0,020	0,057	0,179	-0,007	0,013	0,056	0,236	-	0,057	-0,023	0,436
DF	0,079	-0,163	0,019	0,054	0,194	-0,016	0,011	0,053	0,307	0,070	-	-0,001	0,615
VP	-0,110	-0,122	0,015	0,016	0,029	0,004	0,004	0,067	0,108	0,021	0,001	-	0,022
R <sup>2</sup>	0,903												
Residual	0,311												

E.D. efeito direto; R<sup>2</sup>: coeficiente de determinação.

O coeficiente de determinação do modelo na análise de trilha ( $R^2$ ) apresentou magnitude de 0,903, o que indica que 90,03% da variação na variável dependente PROD no modelo foi explicada por meio das variáveis explicativas (Tabela 3). De acordo com Cruz et al. (2012), é importante identificar as características de efeito direto mais forte sobre a direção favorável da seleção dentre aquelas de alta correlação com a variável básica para fins de melhoramento, para que a resposta correlacionada por meio da seleção indireta seja efetiva. Dentre as características consideradas explicativas na análise de trilha, destacam-se NFC, EP e PMF, por suas maiores estimativas de efeitos diretos e positivos sobre PROD.

Para a característica NFC, pela análise de trilha, foi observado efeito direto em PROD (0,606) superior ao observado pela análise de correlação (0,497). Esse resultado pode ser explicado pelos efeitos indiretos de baixa magnitude das demais características via NFC. Efeitos indiretos negativos via NFC sobre PROD foram observados para todas as características, exceto NFD (0,207). Os maiores efeitos indiretos foram para CF (-0,259), NNSF (-0,243), FF (-0,206) e PMF (-0,193). Embora haja diminuição no tamanho de fruto e, conseqüente redução do PMF, é visto que a produção de frutos por planta é compensada em genótipos com maior NFC.

As características relacionadas à EP e PMF apresentaram efeito direto sobre PROD de 0,345 e 0,212, com efeito total de 0,764 e 0,643, respectivamente. As correlações acima de 0,600 observadas para estas características com PROD podem ser explicadas pelo somatório dos efeitos diretos com os efeitos indiretos, que embora de baixas magnitudes, exercem forte influência sobre o efeito total. Para EP, o maior efeito indireto foi observado via PMF (0,191); para PMF o maior efeito indireto foi observado via EP, sendo este superior ao próprio efeito direto de PMF sobre PROD, 0,309.

As características NFD, TSS, CF e DF, ainda que tenham apresentado correlação significativa, apresentaram efeito direto de baixa magnitude sobre PROD (Tabela 3). Para NFD, esse resultado pode ser explicado, principalmente, pelo efeito indireto positivo via NFC (0,207) e negativos via PMF (-0,151) e EP (-0,243); o que sugere que embora o aumento do número de frutos deformados por planta seja desfavorável, ocorre concomitantemente uma maior produção de frutos com padrão comercial, estes com menor PMF e EP.

Para TSS, a correlação negativa e significativa com PROD (-0,448) se dá, sobretudo, mediante o somatório dos efeitos direto (-0,119) e indiretos via EP (-0,177) e PMF (-0,093), assim, progênies mais doces possuem menor EP, PMF e PROD. Para as características relacionadas ao tamanho do fruto, CF e DF, foram observados efeitos indiretos negativos via NFC e positivos via EP e PMF, sendo os efeitos indiretos superiores aos efeitos diretos, o que indica que a maior PROD observada em progênies com maior CF e DF se dá pela maior espessura de polpa e, conseqüentemente, maior peso médio de fruto, ainda que haja redução em NFC.

Para as características relacionadas à firmeza (FF e FP), concordando com os resultados obtidos pela correlação genotípica, a análise de trilha pouco explica os efeitos diretos e indiretos destas sobre a PROD. De acordo com Cruz et al. (2012), baixos coeficientes de correlação não implicam em falta de relação entre duas variáveis, mas sim na ausência de relação linear entre essas variáveis. Todavia, FF e FP, juntamente com TSS, possuem tanta importância quanto PROD para a cultura do mamoeiro, sendo necessário então, meios de seleção que maximizem os ganhos genéticos destas variáveis, visando o desenvolvimento de genótipos com alta PROD e qualidade de fruto.

Para todas as características, exceto NFC e EP, foram observados efeitos indiretos sobre PROD mais expressivos que o próprio efeito direto dessas sobre a variável dependente, o que evidencia o potencial destas características na seleção indireta para PROD. Cruz et al. (2012) afirmam que a seleção truncada na variável independente explicativa pode proporcionar ganhos satisfatórios na variável dependente quando essas características apresentam alta correlação, porém baixo efeito direto. Assim, a seleção combinada de características, com destaque para aquelas que apresentam efeitos indiretos significativos, se mostra um procedimento favorável.

Identificar características agrônômicas que possam ser utilizadas na seleção indireta para PROD e que sejam de fácil mensuração, menor demanda de mão de obra e tempo e menor custo, é uma estratégia favorável para programas de melhoramento. Neste sentido, o estabelecimento de índices de seleção envolvendo os caracteres agrônômicos mensurados neste trabalho pode ser promissor para a seleção de progênies com alta produtividade e qualidade de fruto.

### 3.2.5. CONCLUSÃO

Pela análise de correlação foi possível identificar correlações significativas, positivas e negativas, entres as características. Desta forma, é possível obter ganhos genéticos para as principais características morfoagronômicas da cultura do mamoeiro a partir da seleção indireta. A seleção de progênies de mamoeiro com maior EP e NFC pode ser uma estratégia para aumentar a PROD.

Amparado na análise de correlação canônica, foi possível verificar que as variáveis primárias (NFC, TSS, FF e PROD) atuam de forma dependente das variáveis secundárias (NFD, NNSF, PMF, FP, EP, CF, DF e VP), em que progênies mais produtivas e com menor NFC apresentam maior PMF e tamanho de fruto, e progênies com maior FF possuem também maior FP aliada a menores EP e NFD.

A análise de trilha não explicou as associações entre as variáveis físico-químicas e a PROD, por meio dos efeitos diretos e indiretos. Assim, a utilização de índices de seleção combinada é a principal estratégia para selecionar progênies de mamoeiro com alta produtividade e qualidade de fruto.

### **3.3. SELEÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES DE MAMOEIRO VIA MODELOS MISTOS**

#### **3.3.1. INTRODUÇÃO**

A importância econômica do mamoeiro (*C. papaya* L.) está, especialmente, relacionada à produção de frutos que, consumidos *in natura* ou em forma de produtos industrializados, representam um valioso alimento para consumo humano por possuir um alto valor nutritivo e digestivo (Huerta-Ocampo et al., 2012). Seu cultivo está distribuído, principalmente, nas regiões tropicais e subtropicais do mundo, com o Brasil ocupando lugar de destaque no cenário mundial, com produção anual de 1,25 milhão de toneladas (IBGE, 2021).

Com o objetivo de suprir a demanda da cadeia produtiva do mamão, com o desenvolvimento contínuo de genótipos superiores de mamoeiro, a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), em parceria com a empresa Caliman Agrícola S.A., iniciou em 1996 o programa de melhoramento genético do mamoeiro (Pereira et al., 2019). Este programa é responsável, até o momento, pelo registro de 21 cultivares híbridas, correspondendo, aproximadamente, a 37% das cultivares já registradas junto ao MAPA.

Para além do desenvolvimento e registro de cultivares, vale destacar que o programa é pioneiro no emprego da seleção recorrente em mamoeiro (Santa-Catarina et al., 2020a). A seleção recorrente é um método cíclico de melhoramento, composto por três etapas: obtenção, avaliação e recombinação de progênies; que tem por objetivo aumentar gradativamente a frequência de alelos desejáveis para

características quantitativas, sem reduzir a variabilidade genética da população (Hull, 1945). Santa-Catarina et al. (2020b) concluíram que a seleção recorrente permite, já na população base, a identificação de genótipos promissores que podem ser selecionados e avançados através de autofecundação, desenvolvendo novas linhagens e ou genitores de híbridos.

No processo de desenvolvimento de novos genótipos de mamoeiro, torna-se importante o emprego de metodologias que otimizem a seleção de indivíduos para a geração de cultivares que atendam as demandas do mercado consumidor para produção e qualidade de fruto. Assim, a identificação e seleção de genótipos promissores se tornam mais eficazes quando baseadas em valores genéticos aditivos, preditos pelo método de modelos mistos (procedimento REML/BLUP). Esta metodologia permite a utilização de dados desbalanceados, situação corriqueira em estudos de culturas perenes, com maior precisão, por considerar os efeitos aleatórios do modelo estatístico associado aos valores fenotípicos, ajustando os dados aos efeitos fixos, e assim minimizando os efeitos ambientais (Santos et al., 2016). A metodologia dos modelos mistos tem sido utilizada com sucesso na seleção de genótipos superiores de mamoeiro (Ramos et al., 2014; Vivas et al., 2014; Cortes et al., 2019; Moreira et al., 2019b; Moraes et al., 2021).

Nessa perspectiva, este estudo teve como objetivo estimar, por meio da metodologia dos modelos mistos, os parâmetros genéticos e prever os valores genéticos de 40 progênies S<sub>1</sub> do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN, bem como selecionar genótipos superiores que possam ser utilizados em futuros estudos de desenvolvimento de novos genótipos de mamoeiro.

### **3.3.2. REVISÃO DE LITERATURA**

#### **3.3.2.1. Melhoramento genético do mamoeiro**

Embora o mamoeiro apresente características que favoreçam ao desenvolvimento de variedades e híbridos devido à capacidade de obtenção de linhagens endogâmicas, é considerado uma cultura com variabilidade genética restrita (Kim et al., 2002; Ma et al., 2004). Ming et al. (2008) citam que a baixa

diversidade genética do mamoeiro é resultante da seleção a partir de uma base genética estreita, ocasionada pelo isolamento geográfico e preferência cultural.

O Brasil conta com 57 cultivares registradas no Registro Nacional de Cultivares (MAPA), no entanto, nos plantios comerciais, ocorre o cultivo preferencial de poucas cultivares, com predominância de Golden, Golden THB, Tainung 01 e UENF/Caliman-01, sendo as duas primeiras pertencentes ao grupo heterótico “Solo” e as duas últimas ao grupo “Formosa”. Esse fato contribui para o aumento da suscetibilidade do cultivo ao ataque de pragas e doenças, e menor adaptabilidade às variações edafoclimáticas (Dias et al., 2011; Cortes et al., 2019). Neste sentido, é essencial o fortalecimento de programas de melhoramento que têm por objetivo expandir a base genética da cultura, introduzindo nova variabilidade genética nos sistemas produtivos.

Com a finalidade de satisfazer as exigências do mercado interno e externo, as características agronômicas mais desejadas em um programa de melhoramento genético são: resistência a pragas e doenças; resistência a agentes abióticos; produção igual ou superior às cultivares disponíveis; polpa vermelho alaranjada; casca lisa e sem manchas; teor de sólidos solúveis elevado; maior longevidade pós-colheita; peso médio de fruto de 800 a 1.100 g (grupo Formosa) ou 350 a 600 g (grupo Solo); ausência ou ocorrência mínima de flores hermafroditas carpeloides e pentandras (Dantas et al., 2002; Dantas et al., 2015).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, a partir de 1996, estabeleceu um programa de melhoramento genético do mamoeiro em parceria com a Empresa Caliman Agrícola S.A., situada em Linhares – ES, que tem por objetivo principal o desenvolvimento de genótipos superiores capazes de contribuir substancialmente com o agronegócio do mamão no Brasil (Pereira et al., 2019). O suporte financeiro por parte do CNPq, CAPES, FAPERJ e FINEP e a parceria firmada com a iniciativa privada, fazem com que este programa cresça a cada ano, sendo responsável, até o momento, pelo registro de 21 cultivares híbridas, correspondendo, aproximadamente, a 37% das cultivares registradas junto ao MAPA.

Além do desenvolvimento e registro de cultivares, o programa de melhoramento do mamoeiro da UENF tem gerado vasto conhecimento científico na forma de artigos publicados (Pereira et al., 2019). Entre os diversos trabalhos publicados, há trabalhos que envolvem comportamento floral (Damasceno Junior

et al., 2008), modo de reprodução (Damasceno Junior et al., 2009b), retrocruzamentos (Silva et al., 2007a; Silva et al., 2007b; Silva et al., 2008; Ramos et al., 2012), heterose (Cattaneo, 2001; Marin et al., 2006; Poltronieri et al., 2019), capacidade combinatória (Barros et al., 2017; Santa-Catarina et al., 2019), resistência a doenças (Vivas et al., 2013a; 2013b; 2014), seleção recorrente (Santa-Catarina et al., 2020a), tanto utilizando características morfoagronômicas como ferramentas moleculares.

### **3.3.2.2. Seleção recorrente**

A seleção recorrente é um método cíclico de melhoramento, que tem por objetivo aumentar gradativamente a frequência de alelos desejáveis para características quantitativas, sem reduzir a variabilidade genética da população (Hull, 1945). Este método é composto por três etapas: obtenção, avaliação e recombinação de progênies (Figura 1). Estas progênies são conduzidas de forma cíclica até que níveis satisfatórios de frequência de alelos favoráveis na população sejam atingidos (Hallauer et al., 2010).

A constituição da população base determina, ao longo do tempo, o sucesso do programa de seleção recorrente. Portanto, se faz necessária a identificação de genótipos superiores com características agronômicas desejáveis e suficiente variabilidade genética para garantir o avanço nos vários ciclos de seleção (Borém, 2017). A utilização destes genótipos na formação da população base desfavorece a deriva genética logo nos primeiros ciclos de seleção.

Entretanto, estratégias de condução do programa de seleção recorrente podem afetar a variabilidade genética da população. Uma maior pressão de seleção, ou seja, menor proporção de indivíduos ou famílias selecionados para obtenção e formação da nova geração, pode produzir uma redução da variabilidade, embora aumente o ganho por ciclo. Já, quando a pressão de seleção é branda, não ocorre o esgotamento da variabilidade nos primeiros ciclos, garantindo ganhos genéticos por períodos mais prolongados (Hull, 1945).

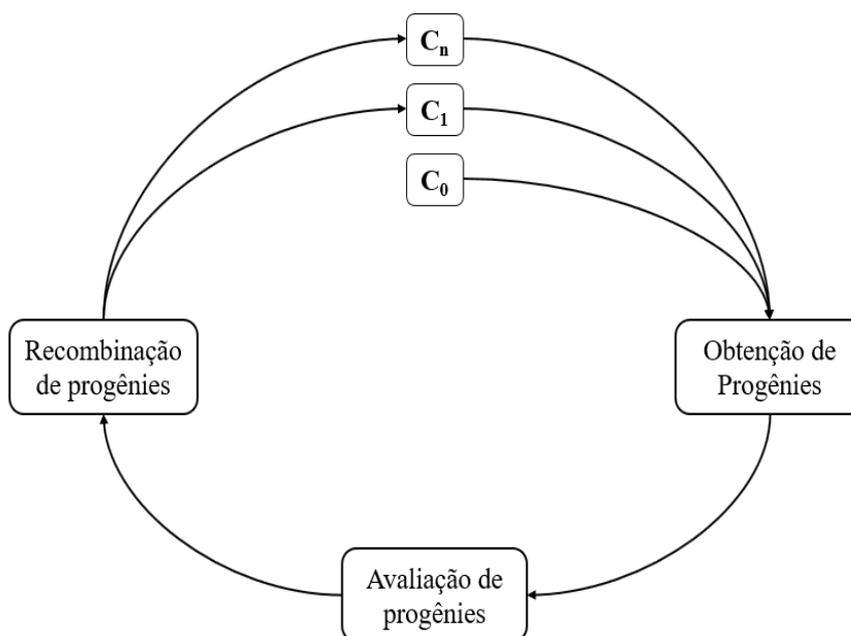
Nos programas de seleção recorrente, normalmente são selecionados entre 10 a 30% das progênies avaliadas. Segundo Hallauer et al. (2010), a intensidade de seleção ideal de progênies superiores a cada ciclo, para evitar

estreitamento genético na população sob seleção, deve ser, em valores absolutos, entre 30 e 40 famílias.

A seleção recorrente tem se mostrado um método eficiente para o melhoramento de populações e captação de ganhos genéticos em milho comum (Molenaar et al., 2019), milho-pipoca (Rangel et al., 2011), trigo (Rembe et al., 2019), maracujazeiro (Ferreira et al., 2016a; Cavalcante et al., 2019), entre outras.

No mamoeiro, o grupo de pesquisa do programa UENF/CALIMAN tem utilizado a seleção recorrente para aumentar os ganhos com produção e qualidade de frutos (Santa-Catarina et al., 2020b) e identificar genótipos portadores de resistência a doenças (Moraes et al., 2021).

Moraes et al. (2021), avaliando a população base do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN, a fim de selecionar indivíduos promissores, concluíram que a população UCP-C0 tem ampla base genética, portadora de genes de resistência, resultando na seleção de 30 indivíduos com elevado alto potencial genético para o desenvolvimento de linhagens *per se* e/ou híbridos com resistência à mancha-preta e à mancha-de-phoma. Para além da resistência, Santa-Catarina et al. (2021), avaliaram esta população e constataram elevado potencial agrônômico das progênes também para rendimento e qualidade de frutos.



**Figura 1.** Representação esquemática da seleção recorrente (Borém, 2009).

### 3.3.2.3. REML/BLUP no melhoramento de mamoeiro

Uma das principais etapas de um programa de melhoramento genético de plantas é a avaliação e seleção de genótipos superiores, e, se tratando de culturas perenes, este processo tende a ser demorado e trabalhoso, como no caso do mamoeiro. Para essas culturas, os experimentos a campo, por demandarem maior tempo de execução, estão mais sujeitos aos efeitos ambientais, podendo haver maior desbalanceamento de dados em razão de perdas de plantas e parcelas, diferentes números de repetições por experimento, número de plantas por tratamento, entre outras (Resende, 2007).

Deste modo, metodologias estatísticas mais eficientes são essenciais para o melhoramento genético promissor da espécie. Neste contexto, a metodologia REML/BLUP permite a utilização de dados desbalanceados com maior precisão, por considerar os efeitos aleatórios do modelo estatístico associado aos valores fenotípicos, ajustando os dados aos efeitos fixos, o que permite que os efeitos ambientais sejam minimizados (Santos et al., 2016). A metodologia dos modelos mistos compreende dois procedimentos, o REML (máxima verossimilhança restrita), utilizado para estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos e o BLUP (melhor preditor linear não viciado) para estimar os valores genotípicos permanentes, proporcionando estimações e previsões genéticas mais precisas (Resende, 2007).

A metodologia dos modelos mistos tem sido utilizada com sucesso no melhoramento genético de mamoeiro. Ramos et al. (2014), efetuaram a seleção combinada de progênies com base nos valores genéticos obtidos pela metodologia REML/BLUP e concluíram que esta estratégia permite maior precisão no processo de seleção de plantas agronomicamente superiores, aumentando as chances de sucesso dos programas de melhoramento.

Cortes et al. (2019), no desenvolvimento de linhagens superiores de mamoeiro para o grupo Formosa, utilizaram a metodologia dos modelos mistos e concluíram que a associação do método pedigree com o procedimento REML/BLUP pode ser útil para auxiliar melhoristas dentro de um programa de melhoramento. Outros autores demonstram que o emprego da metodologia dos modelos mistos tem sido uma estratégia eficiente na seleção de genótipos

superiores de mamoeiro (Moreira et al., 2019b; Moraes et al., 2021; Santa-Catarina et al., 2021).

As principais vantagens do emprego da metodologia REML/BLUP são: permitir que o melhorista lide com estruturas de dados mais complexas, como dados desbalanceados e delineamentos não ortogonais; avaliar e comparar genótipos em diferentes gerações, anos e locais; e estimar os componentes de variância e prever os valores genéticos dos indivíduos (Resende, 2002).

#### **3.3.2.4. Índice de seleção**

Em um programa de melhoramento vegetal, após a verificação da existência de variabilidade genética, diferentes estratégias de seleção devem ser adotadas, a fim de que os melhores genótipos sejam selecionados. As seleções diretas e indiretas são as primeiras opções para obtenção de ganhos genéticos compensadores. Contudo, como na maioria das vezes múltiplos caracteres são analisados, esses métodos de seleção univariados, geralmente, não selecionam genótipos altamente produtivos e adaptados (Martins et al., 2006). Assim, uma alternativa para a obtenção de genótipos mais produtivos e adaptados, pela reunião de diversas características favoráveis, seria o uso de índices de seleção (Cruz et al., 2012).

A teoria do índice de seleção foi inicialmente proposta por Smith (1936) e Hazel (1943) e tem sido amplamente empregada no melhoramento genético vegetal, sendo adequada a programas de seleção recorrente (Garcia e Souza Júnior, 1999). O índice de seleção consiste em uma combinação linear dos valores fenotípicos dos caracteres em estudo, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e os valores genéticos reais dos genótipos (Cruz et al., 2014).

Assim sendo, a seleção simultânea de uma série de caracteres de importância econômica aumenta a chance de êxito de um programa de melhoramento para a cultura do mamoeiro, já que as características agrônômicas relativas à produtividade e à qualidade de frutos, geralmente, sofrem forte efeito ambiental e a seleção baseada em uma única característica pode acarretar mudanças indesejáveis em outros caracteres importantes (Oliveira et al., 2011).

Atualmente na literatura são encontrados vários índices de seleção propostos para serem utilizados no melhoramento de plantas. Ramos et al. (2014), avaliando genótipos de mamoeiro derivados de retrocruzamentos verificaram que o índice de seleção baseado no valor genético padronizado apresentou maior consistência no ranking do material genético. Vivas et al. (2012) a fim de selecionar híbridos superiores para concentração de alelos favoráveis à resistência de mamoeiro à pinta-preta, oídio e mancha de phoma, concluíram que o índice de seleção de Mulamba e Mock (1978) é o procedimento mais eficiente. Pinto et al. (2013) concluíram que a associação entre valores genotípicos individuais e índice de seleção foi eficiente para selecionar progênies e plantas de mamoeiro acima da média da população original.

### 3.3.3. MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.3.3.1. Breve histórico do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN

A população base (UENF Caliman Population - UCP-C<sub>0</sub>) da Seleção Recorrente Intrapopulacional de Progênies Endogâmicas de Mamoeiro (SRIPEM), foi formada a partir da recombinação entre cinco progênies dioicas de mamoeiro, sendo elas STA-22(3), STA-05(5), STA-17(6), STA-02(6) e STA-04(5), selecionadas e descritas por Vivas et al. (2012, 2014) quanto à resistência à pinta-preta - *Asperisporium caricae* (Speg.) Maubl. e à mancha-de-phoma - *Stagonosporopsis caricae* (Sydow e P. Sydow) Aveskamp, Gruyter e Verkley (Syn. *Phoma caricae* - *papayae* (Tarr) Punith), e cinco genitores elites (SS-72/12, JS-12, Sekati, UC 36/7 e UC 41/7), genitores de híbridos já registrados junto ao Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento – MAPA (Pereira et al., 2018).

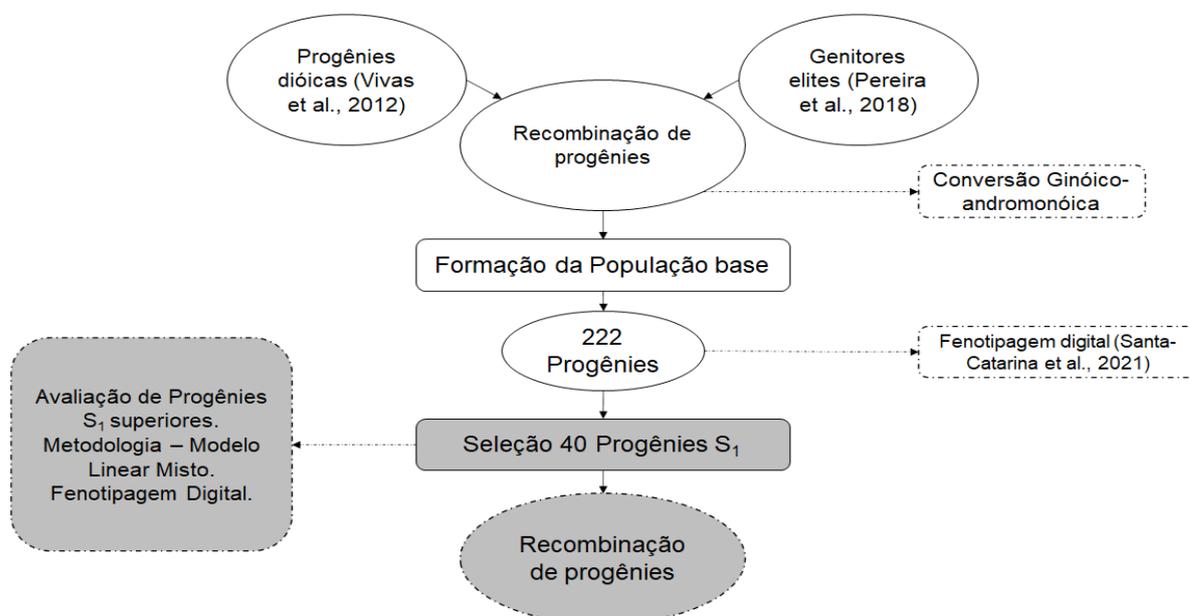
Vale ressaltar que, já na formação da UCP-C<sub>0</sub>, as progênies dioicas foram convertidas para ginoico-andromonoica, uma vez que ao se eliminar as plantas masculinas e utilizar as hermafroditas como doadoras de pólen, está se fazendo a conversão sexual pela substituição do cromossomo Y por Y<sup>h</sup> (Ming et al., 2007).

Esta população tem ampla base genética, portadora de genes de

resistência e com elevado potencial agrônomico para rendimento e qualidade de frutos (Pereira e Santa-Catarina, 2021).

### 3.3.3.2. Material genético – 40 Progênes S<sub>1</sub> de mamoeiro

Durante a condução do programa de seleção recorrente em mamoeiro, aliado aos mais de 20 anos de experiência do grupo de pesquisa em melhoramento de plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, foi percebida a possibilidade de novas avaliações e seleção de progênes durante a fase de recombinação de progênes superiores dentro do programa de seleção recorrente em mamoeiro UENF/CALIMAN, visando otimizar o desenvolvimento de novos genótipos (Figura 2). Nesse sentido, paralelamente a condução da recombinação de progênes superiores para a formação da população UCP-C1, as 40 progênes S<sub>1</sub> selecionadas previamente por Santa-Catarina et al. (2020b), foram avaliadas em experimento conduzido a campo, visando a seleção de progênes S<sub>1</sub> superiores.

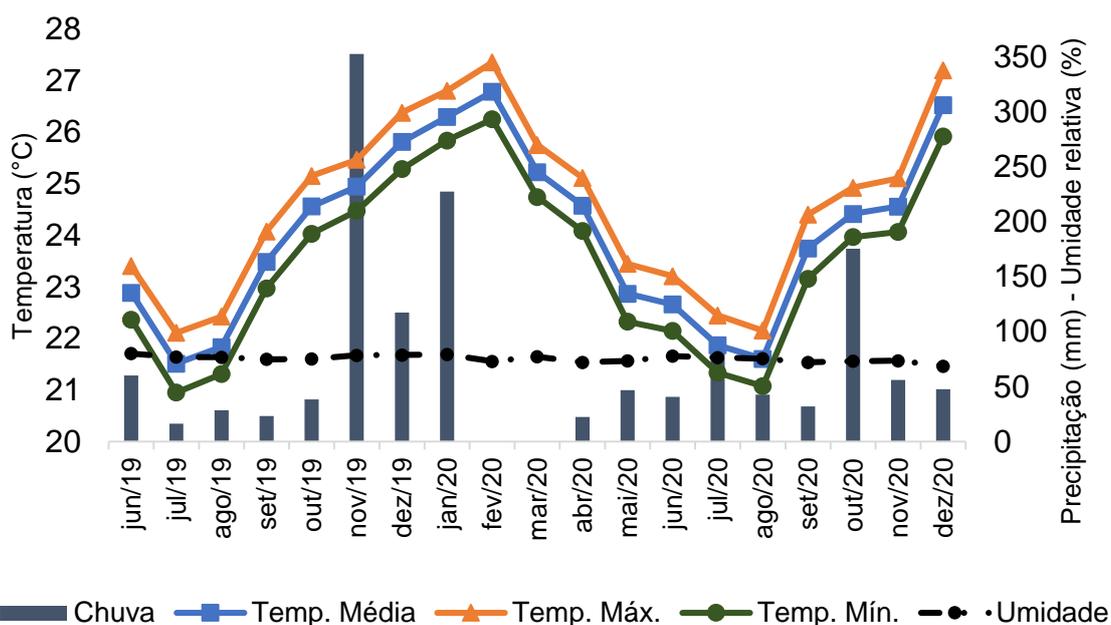


**Figura 2.** Fluxograma das atividades do programa de seleção recorrente intrapopulacional em mamoeiro.

### 3.3.3.3. Local e Condições experimentais

As 40 progênies S<sub>1</sub> selecionadas foram avaliadas em ensaio localizado na área experimental da Empresa Caliman Agrícola S.A., situada no município de Linhares, no estado do Espírito Santo, Brasil (19° 06' -19° 18'S, 39° 45' -40° 19'W). O clima da região segundo a classificação climática de Köppen-Geiger é AWi, tropical quente úmido com chuvas no verão e inverno seco (Alvares et al., 2013).

O semeio foi realizado em casa de vegetação, em bandejas plásticas com capacidade para 96 tubetes de 55 cm<sup>3</sup>, em julho de 2019. Foram utilizados o substrato para hortaliças HT Tropstrato e o fertilizante de liberação lenta Basacote mini 3 M<sup>®</sup>, fórmula NPK (Mg) 13-06-16 (1,4) com micronutrientes: 0,0; 2,5; 5,0; 7,5; 10,0 e 12,5 kg m<sup>-3</sup>. Aproximadamente 40 dias após a semeadura, as progênies foram plantadas na área experimental, em delineamento de blocos casualizados com cinco repetições e cinco plantas por parcela. O espaçamento utilizado para condução do ensaio foi de 3,60 m entre fileiras e 1,50 m entre plantas na fileira, totalizando 5.400,00 m<sup>2</sup>. As adubações, o manejo, o controle de pragas e doenças e os tratos culturais foram os mesmos adotados nos plantios comerciais da empresa Caliman Agrícola S/A. As condições climáticas no município de Linhares -ES, referentes aos dias com precipitação, precipitação (mm), temperatura (°C) e umidade durante o experimento encontram-se na Figura 3.



**Figura 3.** Variáveis climáticas durante o experimento no município de Linhares – ES. Fonte: adaptado do INMET (2023).

### **3.3.3.4. Avaliação fenotípica de progênies**

A fenotipagem digital das progênies foi realizada de acordo com as metodologias de fenotipagem baseadas em análise e processamento de imagens digitais descritas por Cortes et al. (2017) e Santa-Catarina et al. (2018). Para essas análises, todos os frutos foram coletados no início da frutificação e apresentaram o mesmo estágio de maturação RST1, momento em que o fruto atinge seu máximo desenvolvimento físico na fase de colheita (Barragán-Iglesias et al., 2018). Além disso, a produção de frutos por planta (PROD), expressa em  $\text{kg planta}^{-1}$ , foi estimada multiplicando-se o NFC pelo PESO, estes obtidos pela média ponderada de cada época de avaliação.

#### **3.3.3.4.1. Características avaliadas com base na planta:**

- a. Diâmetro do caule (DC): expresso em centímetros, medido aos 180, 270 e 360 dias após o plantio, foi mensurado com auxílio de imagem digital a 20 cm do solo;
- b. Altura da planta (AP): expressa em centímetros, correspondente à distância entre o nível do solo até o ponto de inserção do último par de folhas, localizado ápice caulinar do mamoeiro, foi avaliada aos 180, 270 e 360 dias após o plantio e mensurada com o auxílio de programa via imagem digital;
- c. Número de frutos comerciais (NFC): foi determinado pela contagem dos frutos com características comerciais via imagem digital, aos 180, 270 e 360 dias após o plantio;
- d. Número de frutos deformados (NFD): foi determinado pela contagem de frutos carpeloides e pentândricos presentes em cada planta via imagem digital aos 180, 270 e 360 dias após o plantio;
- e. Nós sem fruto (NSF): foi obtido pela contagem dos nós sem frutos aos 180, 270 e 360 dias após o plantio via imagem digital.

#### **3.3.3.4.2 Características avaliadas com base na parcela:**

- a. Peso médio de fruto – PMF (g): foi obtido através da média de cinco frutos mensurados com o auxílio de balança analítica e expressa em gramas;

- b. Comprimento do fruto – CF (cm): foi determinado pela média da medida longitudinal de cinco frutos, com o auxílio de imagem digital;
- c. Diâmetro do fruto – DF (cm): foi obtido através da média da circunferência de cinco frutos, com o auxílio de imagem digital;
- d. Área de polpa – AP (cm<sup>2</sup>): foi determinada pela subtração da área da cavidade ovariana da área total do fruto, via imagem digital;
- e. Volume de polpa – VP (%): foi determinada pelo cálculo do volume da cavidade ovariana (VCO), volume do fruto (VF) e volume de polpa (VP). O VCO e VF foram calculados utilizando as mensurações dos comprimentos, diâmetros do fruto e da cavidade ovariana seguindo a fórmula  $Ve = \pi(L \times D^2/6)$ , em que  $Ve$  é o volume estimado,  $L$  é o comprimento e  $D$  o diâmetro, conforme descrito por Santa-Catarina et al. (2018) adaptado de Koc (2007);
- f. Teor de sólidos solúveis – TSS (°Brix): foi obtido por meio de suco extraído por prensa de mão de uma amostra da polpa de três pontos da região mediana dos frutos. O teor de sólidos solúveis foi obtido pelo uso de um refratômetro portátil modelo *Densito 30PX Density meter* marca Mettler Toledo;
- g. Firmeza do fruto – FF (N): foi mensurada realizando perfurações em três pontos equidistantes na região equatorial do fruto; a firmeza do fruto foi avaliada pela resistência à penetração, utilizando-se de um Penetrômetro digital de Bancada (*Fruit Pressure Tester, Italy, Modelo 53205*) com adaptador de 3,0 x 3,0 cm (altura x diâmetro);
- h. Firmeza da polpa – FP (N): foi mensurada cortando-se o fruto em duas faces iguais, no sentido transversal com perfuração de três pontos equidistantes na polpa do fruto; a firmeza da polpa foi avaliada pela resistência à penetração, utilizando-se de um Penetrômetro digital de Bancada (*Fruit Pressure Tester, Italy, Modelo 53205*) com adaptador de 3,0 x 3,0 cm (altura x diâmetro).

### **3.3.3.5. Análise estatística**

#### **3.3.3.5.1. Modelos Mistos – REML/BLUP**

A análise de deviance foi realizada de acordo com o modelo descrito por Viana e Resende (2014):

$$D = -2\ln(L)$$

$$\ln(L) = -1/2 \ln|X'V - 1X| - 1/2 \ln|V| - 1/2 (y - Xm) - 1/2 (y - Xm)$$

em que:  $\ln(L)$  é o ponto máximo da função de logaritmo de máxima verossimilhança restrita (REML);  $y$  é o vetor da variável analisada;  $m$  é o vetor dos efeitos das observações, assumido fixo;  $X$  é a matriz de incidência dos efeitos fixos; e  $V$  é a matriz de variância-covariância de  $y$ .

O teste estatístico teste de razão de verossimilhança foi utilizado para testar a significância dos efeitos, da seguinte forma:

$$LRT = | -2 \ln(L_{se}) + 2 \ln(L_{fm}) |$$

Em que  $L_{se}$  é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo reduzido (sem os efeitos) e  $L_{fm}$  é o ponto máximo da função de máxima verossimilhança para o modelo completo.

Para a análise das observações, as características foram analisadas utilizando a metodologia dos modelos mistos, mediante o procedimento REML (máxima verossimilhança restrita) para estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos e pelo BLUP (melhor preditor linear não viciado) para estimar os valores genotípicos permanentes; considerando o delineamento em blocos casualizados com informação de plantas dentro de parcelas.

A avaliação genética foi realizada utilizando o modelo 59 do *software* Selegen-REML/BLUP (Resende, 2016):

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

Em que:  $y$  é o vetor de dados;  $b$  é o vetor dos efeitos de bloco (assumidos como fixos) somados à média geral;  $a$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);  $p$  é o vetor dos efeitos de parcela;  $e$  é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Foram obtidas as estimativas dos componentes de variância (REML Individual):

$V_a$ : variância genética entre famílias, equivalendo a variância genética aditiva mais (1/4) da variância genética de dominância;

$V_{\text{parc}}$ : variância ambiental entre parcelas;

$V_e$ : variância residual;

$V_f$ : variância fenotípica individual;

$h^2_a = h^2$ : herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ou seja, equivale à herdabilidade no sentido restrito desde que ignorada a fração (1/4) da variância genética de dominância;

$h^2_{aj}$ : herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, ajustada para os efeitos de parcela;

$c^2_{\text{parc}} = c^2$ : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

$h^2_{mp}$ : herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa;

$Ac_{\text{prog}}$ : acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa;

$h^2_{ad}$ : herdabilidade aditiva dentro de parcela, desde que ignorada a fração (1/4) da variância genética de dominância;

$CV_{gi}\%$ : coeficiente de variação genética aditiva individual, ignorando-se a fração (1/4) da variância genética de dominância;

$CV_e\%$ : coeficiente de variação residual;

Média geral do experimento.

Os valores genéticos de cada progênie foram obtidos pela soma de cada efeito genético predito ( $a$ ) à média geral do experimento ( $u$ ). O ganho genético equivale à média dos vetores dos efeitos genéticos preditos para as progênes selecionadas. A média geral somada ao ganho genético resulta na nova média predita.

### 3.3.3.5.2. Seleção combinada e direta

A seleção combinada, considerando as 14 características avaliadas, foi realizada por meio do índice de seleção combinada (ISC), desenvolvido para selecionar genótipos de mamoeiro. Este índice foi proposto por Silva et al. (2008) e retificado por Ramos et al. (2014). O estimador do índice foi expresso pela seguinte equação:

$$ISC = \sum_{i=1}^n (V_{Gi} \times \rho_i)$$

Em que:  $V_{Gi}$  é o valor genético aditivo padronizado da característica  $i$ ;  $\rho$  é o peso agrônômico atribuído à característica  $i$ , que pode ser positivo ou negativo de acordo com a direção da seleção. O  $V_{Gi}$  é obtido pela seguinte equação:

$$V_{Gi} = (x_{gi} - \mu_g) / \sigma_g$$

Em que:  $x_g$  é o valor mensurado no indivíduo para a característica  $i$ ;  $\mu_g$  é a média geral da característica; e  $\sigma_g$  é o desvio-padrão.

A relação dos pesos agronômicos atribuídos às características foi estabelecida experimentalmente, com base no conhecimento dos melhoristas acerca do programa de melhoramento genético do mamoeiro – UENF/CALIMAN, na importância econômica das características e no objetivo do trabalho. Com isso, os pesos atribuídos às 14 características foram: NCF (100), NDF (-20), NNSF (-20), AP (1), DC (5), CF(1), DF (1), VP% (50), PMF (1), FF (100), FP (100), TSS (100), EP (70) e PROD (100).

Posteriormente foi realizada a seleção entre e dentro de progênies. Uma intensidade de seleção de 20% para indicar as melhores progênies e de 15% para a seleção dos melhores genótipos dentro das progênies selecionadas foi adotada. As estimações do ISC foram realizadas com o auxílio do programa Microsoft Office Excel (2019).

A seleção direta (SD) dos melhores indivíduos foi realizada pelo ranqueamento dos maiores valores genotípicos, via BLUP, para cada uma das características PMF, TSS e NFC, a fim de selecionar genótipos promissores portadores de alelos favoráveis para as características em questão.

### **3.3.4. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

#### **3.3.4.1. Componentes de variância e parâmetros genéticos**

Efeitos significativos de progênies foram observados pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) a 5% de probabilidade para todas as características (Tabela 1). Em termos gerais, quanto maior é estatística LRT, maior é a diferença entre a deviance do modelo sem o efeito a ser testado e a deviance do modelo completo. Isso sugere que o efeito em teste explica uma porção significativa da variação observada.

**Tabela 1.** Análise de Deviance para 14 características morfoagronômicas avaliadas em 40 progênies superiores de mamoeiro

Efeito	NFC		NFD		NNSF		PESO	
	DEV	LRT ( $\chi^2$ )						
Prog.	2363,25	38,67**	2257,05	19,54**	2289,15	18,21**	4572,91	92,33**
Modelo	2324,58		2237,51		2270,94		4480,58	
	FF		FP		TSS		EP	
	DEV	LRT ( $\chi^2$ )						
Prog.	2173,59	18,67**	1827,93	20,43**	564,36	8,69**	-617,02	51,04**
Modelo	2154,92		1807,50		555,67		-668,05	
	CF		DF		VP		AP	
	DEV	LRT ( $\chi^2$ )						
Prog.	1115,88	71,05**	486,09	67,76**	1896,80	39,36**	3369,82	30,85**
Modelo	1044,84		418,34		1857,44		3338,97	
	DC		PROD					
	DEV	LRT ( $\chi^2$ )						
Prog.	1022,28		4,66*		2333,06		40,29**	
Modelo	1017,62				2292,77			

DEV: Deviance do modelo ajustado sem os correspondentes efeitos, <sup>ns</sup>: não significativo; \* e \*\*: Significativo pelo teste Qui-quadrado ( $\chi^2$ ) a 5% (3,84) e 1% (6,63), respectivamente. NFC: número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NNSF: número de nós sem frutos; PROD: produtividade planta (Kg); PMF: peso médio de fruto (g); AP: altura de planta (cm); DC: diâmetro de colmo (cm); CF: comprimento médio do fruto (cm); DF: diâmetro médio do fruto (cm); FF: firmeza de fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (<sup>o</sup>Brix); EP: espessura de polpa (cm); VP%: volume da polpa (%); Prog.: progênie.

Assim, a análise de deviance revelou diferenças significativas entre as progênies para todos os caracteres avaliados, conseqüentemente, os respectivos componentes de variância e parâmetros genéticos são estatisticamente diferentes de zero. Estes resultados indicam que existe variabilidade genética a ser explorada pelo melhoramento entre as progênies avaliadas.

As magnitudes do coeficiente de variação experimental (CVe%) variaram de 3,40 a 29,28% (Tabela 2). De acordo com a classificação de CVe% proposta por Ferreira et al. (2016b), características como AP, DC, CF, DF, VP, FF, FP e EP apresentaram baixas magnitudes (CVe% < 10). Características como NNSF, PMF e TSS apresentaram médias magnitudes, com CVe% entre 10 e 20%. Em contrapartida, os maiores CVe% (> 20) foram observados em NFC, NFD e PROD. O coeficiente de variação residual é um parâmetro que permite ao melhorista verificar a precisão experimental e, considerando a natureza quantitativa das características, que são em sua maioria governadas por poligenes e altamente

influenciadas pelo ambiente, os valores de  $CVe\%$  obtidos indicam boa precisão experimental (Cortes et al., 2019; Moreira et al., 2019b).

Valores altos de CV e % para as características NFC, NFD e PROD também foram verificados em experimentos de avaliações de linhagens recombinantes de mamoeiro, com magnitudes de 27 a 41% (Santa-Catarina et al., 2019). Altos valores de CV e % têm sido associados a experimentos de grande porte, culturas perenes, diferentes respostas de genótipos às condições edafoclimáticas, bem como a diferentes respostas de genótipos a pragas e doenças (Ferrão et al., 2008).

Para que um programa de melhoramento genético populacional, seja qual for a cultura, se torne eficiente, é necessário, principalmente, que exista variabilidade genética dentro da população, que pode ser confirmada e quantificada pelo coeficiente de variação genética, um parâmetro que expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter, auxiliando na seleção de genótipos superiores (Resende, 2002; Melo et al., 2016). Em relação ao  $CVg\%$ , observaram-se valores variando de baixo (3,04%) a alto (26,90%) para os caracteres FP e PROD, respectivamente. Características com altas estimativas de  $CVg\%$ , indicam maior potencial para o melhoramento genético, pois contribuem para a obtenção de maiores ganhos genéticos na seleção. Os resultados indicam que a população em estudo é passível de progresso genético com a continuidade do programa de seleção recorrente e seus ciclos de seleção, contudo, para as características DC, FF, FP, TSS e VP é esperado um progresso genético menor, tendo em vista às menores variações observadas nas progênies avaliadas.

O índice de variação ( $Iv$ ), que faz referência à magnitude da relação entre  $CVg\%$  e  $CVe\%$ , é outro parâmetro genético que pode auxiliar a tomada de decisão durante o processo de seleção. Valores iguais ou acima da unidade são considerados adequados para fornecer inferências com maior precisão e indicam maiores chances de sucesso na seleção de genótipos com base em determinada característica (Resende e Duarte 2007; Cruz et al., 2014). Os valores do índice de variação relativa ( $Iv$ ) variaram de 0,51 a 1,76. As características NFC, AP, CF, DF, PMF, PROD, EP e VP apresentaram magnitudes de  $Iv$  superiores a unidade. As demais características apresentaram  $Iv$  abaixo da unidade, com variação de magnitude entre 0,51 a 0,91, contudo, segundo Ferreira et al. (2016b), valores de  $Iv$  acima de 0,50 já podem proporcionar ganhos genéticos satisfatórios, pois indicam maior proporção da variação devido a fatores genéticos, condição esta que favorece o processo de seleção

**Tabela 2.** Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos de 14 características morfoagronômicas avaliadas em 40 progênies superiores de mamoeiro

	NFC	NFD	NNSF	AP	DC	CF	DF	VP	PMF	PROD	FF	FP	TSS	EP
Vg	106,59	32,81	21,79	506,97	0,31	3,92	0,56	10,51	37181,07	77,61	19,32	8,15	0,37	0,03
Vp	93,86	46,59	9,27	176,28	0,41	1,18	0,02	0,34	9386,43	50,54	21,99	7,49	0,93	0,01
Ve	53,93	55,83	83,83	1139,35	3,88	3,07	0,81	31,38	14237,47	60,86	53,23	23,21	0,78	0,05
Vf	254,37	135,24	114,89	1822,61	4,60	8,17	1,38	42,22	60804,97	189,01	94,54	38,85	2,07	0,09
h <sup>2</sup> a	0,42	0,24	0,19	0,28	0,07	0,48	0,40	0,25	0,61	0,41	0,20	0,21	0,18	0,37
h <sup>2</sup> aj	0,66	0,37	0,21	0,31	0,07	0,56	0,41	0,25	0,72	0,56	0,27	0,26	0,32	0,39
c <sup>2</sup> parc	0,37	0,34	0,08	0,10	0,09	0,14	0,01	0,01	0,15	0,27	0,23	0,19	0,44	0,06
h <sup>2</sup> mp	0,84	0,74	0,81	0,86	0,57	0,92	0,94	0,89	0,94	0,86	0,75	0,77	0,63	0,92
Ac	0,91	0,86	0,90	0,93	0,75	0,96	0,97	0,94	0,97	0,93	0,86	0,88	0,79	0,96
h <sup>2</sup> ad	0,49	0,29	0,13	0,22	0,04	0,64	0,35	0,17	0,98	0,64	0,18	0,18	0,24	0,32
CVg	22,21	22,07	17,06	10,85	4,81	11,68	8,32	4,29	26,55	26,90	3,23	3,04	5,83	8,37
CVe	22,01	29,28	18,65	9,69	9,44	7,89	4,72	3,40	15,23	24,18	4,20	3,70	10,04	5,67
Iv	1,01	0,75	0,91	1,12	0,51	1,48	1,76	1,26	1,74	1,11	0,77	0,82	0,58	1,48
Média	46,48	25,95	27,36	207,51	11,53	16,96	8,98	75,53	726,38	32,75	135,87	94,04	10,38	2,17

Vg: variância genética entre famílias; Vparc: variância ambiental entre parcelas; Ve: variância residual; Vf: variância fenotípica individual; h<sup>2</sup>a = h<sup>2</sup>: herdabilidade individual no sentido amplo entre progênies; h<sup>2</sup>aj: herdabilidade individual no sentido amplo entre progênies, ajustada para os efeitos de parcela; c<sup>2</sup>parc: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h<sup>2</sup>mp: herdabilidade da média de progênies assumindo sobrevivência completa; ACprog: acurácia da seleção de progênies, assumindo sobrevivência completa; h<sup>2</sup>ad: herdabilidade aditiva dentro de parcela; CVgi%: coeficiente de variação genética aditiva individual; CVe%: coeficiente de variação residual; Iv: índice de variação relativa (CVgi%/CVe%). NFC: número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NNSF: número de nós sem frutos; PROD: produtividade planta (Kg); PMF: peso médio de fruto (g); AP: altura de planta (cm); DC: diâmetro de colmo (cm); CF: comprimento médio do fruto (cm); DF: diâmetro médio do fruto (cm); FF: firmeza de fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (<sup>o</sup>Brix); EP: espessura de polpa (cm); VP: volume da polpa (%).

As estimativas de herdabilidade dentro de progênies ( $h^2_{ad}$ ) foram semelhantes às estimativas encontradas para herdabilidade individual no sentido amplo entre progênies ( $h^2_a$ ) para as características. Altas magnitudes de  $h^2_a$  ( $>0,50$ ) foi observada em PMF. Médias magnitudes ( $0,15 \leq h^2 \leq 0,50$ ) foram encontradas em NFC, NFD, NNSF, PROD, AP, CF, DF, VP, FF, FP, TSS e EP. DC apresentou  $h^2_a$  de baixa magnitude ( $0,01 \leq h^2 \leq 0,15$ ). Os desvios-padrão para cada estimativa de  $h^2_{ad}$  variaram de baixo a moderado; esses valores revelam que as estimativas de herdabilidade foram estatisticamente diferentes de zero.

A análise da existência de variabilidade genética, por meio da herdabilidade individual no sentido amplo entre famílias, demonstra que para os caracteres NNSF, DC, FF, FP e TSS grande parte da variação observada se deve a fatores ambientais, o que indica que métodos de seleção mais rigorosos precisam ser aplicados para se obter ganhos genéticos satisfatórios. Nesses casos, uma alternativa viável poderia ser a seleção indireta dessas características, utilizando-se de caracteres de alta herdabilidade que se correlacionam positivamente com os de baixa herdabilidade.

A herdabilidade aditiva dentro de parcela foi alta para características como NFC, PMF, PROD e CF e moderada em NFD, AP, DF e EP indicam situação de variabilidade favorável à seleção de linhagens dentro de progênies e a obtenção de ganhos genéticos consideráveis. Contudo, essas magnitudes de herdabilidade são menores que as magnitudes de herdabilidade baseada na média de progênies, o que significa que existe mais variação genética entre do que dentro de progênies. Isto ocorre pelo fato de a variância genética esperada entre progênies  $S_1$  ser dada por  $S_1 = \sigma^2_A + \frac{1}{4} \sigma^2_D$ , ao passo que a variância genética esperada dentro de progênies é  $S_1 = \frac{1}{2} \sigma^2_A + \frac{1}{2} \sigma^2_D$  (Hallauer et al., 2010). Além disso, a seleção com base na média das progênies apresenta menor influência ambiental e maior acurácia experimental devido à menor variância residual, uma vez que há replicação de indivíduos.

Como exposto, ao considerar a herdabilidade baseada na média das progênies ( $h^2_{mp}$ ), observam-se magnitudes significativamente superiores às da  $h^2_a$ , com valores em média três vezes maiores. Para todas as características, observaram-se que as magnitudes de  $h^2_{mp}$  estimadas foram superiores a 50%, com variação entre 0,57 (em DC) e 0,94 (em PMF). Estes resultados indicam alta variabilidade genética entre as progênies. De acordo com Resende (2002),

estimativas de  $h^2$  são consideradas baixas quando  $h^2 < 15\%$ , média quando  $h^2 > 15\%$  e  $< 50\%$ , e alta quando  $h^2 > 50\%$ , o que demonstra uma situação favorável à seleção de progênies que possam contribuir substancialmente para o desenvolvimento de genótipos superiores de mamoeiro.

Miranda et al. (2022) ao avaliarem 62 híbridos Topcross de mamoeiro, observaram magnitudes de herdabilidade que variaram de 35% a 76% em características relacionadas à qualidade do fruto. Cortes et al. (2019) avaliaram 30 progênies de mamoeiro e obtiveram valores de  $h^2$  variando entre 14% e 94% em diversas características morfoagronômicas (AP, DC, NFC, NFD, NNSF, CF, DF, FF, FP, EP, TSS e PROD). A herdabilidade é um parâmetro genético que não está somente relacionado às características, mas também à população em estudo e aos fatores ambientais a que os indivíduos estão submetidos. Portanto, a magnitude da herdabilidade está sujeita a variações à medida que os componentes de variância, fenotípico e genético se alteram (Falconer, 1987).

Visando a seleção de progênies, um parâmetro estatístico importante que deve ser considerado nas avaliações genotípicas é a acurácia seletiva (ACprog); este parâmetro refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro e aquele predito a partir das informações obtidas nos experimentos (Henderson, 1984; Resende e Duarte, 2007). Valores de acurácia próximos a unidade (ou 100%) são desejados, haja vista que quanto maior for a correlação, menores serão os desvios absolutos entre os valores genéticos verdadeiros e os valores genéticos estimados. No presente estudo, os valores de acurácia variaram de 0,75 a 0,97; considerados como altos (Resende e Duarte, 2007), indicando que o delineamento experimental adotado foi adequadamente estabelecido e que os resultados são confiáveis.

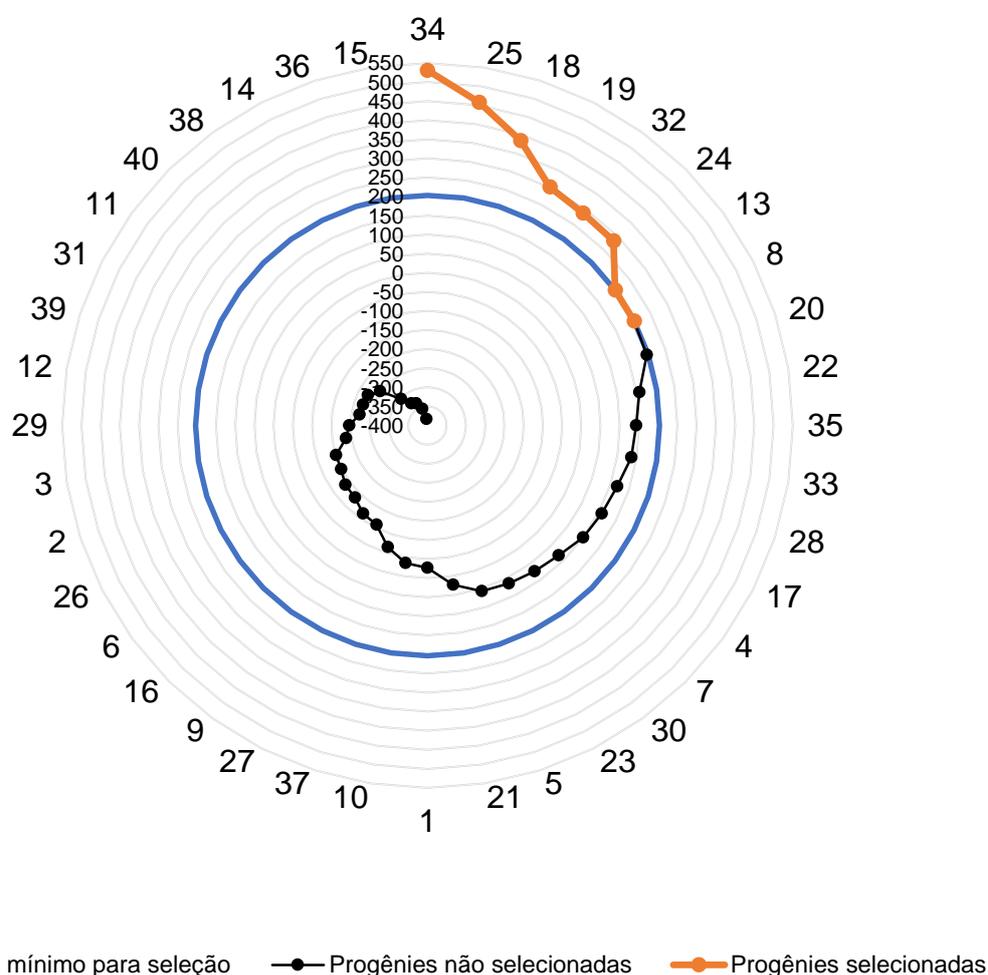
O coeficiente de determinação dos efeitos de parcela ( $c^2_{\text{parc}}$ ), que quantifica a variabilidade dentro das parcelas experimentais, variou de 0,01% a 44% para DF e NFC, respectivamente. Magnitude acima de 10% foram encontradas em NFC, NFD, PMF, PROD, AP, CF, FF, FP e TSS; as demais características apresentaram magnitudes inferiores a 10%. Altas magnitudes de  $c^2_{\text{parc}}$  indicam alta variabilidade entre as parcelas dentro dos blocos e alta correlação ambiental entre as observações. Com base nos resultados obtidos nesse trabalho, pode-se inferir que a variação ambiental entre parcelas exerceu pouca influência sobre as estimativas dos parâmetros genéticos.

Considerando que os valores de herdabilidade com base na média das progênies foram consideravelmente superiores aos da herdabilidade individual, para as principais características agronômicas, destaca-se a importância de se fazer seleção com base na média de progênies.

#### **3.3.4.2 Seleção combinada de progênies via modelos mistos**

A metodologia dos Modelos Mistos fornece o ranking de genótipos potenciais para a seleção, permitindo que seja explorada toda a variação genotípica entre e dentro das progênies (Resende, 2016). Além disso, a utilização dos valores genéticos aditivos na seleção em detrimento dos valores fenotípicos, permite a previsão dos ganhos genéticos e das novas médias para as características, fornecendo estimativas isentas de efeitos ambientais, representando o potencial genético dos indivíduos. Contudo, nessa metodologia cada variável é analisada separadamente, o que dificulta a seleção de genótipos promissores com base na combinação de várias características. Assim, faz-se necessária a utilização de índices que auxiliem o melhorista na seleção de genótipos capazes de atender o maior número de características desejáveis simultaneamente.

A seleção combinada foi realizada utilizando o ISC para ordenar as progênies (Figura 4), utilizando-se dos valores genéticos preditos e pesos agronômicos padronizados. Assim, uma intensidade de seleção de 20% foi praticada. Com base na seleção combinada, oito progênies superiores foram selecionadas para as 14 características avaliadas.



**Figura 4** - Ranqueamento, intensidade de seleção (20%) e progênes selecionadas via índice SC.

Nota: o eixo do gráfico simula o valor\* obtido pelas progênes; o círculo em azul representa o valor mínimo das progênes selecionadas. \*score originado pelo cálculo do índice SC.

A Tabela 3 fornece os ganhos genéticos para NFC, PMF, PROD, FF, FP, TSS e EP, que são as de maior importância para o programa de melhoramento genético do mamoeiro; no entanto, a seleção foi realizada levando em consideração as 14 características avaliadas.

**Tabela 3.** Efeito genético aditivo predito (a), Ganhos genéticos (G) e novas médias preditas (X) em sete características de grande importância no melhoramento de mamoeiro para as progênes selecionadas pelo índice ISC

Progênie	NFC		PMF		PROD		FF		FP		TSS		EP	
	G	X	G	X	G	X	G	X	G	X	G	X	G	X
8	5,41	51,89	315,53	1041,90	12,93	45,68	1,89	137,76	3,02	97,06	0,13	10,50	0,33	2,50
13	9,07	55,55	114,82	841,20	6,51	39,26	2,82	138,69	1,78	95,82	0,47	10,85	0,15	2,32
18	1,89	48,37	298,33	1024,71	6,11	38,86	8,44	144,31	5,40	99,45	0,43	10,80	0,23	2,40
19	15,59	62,07	220,82	947,20	16,34	49,10	3,18	139,06	2,47	96,51	0,08	10,45	0,13	2,31
24	8,58	55,06	41,69	768,08	2,88	35,63	4,34	140,21	1,86	95,90	0,81	11,19	0,04	2,21
25	8,11	54,59	73,83	800,20	3,91	36,66	11,35	147,22	4,12	98,16	0,35	10,72	0,08	2,25
32	19,76	66,24	138,48	864,85	15,25	48,00	4,94	140,82	2,16	96,20	0,31	10,68	0,06	2,23
34	12,05	58,53	441,30	1167,68	22,80	55,55	2,93	138,80	0,75	94,79	0,15	10,52	0,50	2,68
X <sub>s</sub>	10,06	56,54	205,60	931,98	10,84	43,59	4,99	140,86	2,70	96,74	0,34	10,71	0,19	2,36
X <sub>G</sub>		46,48		726,38		32,75		135,87		94,04		10,38		2,17

PROD: produtividade planta; NFC: número de frutos comerciais; FF: firmeza de fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); EP: espessura de polpa (cm); X<sub>s</sub>: média dos selecionados; X<sub>G</sub>: média geral.

Os ganhos genéticos das oito progênie selecionadas variaram de 1,89 a 19,76 para NFC, de 41,69 a 441,30 g para PMF, de 2,88 a 22,80 kg planta<sup>-1</sup> para PROD, de 1,89 a 11,35 N para FF, de 0,75 a 5,40 N para FP, de 0,08 a 0,81 °Brix para TSS, e de 0,04 a 0,50 cm para EP (Tabela 3). Em termos percentuais, os valores médios dos ganhos genéticos previstos para as características NFC, PMF, PROD, FF, FP, TSS e EP foram de 21,64%, 28,30%, 33,10%, 3,67%, 2,87%, 3,28% e 8,76%, respectivamente. Esses valores são considerados satisfatórios tendo em vista a seleção efetuada entre progênie e a utilização do ISC.

Pinto et al. (2013), aplicando a metodologia dos modelos mistos concomitantemente com o índice ISC para a seleção de progênie segregantes de mamoeiro, obtiveram ganhos genéticos correlatos para características relacionadas ao fruto e produtividade, contudo, há uma tendência de ganhos genéticos mais expressivos quando se selecionam plantas individuais. Cortes et al. (2019), avaliando linhagens superiores de mamoeiro, obtiveram, através do ISC e dos valores genéticos, ganhos genéticos variando de 3,07 a 26,61% para PROD e de 15,02 a 29,78% para NFC, no entanto não constataram ganhos significativos para características relacionadas à qualidade dos frutos, como FF, PF e TSS.

Considerando as características relacionadas à produção para as progênie selecionadas, foi possível verificar que a nova média predita para PMF foi de 931,28 g, superior à média geral (726,38 g) (Tabela 3). Para esta característica, o peso agrônômico utilizado na seleção foi 1, visto que nesta etapa do programa de seleção recorrente não foi visada para separação por grupos heteróticos dentro da população em estudo. Quando há a intenção de selecionar genótipos entre os diferentes grupos heteróticos da cultura do mamoeiro, Solo e Formosa, basta atribuir diferentes pesos agrônômicos para esta característica no índice de seleção, como já realizado por Pirovani et al. (2022), em que pesos negativos (-200) e positivos (200) foram atribuídos ao caráter PMF para identificar essas variações.

As novas médias preditas para a característica PROD variaram de 35,63 kg planta<sup>-1</sup> para a progênie 24 a 55,55 kg planta<sup>-1</sup> para a progênie 34, com média para as selecionadas de 43,59 kg planta<sup>-1</sup>, superior à média geral (32,75 kg planta<sup>-1</sup>) (Tabela 3). É importante destacar que a produtividade é estimada a partir do produto do número de frutos comerciais e do peso médio de frutos colhidos. Portanto, cultivares altamente produtivas nem sempre apresentam NFC elevado,

assim como a produção de muitos frutos comerciais pode não representar alta produtividade em termos de quilogramas por planta. Para a característica NFC, a média geral das progênies selecionadas foi de 56,54 frutos, valor superior à média geral (46,48 frutos). A progênie 32 se destacou das demais, com nova média predita de 66,24 frutos comerciais.

Ao considerar as características físico-químicas do fruto, verificam-se novas médias preditas de 140,86N em FF, 96,74N em FP, 10,71°Brix em TSS e 2,36 cm em EP, cujas médias são superiores às médias gerais da população para as características em questão, a saber, 135,87N, 94,04N, 10,38°Brix e 2,17 cm (Tabela 3). A progênie 25 se destacou por apresentar a maior média predita para FF, 147,22N. Para FP, a maior média foi observada na progênie 18, 99,45N. Para a característica TSS, a progênie 24 apresentou a maior média predita, com valor de 11,19°Brix. Já para EP, a progênie 34 apresentou a maior média (2,68 cm), o que representa um acréscimo de 0,51 cm.

A ponderação de pesos agronômicos equivalentes para as características físico-químicas de fruto (FF, FP e TSS) no índice de seleção foi eficaz na seleção de progênies superiores. Segundo Miranda et al. (2022), a atribuição de pesos agronômicos equivalentes para estas características é uma das vantagens da utilização dos índices de seleção, pois mesmo apresentando correlação negativa e baixa variação genotípica, é possível obter genótipos com ganhos genéticos positivos para as três características.

Características físico-químicas relacionadas ao fruto são extremamente importantes para o melhoramento do mamoeiro. A seleção de genótipos que aliem características de qualidade do fruto como FF, FP e TSS recebem uma atenção especial, visto que cultivares de maior qualidade comandam um preço de varejo mais alto, além de terem a preferência do mercado consumidor por serem mais intensamente doces e mais resistentes contra danos mecânicos durante o manuseio, transporte e armazenamento. Assim como maiores espessuras de polpa (>2 cm) também são desejáveis, pois está diretamente associada ao percentual de volume de polpa, redução na cavidade ovariana e, conseqüentemente, maior valor comercial (Reis et al., 2015; Nascimento et al., 2019).

As oito progênies aqui selecionadas apresentaram ganhos genéticos positivos significativos para as características relacionadas à produção e qualidade

de fruto, indicando a possibilidade de seleção de progênies com atributos desejáveis tanto para fatores de produção, bem como para qualidade de fruto.

O *ISC* também foi utilizado neste estudo para a seleção dos melhores genótipos dentro das melhores progênies. Foram selecionados três genótipos dentro de cada progênie. Ao considerar a seleção de genótipos dentro das melhores progênies, foram observados aumentos nos ganhos preditos em relação à seleção baseada na média das progênies para todas as características (Tabela 4). Em média, o maior ganho predito (%) foi observado para PROD (49,23%), seguido por PMF (48,17%), NFC (32,93%), EP (11,39%), FF (4,72%), TSS (3,85%) e FP (3,72%).

**Tabela 4.** Ganhos genéticos (G) e novas médias preditas (X) em sete características de grande importância no melhoramento de mamoeiro, em 40 progênies S<sub>1</sub> do programa de seleção recorrente UENF/CALINAN, considerando a seleção de genótipos dentro das progênies avaliadas

Bl	Prog,	Pi,	NFC			PMF			PROD			FF			FP			TSS			EP		
			u+a	G	X	u+a	G	X	u+a	G	X	u+a	G	X	u+a	G	X	u+a	G	X	u+a	G	X
3	8	2	51,05	12,55	59,03	1257,42	676,36	1402,73	52,79	23,72	56,47	135,72	3,22	139,09	95,57	3,09	97,14	9,71	0,07	10,44	2,41	0,39	2,56
2	8	3	50,61	12,06	58,54	1155,68	591,78	1318,16	50,67	23,06	55,82	135,78	3,24	139,11	96,84	4,20	98,25	10,01	0,19	10,57	2,48	0,46	2,64
1	8	4	55,08	15,86	62,35	1518,33	861,06	1587,43	62,52	29,77	62,52	133,81	2,11	137,98	95,22	2,76	96,80	10,08	0,22	10,60	2,49	0,48	2,66
3	13	2	54,63	15,66	62,14	688,78	170,96	897,33	35,26	10,09	42,84	135,43	3,04	138,91	96,18	3,83	97,87	10,52	0,48	10,86	2,22	0,18	2,35
5	13	3	53,17	14,14	60,62	725,30	195,51	921,88	36,37	11,38	44,13	135,92	3,38	139,25	95,34	2,86	96,90	10,24	0,30	10,68	2,28	0,24	2,41
1	13	4	47,72	9,84	56,32	553,72	80,93	807,31	29,44	4,29	37,05	138,10	5,51	141,39	94,94	2,60	96,64	11,04	0,84	11,22	2,28	0,24	2,42
2	18	1	32,46	1,11	47,59	1206,71	620,89	1347,27	32,36	7,04	39,79	143,05	10,96	146,83	99,76	6,05	100,09	10,74	0,61	10,99	2,35	0,32	2,49
4	18	2	39,78	4,22	50,70	1247,59	651,28	1377,66	39,28	14,45	47,20	141,55	9,29	145,16	99,98	6,26	100,30	10,66	0,56	10,94	2,39	0,37	2,54
1	18	4	46,67	8,89	55,37	1154,59	583,17	1309,55	41,46	16,46	49,21	143,13	11,15	147,02	99,58	5,89	99,93	10,04	0,20	10,58	2,37	0,33	2,51
2	19	1	60,24	19,66	66,14	825,82	283,74	1010,11	47,90	19,77	52,52	135,83	3,27	139,15	95,02	2,62	96,66	9,71	0,06	10,44	2,25	0,21	2,39
5	19	1	59,06	18,79	65,27	837,79	293,43	1019,81	48,82	20,62	53,38	139,16	6,94	142,81	96,22	3,88	97,92	9,86	0,13	10,50	2,24	0,19	2,37
5	19	2	64,99	25,21	71,69	720,27	190,28	916,66	47,52	19,46	52,21	136,24	3,63	139,50	94,89	2,58	96,62	9,93	0,16	10,53	2,12	0,10	2,27

PROD: produtividade planta; NFC: número de frutos comerciais; FF: firmeza de fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); EP: espessura de polpa (cm). G: ganho genético; X: nova média predita.

**Tabela 4 – Cont.**

Bl,	Prog,	Pl,	NFC			PMF			PROD			FF			FP			TSS			EP		
			u+a	G	X	u+a	G	X	u+a	G	X	u+a	G	X	u+a	G	X	u+a	G	X	u+a	G	X
3	24	1	50,93	12,41	58,89	604,12	109,68	836,06	30,54	5,28	38,03	138,55	6,07	141,95	95,11	2,70	96,74	11,14	0,89	11,27	1,99	0,04	2,21
5	24	2	45,48	7,66	54,14	534,11	66,51	792,89	25,68	1,88	34,63	138,00	5,35	141,22	94,82	2,54	96,58	11,20	0,96	11,34	2,13	0,11	2,28
5	24	3	45,98	8,16	54,64	500,68	53,58	779,96	25,26	1,71	34,47	137,57	4,99	140,86	95,49	2,98	97,03	11,25	0,99	11,37	2,05	0,06	2,23
4	25	3	48,53	10,35	56,83	674,37	161,22	887,60	32,31	6,87	39,62	148,61	14,00	149,88	98,63	5,46	99,50	10,54	0,50	10,88	2,16	0,13	2,30
3	25	4	48,27	10,18	56,66	706,77	184,04	910,42	32,32	6,91	39,66	151,24	15,37	151,24	97,91	5,02	99,07	10,48	0,45	10,83	2,16	0,12	2,30
5	25	5	61,02	20,65	67,13	664,50	154,46	880,83	35,64	10,59	43,34	146,28	12,26	148,13	97,43	4,76	98,80	10,38	0,38	10,76	2,07	0,07	2,24
2	32	1	71,10	29,44	75,92	910,26	338,49	1064,87	57,42	26,33	59,09	137,76	5,19	141,07	95,16	2,71	96,76	10,21	0,28	10,66	2,04	0,05	2,23
3	32	1	75,08	33,58	80,06	608,92	114,76	841,14	48,03	20,09	52,85	137,12	4,45	140,32	96,03	3,61	97,65	10,39	0,39	10,77	2,07	0,07	2,24
5	32	2	73,14	32,20	78,68	825,04	280,63	1007,01	52,45	23,43	56,18	140,57	8,06	143,93	95,78	3,34	97,39	10,28	0,32	10,70	2,10	0,09	2,26
1	34	1	54,65	15,76	62,24	1117,65	545,85	1272,23	57,96	27,13	59,89	137,00	4,24	140,12	93,83	2,06	96,11	10,04	0,21	10,59	2,66	0,55	2,72
4	34	1	53,79	14,47	60,95	1224,91	630,93	1357,31	60,79	28,90	61,66	136,96	4,20	140,07	92,00	0,86	94,90	9,91	0,15	10,52	2,70	0,56	2,74
5	34	2	53,83	14,55	61,03	1130,00	559,51	1285,89	58,27	27,77	60,53	136,82	3,98	139,85	92,60	1,29	95,33	10,10	0,23	10,61	2,70	0,56	2,73
Média			15,31	61,79		349,96	1076,34		16,13	48,88		6,41	142,28		3,50	97,54		0,40	10,78		0,25	2,42	

PROD: produtividade planta; NFC: número de frutos comerciais; FF: firmeza de fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); EP: espessura de polpa (cm). G: ganho genético; X: nova média predita.

Considerando os ganhos genéticos e as novas médias preditas para os genótipos selecionados dentro de cada progênie, para a característica PROD, a progênie 34 apresentou as maiores médias, com destaque para o genótipo 4-1, com ganho genético de 28,90 kg planta<sup>-1</sup> (Tabela 4). Para a característica NFC, destacou-se o genótipo 3-1 da progênie 32, com ganho genético de 33,58 frutos comerciais em relação à média geral.

Para as características relacionadas à qualidade do fruto, foram observados ganhos médios de 13,88N em FF e de 6,07N em FP para as progênies 25 e 18, respectivamente; de 0,95°Brix em TSS para a progênie 24 e de 0,56 cm em EP para a progênie 34. Em termos de plantas individuais, para as características FF, FP, TSS e EP, destacaram-se os genótipos 3-4 (25), 4-2 (18), 5-3 (24) e 4-1 (34), com ganhos preditos que representam um acréscimo de 15,37N, 6,26N, 0,99°Brix e 0,56 cm, respectivamente. Embora os ganhos genéticos para estas características sejam menos expressivos do que os observados em PROD, NFC e PMF, por exemplo, a constatação e quantificação desta variabilidade para FF, FP, TSS e EP permite que linhagens selecionadas, sejam Solo ou Formosa, apresentem maior qualidade e sabor de fruto (Santa-Catarina et al., 2020).

Quando efetuada a seleção dos melhores genótipos dentro das progênies superiores selecionadas, considerando as características de importância para o melhoramento genético do mamoeiro, houve um acréscimo nos ganhos previstos quando comparados aos ganhos baseados na média das progênies, haja vista que a seleção efetuada dentro, não leva em consideração a média da família, mas sim o valor genético do indivíduo em si. Este resultado indica, portanto, que a variabilidade existente dentro das progênies selecionadas pode ser explorada, o que favorece o progresso genético por seleção na população.

Para que se atinjam ganhos genéticos significativos e, com isso, a seleção dentro de uma população seja efetiva, este processo deve estar aliado ao estudo dos componentes de variância, bem como dos componentes da média, resultando na seleção dos genótipos superiores obtentores das maiores médias e de maior variabilidade genética (Chiorato et al., 2008). Assim, torna-se primordial a estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos e a predição de valores genéticos, por meio da metodologia dos modelos mistos, conjugados a índices de seleção combinada, baseado em critérios de maior interesse para a cultura em estudo, enfatizando incrementar ganhos genéticos através da triagem

das melhores plantas dentro das progênies selecionadas para um conjunto de características.

Em termos de seleção simultânea, verificou-se que a utilização do índice de seleção combinada, baseada nos valores genéticos aditivos padronizados, foi consistente na identificação e seleção de progênies superiores. Pirovani et al. (2022), avaliando genitores de importantes híbridos comerciais de mamoeiro, verificaram que o índice de seleção combinada possibilitou a seleção de genótipos com diferencial de seleção positivo para as características NFC, PROD, FF, FP, TSS e EP para o genitor SS-72/12, utilizando pesos econômicos arbitrários na seleção.

### **3.3.4.3 Perfil da seleção direta de progênies**

Dentro de um programa de melhoramento, a associação entre a seleção combinada e a seleção direta pode auxiliar o melhorista na seleção de potenciais genótipos portadores de alelos favoráveis para características específicas (Santa-Catarina et al., 2020). Nesse sentido, estudou-se o efeito da seleção direta (SD) nas características a fim de selecionar progênies superiores não selecionadas via índice de seleção combinada. Quando efetuada a seleção das oito melhores progênies, via seleção direta, para as características PROD, NFC, PMF, FF, FP, TSS e EP, observou-se que ao menos uma delas já havia sido selecionada através do índice ISC. Para as características PROD, FF, FP e EP, a melhor progênie foi coincidente em ambas as metodologias.

Para a característica PROD, as progênies 34, 2, 19, 32, 21, 8, 23 e 35 foram selecionadas, com ganho genético médio de 15,38 kg planta<sup>-1</sup>, o que representa um acréscimo de aproximadamente 5kg planta<sup>-1</sup>, comparado à seleção combinada. Para FF, as progênies 7, 9, 10, 18, 25, 28, 32 e 33 foram selecionadas, com ganho médio de 6,82N (5,02%). As progênies 3, 8, 10, 16, 18, 22, 25 e 28 foram as que obtiveram maiores ganhos genéticos para FP, com ganho médio de 3,78N (4,02%).

As progênies 25 e 18 obtiveram os maiores ganhos genéticos com 12,32N e 9,01N, respectivamente; estas progênies também lideraram o ranking para a característica FP, com ganhos médios de 5,66 para a progênie 25 e de 5,47 para a progênie 18. Com base na seleção direta, os indivíduos 3-3 e 3-4 da progênie 25 foram superiores para FF (152,15N) e FP (101,89N), respectivamente, ambos selecionados também via seleção combinada. Para EP, as progênies 2, 4, 8, 18,

23, 31, 34 e 35 foram selecionadas, com ganho médio de 0,34 cm, o que representa um acréscimo de 15,11% em relação à média geral. Nota-se para estas quatro características que as progênes superiores já foram selecionadas quando efetuada a seleção genótipos dentro das melhores progênes.

Em NFC e TSS foram observadas as menores concordâncias entre progênes selecionadas via seleção direta e seleção combinada. Das oito progênes selecionadas, apenas as progênes 32 e 19, para NFC, e a progênie 24, para TSS, foram selecionadas em ambas as metodologias, apresentando ganho genético médio de 17,68 frutos comerciais e 0,82°Brix, respectivamente. Para NFC e TSS, embora tenha ocorrido ao menos uma coincidência entre as progênes selecionadas pelas diferentes metodologias, os melhores genótipos, via seleção direta, não foram ranqueados pelo índice ISC, o que torna a seleção direta uma alternativa importante para a seleção de genótipos portadores de alelos favoráveis para estas características.

Para a característica PMF, a seleção direta foi realizada em dois sentidos, positivo e negativo, em que as duas progênes de maior PMF (+) e as duas de menor PMF (-) foram selecionadas, visando a seleção de genótipos tipo Solo e Formosa, para futuros estudos. Uma das progênes superiores para PMF tipo Formosa (maior peso) foi a mesma selecionada via seleção combinada. Assim, a seleção direta foi efetuada visando a seleção de duas progênes de menor e uma de maior peso médio de fruto.

O ranqueamento, os efeitos genéticos aditivos, os valores genéticos aditivos, os ganhos genéticos e as novas médias preditas dos genótipos superiores obtidos com a seleção direta para PMF, TSS e NFC encontram-se na Tabela 5. Para PMF, o genótipo 3-4 da progênie 2 foi selecionado por apresentar o maior peso médio, com ganho genético de 933,86 g e nova média predita de 1660,24 g. Os genótipos 4-1 (progênie 3) e 4-1 (progênie 38) apresentaram os menores ganhos genéticos, 12,66 g e 5,22 g, com novas médias preditas de 739,03 g e 731,60 g, respectivamente. As variedades tipo solo são conhecidas por sua excelente qualidade alimentar, geralmente têm preços mais altos e, portanto, são uma opção atraente para produtores (Manshardt, 2014). Desta forma, é importante a seleção de genótipos portadores de alelos favoráveis para PMF para serem utilizados em programas de melhoramento genético do mamoeiro com foco no desenvolvimento de linhagens e híbridos superiores pertencentes ao padrão solo.

**Tabela 5.** Seleção direta para três características de grande importância no melhoramento de mamoeiro, em 40 progênies S<sub>1</sub> do programa de seleção recorrente UENF/CALINAN

Característica	rank	Progênie	Planta	a	u+a	G	X
PMF	1	2	3-4	933,86	1660,23	933,86	1660,24
	2	3	4-1	-335,27	391,10	12,66	739,03
	3	38	4-1	-406,51	319,86	5,22	731,60
Média						317,25	1043,62
TSS	1	27	3-2	1,22	11,59	1,21	11,60
	2	27	1-2	1,12	11,50	1,17	11,55
	3	5	4-1	0,92	11,30	1,04	11,41
Média						1,14	11,52
NFC	1	17	4-1	43,47	89,95	43,47	89,95
	2	17	3-1	32,96	79,44	38,21	84,69
	3	17	1-2	29,30	75,78	35,24	81,72
Média						38,97	85,45

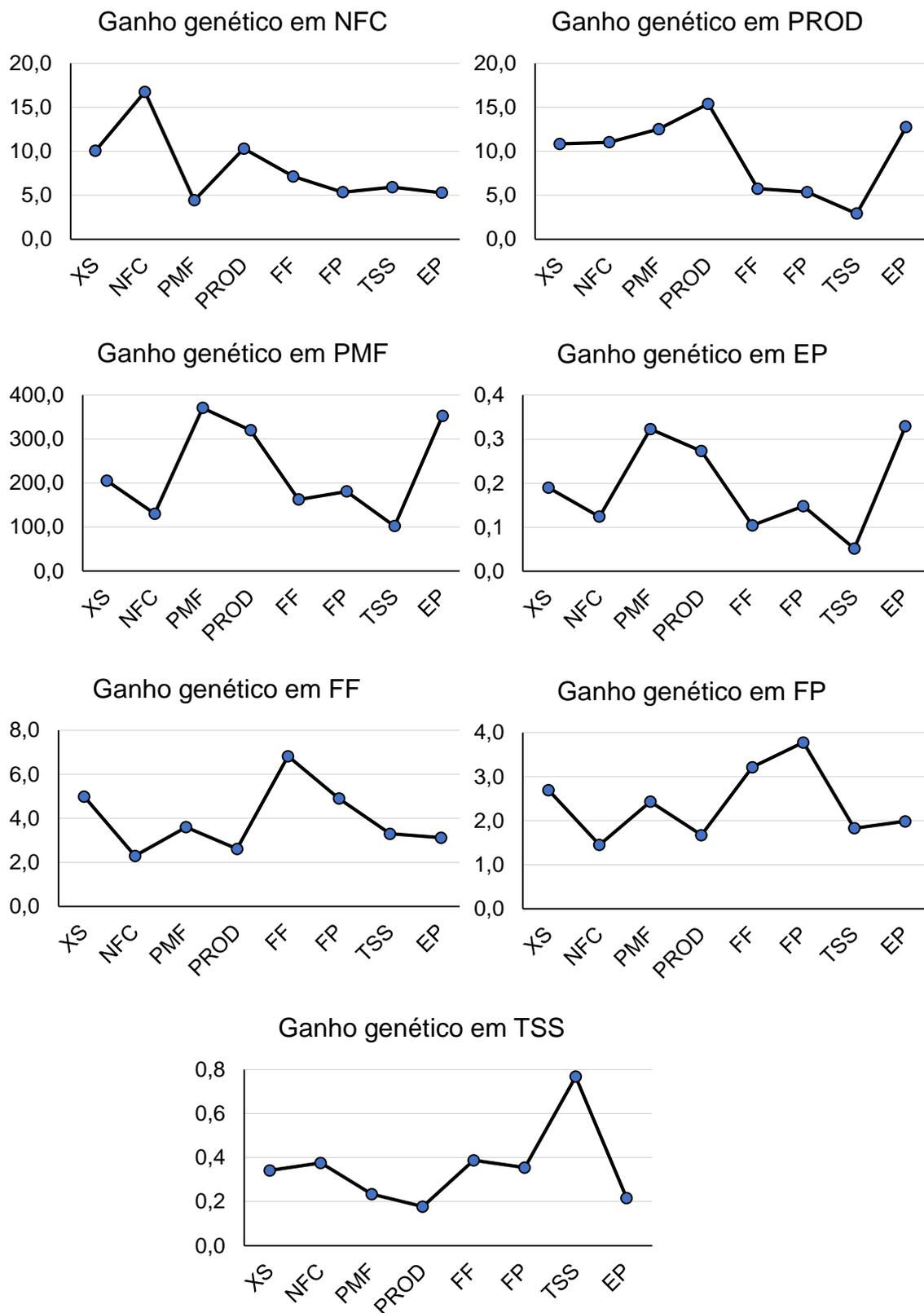
PMF: peso médio de fruto; TSS: teor de sólidos solúveis; EP: espessura de polpa; a: efeito genético aditivo; u + a: valor genético aditivo; G: ganho genético; X: nova média predita.

Segundo Ide et al. (2009), genótipos que expressam ganhos genéticos de alta magnitude simultaneamente para as características físico-químicas do fruto, devido à ausência de correlação positiva entre as firmezas e o teor de sólidos solúveis, são difíceis de encontrar e demandam maiores esforços por parte dos melhoristas. Assim, a seleção de genótipos superiores para TSS, via seleção direta, mostrou-se uma alternativa viável para a obtenção de maiores ganhos para esta característica. Os genótipos selecionados apresentaram ganho estimado de 10,98% (11,52°Brix), três vezes superior ao ganho estimado via ISC (3,10%). Os genótipos 3-1 e 1-2 da progênie 27 e 4-1 da progênie 5 foram superiores aos demais, com médias de 11,59, 11,50 e 11,30°Brix, respectivamente.

Com a seleção efetuada em NFC foi observado um ganho genético médio de 38,97 frutos. Os genótipos 4-1, 3-1 e 1-2 da progênie 17 foram selecionados, com nova média predita de 89,95, 84,69 e 81,72 frutos comerciais. O NFC é um componente direto de produção, sendo sua importância econômica imprescindível na cadeia produtiva do mamoeiro, devendo ser levado em consideração no processo de seleção e desenvolvimento de novas cultivares pelos programas de melhoramento genético.

Diante dos resultados, observa-se que os ganhos genéticos previstos foram significativamente superiores àqueles considerando a seleção combinada para as três características, o que já era esperado. No entanto, apesar do maior ganho específico, o emprego da seleção direta deve ser feito com cautela, pois pode proporcionar alterações significativas nas demais características.

Ao efetuar a seleção direta para NFC, foi observado um acréscimo de seis frutos comerciais em relação à seleção combinada, porém o efeito causado em NFC pela seleção direta das demais características, comparado ao índice ISC, foi negativo. Apenas a seleção direta de PROD apresentou ganhos similares ao obtido pelo índice ISC (Figura 5). Vettorazzi et al. (2021), estimaram a capacidade específica de novas combinações híbridas, em que as melhores apresentaram combinações positivas para NFC e PROD, indicando que plantas com maior NFC apresentavam também maior produtividade.



**Figura 5.** Efeito da seleção combinada e direta em cada característica, em 40 progenies  $S_1$  do programa de seleção recorrente UENF/CALINAN. PROD: produtividade planta; NFC: número de frutos comerciais; FF: firmeza de fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis ( $^{\circ}$ Brix); EP: espessura de polpa (cm).

Ao realizar a seleção direta para NFC, PMF e EP foram observados ganhos em PROD superiores àqueles obtidos pelo índice ISC, além da própria seleção direta de PROD (Figura 5). O menor ganho observado em PROD foi obtido quando a seleção foi direcionada para TSS, indicando que a seleção de genótipos com maiores teores de açúcar tende a reduzir os ganhos em produtividade. Santa-Catarina et al. (2020), caracterizaram, por meio de análise multivariada, a população base UCP-C0, e observaram comportamento similar, no qual o grupo de genótipos que apresentou maior média para TSS, também obteve a menor média para PROD.

A seleção direcionada para EP e PROD proporcionaram ganhos superiores em PMF quando comparada à seleção combinada; o efeito positivo da seleção destas características sobre PMF se dá pela existência de uma forte correlação positiva entre as características (Moreira et al., 2018), ou seja, o aumento em PMF proporciona o aumento em PROD e EP. No entanto, o ganho obtido com a seleção combinada é superior aos ganhos observados em PMF quando efetuada a seleção de NFC, FF, FP e TSS.

De acordo com os ganhos genéticos obtidos em EP (Figura 5), a seleção direta para as características PMF e PROD mostrou-se favorável, com ganhos em EP superior ao obtido via seleção combinada. Contudo, a seleção de genótipos com base na seleção direta para as demais características ocasionaria um decréscimo em EP, ou seja, as progênies com maior NFC, maiores firmezas de fruto e polpa e com maior teor de açúcar selecionadas, seriam também as de menor espessura de polpa quando comparadas às progênies selecionadas através do índice ISC.

Considerando as características de firmeza de fruto e polpa, apenas os efeitos da seleção direta de FF em FP e vice-versa apresentaram ganhos genéticos superiores aos obtidos via seleção combinada. Isso indica que as progênies obtidas via ISC apresentam maiores firmezas, logo, maior resistência e qualidade de fruto que aquelas selecionadas via NFC, PMF, PROD, TSS e EP.

A seleção direta para TSS, proporcionou ganho genético, em média, duas vezes superior aos ganhos obtidos pela seleção combinada e direta das demais características. Em características que apresentam menor variabilidade, como FF, FP e TSS, é de se esperar que os ganhos obtidos pela seleção direta sejam

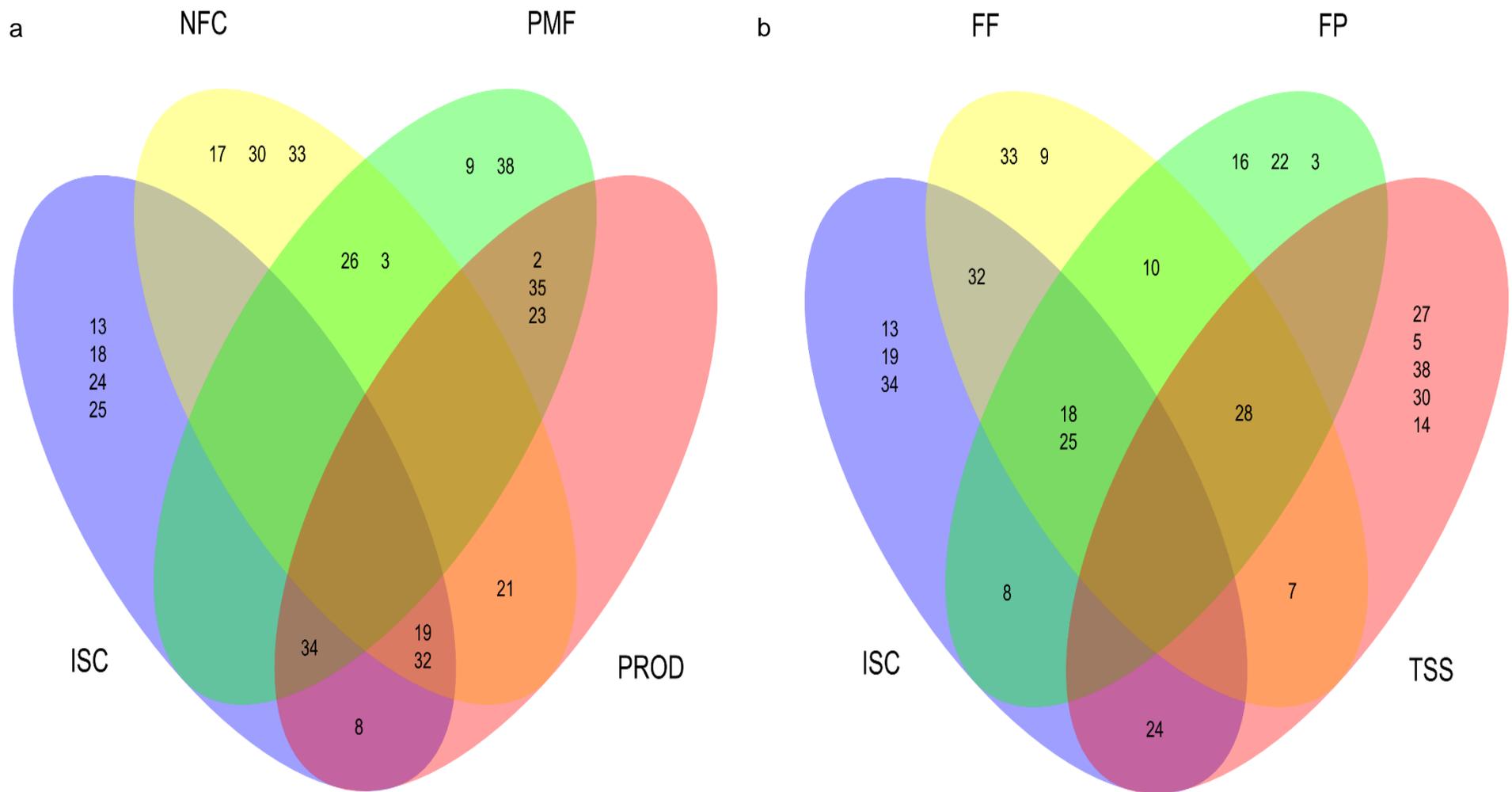
maiores, já que é difícil a combinação de progênies altamente produtivas e de excelentes características relacionadas à qualidade dos frutos (Ide et al., 2009).

Cortes et al. (2019), avaliaram linhagens superiores de progênies  $F_{2:3}$ , e concluíram que, embora a seleção combinada apresente ganhos genéticos menores quando comparados aos ganhos obtidos via seleção direta, o emprego de índices ISC tem sido uma estratégia promissora quando utilizada em programas de melhoramento de mamoeiro. Assim, a seleção combinada gera maior expectativa de sucesso nas etapas seguintes por considerar conjuntamente as características agrônômicas favoráveis e desfavoráveis ao cultivo do mamoeiro (Silva et al., 2008).

Para auxiliar a visualização dos indivíduos na seleção direta e comparar os selecionados via ISC foi utilizado o diagrama de Venn. Considerando ISC e a SD para as características de produtividade, NFC, PMF e PROD, não foi observada a existência de intercessão ( $\cap$ ) comum para todas as características, ou seja, uma progênie que tenha sido selecionada via ISC e via seleção direta para estas características simultaneamente ( $ISC \cap NFC \cap PMF \cap PROD$ ) (Figura 6a).

Das oito progênies selecionadas via ISC, uma tem a característica PROD em comum ( $ISC \cap PROD$ ), duas têm as características PROD e NFC ( $ISC \cap PROD \cap NFC$ ) em comum e uma tem as características PMF e PROD ( $ISC \cap PMF \cap PROD$ ). A progênie 8 está relacionada pelas características PROD e ISC ( $ISC \cap PROD$ ) e as progênies 19 e 32 apresentam intercessão para ISC, NFC e PROD. As progênies 13, 18, 24 e 25 foram selecionadas apenas pela seleção combinada, não sendo comuns para as características NFC, PMF e PROD (Figura 6a).

Considerando apenas a seleção direta, três progênies (17, 30 e 33) estão relacionadas apenas para a característica NFC e duas (9 e 38) pela característica PMF. As progênies 3 e 26 apresentam similaridades para as características NFC e PMF. A progênie 21 foi selecionada via NFC e PROD ( $NFC \cap PROD$ ). As progênies 2, 23 e 35 foram selecionadas via PMF e PROD ( $PMF \cap PROD$ ).



**Figura 6.** Diagrama de Veen para as progênies selecionadas pelo índice de seleção combinada (ISC) e seleção direta, em 40 progênies S<sub>1</sub> do programa de seleção recorrente UENF/CALINAN. PROD: produtividade planta; NFC: número de frutos comerciais; FF: firmeza de fruto (N); FP: firmeza de polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); EP: espessura de polpa (cm).

Analisando o perfil da seleção combinada e a seleção direta para as características físico-químicas do fruto, não foi observada a existência de intercessão ( $\cap$ ) comum para todas as características, ou seja, uma progênie que tenha sido selecionada via ISC e via seleção direta para estas características relacionadas à qualidade do fruto simultaneamente ( $ISC \cap FF \cap FP \cap TSS$ ). Apenas três progênies (13, 19 e 34) foram selecionadas apenas pela seleção combinada, não sendo comuns para as características FF, FP e TSS (Figura 6b).

Das oito progênies selecionadas via ISC, uma tem a característica FF em comum ( $ISC \cap FF$ ), uma tem a característica FP ( $ISC \cap FP$ ) em comum e uma tem a característica TSS em comum ( $ISC \cap TSS$ ). As progênies 18 e 25 estão relacionadas pelas características FF e FP ( $FF \cap FP$ ), e foram selecionadas também via ISC. Das oito progênies selecionadas via SD para as características FF e FP, quatro são comuns, demonstrando a forte correlação positiva entre as firmezas. Ponderando apenas a seleção direta para FF e FP, as progênies 9 e 33 foram selecionadas apenas via FF e as progênies 3, 16 e 22 para FP.

O perfil das seleções das progênies demonstra a importância da seleção direcionada para a característica TSS. Das oito progênies selecionadas via SD, apenas a progênie 24 foi também selecionada via ISC, com média de 11,19°Brix. Os genótipos selecionados via SD apresentaram média de 11,52°Brix, indicando que estes genótipos são fontes de alelos favoráveis para TSS e devem ser levados em consideração.

A possibilidade de selecionar progênies superiores ainda nas fases iniciais do programa de seleção recorrente em mamoeiro mostra que as progênies aqui relatadas têm alto potencial genético tanto para avançar os ciclos dentro do programa, como também para o desenvolvimento de novas linhagens e/ou genitores de novos híbridos, além de expressarem significativa variabilidade genética, com genótipos pertencentes aos dois grupos heteróticos da cultura.

### 3.3.5 CONCLUSÃO

As progênes S<sub>1</sub> de mamoeiro oriundas do programa de seleção recorrente UENF/CALIMAN possuem ampla diversidade genética para as características de interesse no melhoramento genético do mamoeiro. As características diâmetro de caule e teor de sólidos solúveis estavam mais sujeitas aos efeitos ambientais por apresentarem as menores estimativas de índice de variação. As características avaliadas apresentaram elevados coeficientes de herdabilidade média de progênes (>57%), o que demonstra situação favorável à seleção de progênes para o desenvolvimento de genótipos superiores de mamoeiro.

O índice de seleção combinada mostrou-se consistente na identificação e seleção das melhores progênes. As 8 progênes S<sub>1</sub> (8, 13, 18, 19, 24, 25, 32 e 34) de mamoeiro selecionadas via ISC apresentaram ganhos genéticos promissores para as características relacionadas à produção e qualidade de fruto. A seleção direta permitiu identificar e selecionar genótipos superiores portadores de alelos favoráveis para as características peso médio de fruto, teor de sólidos solúveis e número de frutos comerciais.

Um total de 33 plantas agronomicamente superiores foram selecionadas, sendo 24 selecionadas via seleção combinada e nove via seleção direta para PMF, TSS e NFC. Estas progênes apresentam potencial genético para o desenvolvimento de novas linhagens *per se* e/ou híbridos, bem como serem utilizadas com outros testadores elites para a obtenção de novos híbridos, atendendo às necessidades dos mercados nacional e internacional em relação ao tamanho, qualidade e rendimento de fruto.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABRAFRUTAS. *Associação Brasileira dos Produtores e Exportadores de Frutas e Derivados* (2021). Disponível em: <https://abrafrutas.org/2022/02/dados-de-exportacao-em-2021/>. Acesso em: 23 de março de 2023.
- Alvares, C.A., Stape, J.L., Sentelhas, P.C., Gonçalves, J.L.M., Sparovek, G. (2013) Koppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, 22:711-728.
- Ara, N., Moniruzzaman, M., Begum, F., Khaton, R. (2016). Genetic divergence analysis in papaya (*Carica papaya* L.) genotypes. *Bangladesh Journal of Agricultural Research*, 41(4), 647-656.
- Aravind, G., Bhowmik, D., S, D., Harish, G. (2013) Traditional and medicinal uses of *Carica papaya*. *J Med Plants Stud* 1: 7–15.
- Arkle Junior, T.D., Nakasone, H.Y. (1984) Floral differentiation in the hermaphroditic papaya. *HortScience* 19: 832–834.
- Assefa, W., Ayele, L., Dagneu, A., Etissa, E., Kebede, G., Damtew, M., Ayalew, M. (2016) Variability, association and path coefficient analysis of yield and yield components of dioecious papaya genotypes in Ethiopia. *International Journal of Research in Agriculture and Forestry* 3(10):8-14.
- Badillo, V.M. (1993) Caricaceae – Segundo esquema. *Rev La Fac Agron La Univ Cent Venez* 43: 1–111.

- Badillo, V.M. (2000) *Carica L. vs Vasconcella St. Hil. (Caricaceae): con le rehabilitación de este ultimo. Ernstia 10: 74–79.*
- Barragán-Iglesias, J., Méndez-Lagunas, L.L., Rodríguez-Ramírez, J. (2018) Ripeness indexes and physicochemical changes of papaya (*Carica papaya L. cv. Maradol*) during ripening on-tree. *Scientia Horticulturae*, 236:272-278.
- Barrett, C. B., Bachke, M. E., Bellemare, M. F., Michelson, H. C., Narayanan, S., Walker, T. F. (2010) Smallholder participation in agricultural value chains: Comparative evidence from three continents. *Available at SSRN 1733942.*
- Barros, G.B.A., Aredes, F.A.S., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Pereira, M.G. (2017) Capacidade combinatória de linhagens recombinadas de mamoeiro oriundas de retrocruzamento para conversão sexual. *Revista Ciência Agronômica 48(1): 166-174.*
- Borém A., Miranda, G.V., Fritsche-Neto, R. (2017) *Melhoramento de plantas.* Editora UFV, Viçosa, 7e. 543p.
- Cabral, P.D.S., Amaral, A.T., Freitas, I.L. de J., Ribeiro, R.M., Silva, T.R. da C. (2016) Relação causa e efeito de caracteres quantitativos sobre a capacidade de expansão do grão em milho-pipoca. *Rev Cienc Agron 47: 108–117.*
- Cargnelutti Filho, A., Toebe, M., Alves, B. M., Neu, I. M. M., Kleinpaul, J. A. (2021) Número suficiente de repetições para análise de trilha em milho. *Ciência e Natura, 43, 32-32.*
- Carvalho, E.D.M.L., Reis, R.C., Borges, V.P., Ledo, C. A.S., Araújo, E.S., Dantas, J.L.L. (2020) Physicochemical and sensory properties of papaya fruits of elite lines and hybrids. *Semina: Ciências Agrárias 41: 121-130.*
- Carvalho, I., da Silva, J. A. G., Loro, M. V., Sarturi, M. V. R., Hutra, D. J., Port, E. D., Lautenchleger, F. (2022) Canonical interrelationships in morphological characters, yield and nutritional components of corn. *Agronomy Science and Biotechnology, 8, 1-17.*
- Cattaneo, L.F. (2001) *Avaliação da divergência genética e análise de gerações em mamoeiro (Carica papaya L.).* Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 95p.

- Cavalcante, N.R., Viana, A.P., Almeida Filho, J.E., Pereira, M.G., Ambrósio, M., Santos, E.A., Ribeiro, R.M., Rodrigues, D.L., Sousa, C.M.B. (2019) Novel selection strategy for half-sib families of sour passion fruit *Passiflora edulis* (Passifloraceae) under recurrent selection. *Genetic and Molecular Research* 18(2):gmr18305.
- CEAGESP. *Companhia de Entrepósitos e Armazéns Gerais de São Paulo*. (2023) <https://ceagesp.gov.br/hortiescolha/hortipedia/mamao/> Acesso em: 23 de março de 2023.
- Chávez-Pesqueira, M., Núñez-Farfán, J. (2017) Genetic diversity and structure of wild populations of *Carica papaya* in Northern Mesoamerica inferred by nuclear microsatellites and chloroplast markers. *Ann of Botany* 118: 1293–1306.
- Chiorato, A. F., Carbonell, S. A. M., Dias, L. A. D. S., Resende, M. D. V. de. (2008) Prediction of genotypic values and estimation of genetic parameters in common bean. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, v. 51, n. 3, p. 465-472.
- Cordeiro, A.C.C., Rangel, P.H.N. (2011) Avaliação de populações de arroz irrigado conduzidas por seleção recorrente em várzea de Roraima. *Agroambiente* 5: 182–187.
- Cortes DFM, Santa-Catarina R, Vettorazzi JCF, Ramos HCC, Viana AP, Pereira MG (2019) Development of superior lines of papaya from the Formosa group using the pedigree method and REML/BLUP procedure. *Bragantia*, 78:1–11.
- Cortes, D. F. M., Santa-Catarina, R., Barros, G. B. A., Aredes, F. A. S., Silveira, S. F., Ferregueti, G. A., Ramos, H. C. C., Viana, A. P., Pereira, M. G. (2017) Model-assisted phenotyping by digital images in papaya breeding program. *Sci Agric.*, 74:294–302.
- Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Azevedo, A.O.N., Poltronieri, T.P. de S., Vettorazzi, J.C.F., Moreira, N.F., Ferregueti, G.A., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2018) Papaya recombinant inbred lines selection by image-based phenotyping. *Sci Agric* 75: 208–215.
- Costa, A. F. S., Pacova, B. E. V. (2003) Caracterização de cultivares, estratégias e perspectivas do melhoramento genético do mamoeiro. In: Martins, D. S., Costa, A. F. S. *A cultura do mamoeiro: Tecnologias de produção*. Vitória: INCAPER, p.59-102.

- Costa, D.D.A., Paulo, J., Azevedo, S. De., Aurélio, M. (2020) Water quality assessment based on multivariate statistics and water quality index of a strategic river in the Brazilian Atlantic Forest. *Sci Rep* 1–13.
- Couto, F.A.D., Nacif, S. (1999) Hibridação em mamão. In: Borém, A. (ed) *Hibridação artificial de plantas*. Viçosa: UFV, p. 307–329.
- Cruz, C.D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy* 35: 271–276.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Editora UFV, v. 2. 514 p.
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S., Regazzi, A.J. (2014) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3.ed. Editora UFV, 668p.
- Da Silva, C. A., Nascimento, A. L., Ferreira, J. P., Schmildt, O., Malikouski, R. G., Alexandre, R. S., Ferregueti, G. A., Schmildt, E. R. (2017). Genetic diversity among papaya accessions. *African Journal of Agricultural Research*, v. 12, n. 23, p. 2041-2048.
- Damasceno Junior, P.C., Pereira, T.N.S., Pereira, M.G., Silva, F.F. da., Souza, M. de M., Nicoli, R.G. (2009b) Preferential reproduction mode of hermaphrodite papaya plant (*Carica papaya* L, Caricaceae). *Rev Bras Frutic* 31: 182–189.
- Damasceno Junior, P.C., Pereira, T.N.S., Silva, F.F., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2008) Comportamento floral de híbridos de mamoeiro (*Carica papaya* L.) avaliados no verão e na primavera. *Revista Ceres* 55(4):310-316.
- Damasceno Junior, P.C., Rabelo, F. da C., Pereira, T.N.S., Neto, M.F., Pereira, M.G. (2009a) Karyotype determination in three caricaceae species emphasizing the cultivated form (*C. papaya* L.). *Caryologia* 62: 10–15.
- Dantas, J.L.L., Neto, M.T. de C. (2000) Aspectos botânicos e fisiológicos. In: Trindade, A.V. (ed) *Mamão Produção: aspectos técnicos*, 1.ed. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, p. 11–14
- Dantas, J. L. L., Dantas, A. C. V. L., Lima, J. F. (2002). Mamoeiro. In: Bruckner, C. H (Ed.) *Melhoramento de fruteiras tropicais*. Viçosa, UFV. p. 422.

- Dantas, J.L.L., Lucena, R.S., Vilas Boas, S.A. (2015) Avaliação agronômica de linhagens e híbridos de mamoeiro. *Revista Brasileira de Fruticultura* 37: 138-148.
- Del Conte, M.V., Carneiro, P.C.S., de Resende, M.D., da Silva, F., Peternelli, L.A. (2020) Overcoming collinearity in path analysis of soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] grain oil content. *PLoS One* 15: 1–15.
- Dias, N.L.P., Oliveira, E.J., Dantas, J.L.L. (2011) Avaliação de genótipos de mamoeiro com uso de descritores agronômicos e estimação de parâmetros genéticos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 46(11): 1471-1479.
- Dileo, M. V., Strahan, G. D., Bakker, M. den, Hoekenga, O. A. (2011) Weighted correlation network analysis (WGCNA) applied to the tomato fruit metabolome. *PLoS ONE*, 6(10), 1-12.
- Espósito, D.P., Peternelli, L.A., Paula, T.O.M. de., Barbosa, M.H.P. (2012) Análise de trilha usando valores fenotípicos e genotípicos para componentes do rendimento na seleção de famílias de cana-de-açúcar. *Ciência Rural* 42: 38–44.
- Estopa, R. A., Souza, A. D., Moura, M. D. O., Botrel, M. C. G., Mendonça, E. G., Carvalho, D. D. (2006) Diversidade genética em populações naturais de candeia (*Eremanthus erythropappus* (DC.) MacLeish). *Scientia Forestalis*, 70, 97-106.
- Falconer D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. 2. ed. Viçosa: UFV, 279p.
- FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Crops production (2021). Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data>. Acesso em: 12 mar. 2023.
- Fagundes, G. R., Yamanishi, O. K. (2001) Physical and chemical characteristics of fruits of papaya tree from 'solo' group commercialized in 4 establishments in Brasilia-DF. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 23, 541-545.
- Fatima, U., Shahid, S. (2018) Pharmacological activities of *Carica papaya* Linn. *J Basic Appl Sci* 14: 210–216.

- Fellahi, Z.E.A., Hannachi, A., Bouzerzour, H. (2018) Analysis of Direct and Indirect Selection and Indices in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) Segregating Progeny. *Int J Agron* 2018: 8312857.
- Ferrão, R.G., Ferreira, A., Cruz, C.D., Cecon, P.R., Ferrão, M.A.G., Da Fonseca, A.F.A., Carneiro, P.C.D.S., Da Silva, M.F. (2008) Inter-trait relations for direct and indirect selection in coffee. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 8: 271-278.
- Ferreira, R.T., Viana, A.P., Silva, F.H.L., Santos, E.A., Santos, J.O. (2016a) Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. *Revista Brasileira de Fruticultura* 38:158-166.
- Ferreira, J.P., Schmildt, E.R., Schmildt, O., Cattaneo, L.F., Alexandre, R.S., Cruz, C.D. (2016b) Comparison of methods for classification of the coefficient of variation in papaya. *Revista Ceres* 63(2):138-144.
- Ferreira, M.A.J.F., Queiróz, M.A.D., Braz, L.T., Vencovsky, R. (2003) Correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. *Hortic Bras* 21: 438–442.
- Follmann D.N., Filho, A.C., Santos, M.S.D., Costa, V.O., Plautz, E.N., Scopel, J.V.F., Bamberg, D.M., Engel, G.H., Olivoto, T., Wartha, C.A., Nardino, M. (2019) Correlations and path analysis in sunflower grown at lower elevations. *J Agric Sci.* 11(2):445.
- Freiria, G.H., Perini, L.J., Zeffa, D.M., Novais, S., Lima, W.F., Simões, L., Gonçalves, A. (2019) Comparison of non-parametric indexes to select soybean genotypes obtained by recurrent selection. *Semin Ciências Agrárias* 40: 1761–1774.
- Galeano, E.A.V., Martins, D.S., Barros, F.L.S., Ventura, J.A., Queiroz, R.B. (2022) *Cadeia produtiva do mamão no Espírito Santo*. Vitória, ES: Incaper, 172p
- Garcia, A.A.F., Souza Júnior, C.L. (1999) Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. *Bragantia*, 58: 253-267.
- Gomes, M.D.C.R., Anjos, J.Â.S.A. dos., Daltro, R.R. (2020) Multivariate statistical analysis applied to the evaluation of groundwater quality in the central-southern portion of the state of Bahia - Brazil. *Ambient e Água - An Interdiscip J Appl Sci* 15: 1.

- Hallauer, A. R, Miranda Filho, J. B., Carena, M. J. (2010) Quantitative genetics in maize breeding. *Springer, New York*.
- Hanif, A., Ahmad, S., Jaskani, M. J., Ahmad, R. (2020) Papaya treatment with putrescine maintained the overall quality and promoted the antioxidative enzyme activities of the stored fruit. *Scientia Horticulturae*, 268, 109367.
- Hazel, L.N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28:476-490.
- Henderson, C.R. (1984) *Aplications of linear models in animal breeding*. University of Guelph, Guelph. 462 p.
- Hofmeyr, J.D.J. (1938) Genetical studies of *Carica papaya* L. *S Afr J Sci* 35: 300–304.
- Hotelling, H. (1936) Relations between two sets of variates. *Biometrika*, 28:321–377.
- Huerta-Ocampo, J.Á., Osuna-Castro, J.A., Lino-López, G.J., Barrera- Pacheco, A., Mendoza-Hernández, G., De León-Rodríguez, A., Barba de la Rosa, A.P. (2012) Proteomic analysis of differentially accumulated proteins during ripening and in response to 1-MCP in papaya fruit. *Journal of Proteomics* 77:2160–2169.
- Hull, F.H. Recurrent selection and specific combining ability in corn. *Journal American Society of Agronomy*, v.37, p.137-145, 1945.
- IBGE. *Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística* (2021). Disponível em: <http://www.ibge.gov.br/home/>. Acessado em 22 de maio de 2023.
- Ide, C.D., Pereira, M.G., Viana, A.P., Pereira, T.N.S. (2009) Use of testers for combining ability and selection of papaya hybrids. *Brazilian Soc Plant Breed* 9: 60–66.
- INMET. *Instituto Nacional de Meteorologia*. (2023). Disponível em: <https://tempo.inmet.gov.br/TabelaEstacoes/A614> Acesso em: 23 de março de 2023.
- Kakar, N., Jumaa, S. H., Redoña, E. D., Warburton, M. L., Reddy, K. R. (2019) Evaluating rice for salinity using pot-culture provides a systematic tolerance assessment at the seedling stage. *Rice*, 12(1), 1-14.

- Kim, M. S., Moore, P. H., Zee, F., Fitch, M. M. M., Steiger, D., Manshardt, R., Paull, R., Drew, R., Sekioka, T., Ming, R. (2002) Genetic diversity of *Carica papaya* as revealed by AFLP markers. *Genome*, 45: 503-512.
- Koc, A.B. (2007) Determination of watermelon volume using ellipsoid approximation and image processing. *Postharvest Biology Technology* 45: 366-371.
- Kumar, A., Prasad, Y., Chaudhary, P., Kumar, N. (2018) Studies on genetic variability, character association and path analysis among yield and yield contributing traits in papaya (*Carica papaya* L.). *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 7(1S), 845-849.
- Li, Y.S., Du, M., Zhang, Q.Y., Hashemi, M., Liu, X.B., Hebert, S.J. (2013) Correlation and path coefficient analysis for yield components of vegetable soybean in Northeast China. *Legumes Research* 36:284–288.
- Liao, Z., Zhang, X., Zhang, S., Lin, Z., Zhang, X., Ming, R. (2021). Structural variations in papaya genomes. *BMC genomics*, 22(1), 1-13.
- Luz, L.N. Da., Pereira, M.G., Barros, F.R., Barros, G.D.B., Ferregueti, G.A. (2015) Novos híbridos de mamoeiro avaliados nas condições de cultivo tradicional e no semiárido brasileiro. *Rev Bras Frutic* 37: 159–171.
- Luz, L.N., Santa-Catarina, R., Barros, G.B., Barros, F.R., Vettorazzi, J.C.F., Pereira, M.G. (2018) Adaptability and stability of papaya hybrids affected by production seasonality. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 18(4):357–364.
- Luz, L.N.D.A., Vettorazzi, J.C.F., Santa-Catarina, R., Barros, F.R., Barros, G.B.A., Pereira, M.G., Cardoso, D.L. (2018) Sensory acceptance and qualitative analysis of fruits in papaya hybrids. *An Acad Bras Cienc* 90: 3693–3703.
- Ma, H., Moore, P.H., Liu, Z., Kim, M.S., Yu, Q., Fitch, M.M.M., Sekioka, T., Paterson, A.H., Ming, R. (2004) High-density linkage mapping revealed suppression of recombination at the sex determination locus in papaya. *Genetics*, 166: 419-436.
- Manshardt, R., (2014) History and future of the solo papaya. *Genetics and Genomics of Papaya*. Springer, New York, NY, pp. 95–113.

- Marin, S.L.D., Pereira, M.G., Amaral Junior, A.T., Martelletto, L.A.P., Ide, C.D. (2006) Heterosis in papaya hybrids from partial diallel of Solo and Formosa parents. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 1:24-29.
- Martelletto, L.A.P., Ribeiro, R. de L.D., Sudo-Martelletto, M., Vasconcellos, M.A. da S., Pereira, M.B. (2011) Expressão da esterilidade feminina e da carpeloidia em mamoeiro sob diferentes ambientes de cultivo protegido. *Rev Bras Frutic* 33: 1185–1193.
- Martins, I.S., Martins, R.C.C., Pinho, D.S. (2006). Alternativas de índices de seleção em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. *Cerne*, 12: 287-291.
- Melo, C.A.F., Souza, M.M., Viana, A.P., Santos, E.A., Souza, V.O., Corrêa, R.X. (2016) Morphological characterization and genetic parameter estimation in backcrossed progenies of *Passiflora* L. for ornamental use. *Scientia Horticulturae* 212: 91-103.
- Menezes Júnior, J.Â.N. de., Rezende Júnior, L.S.D., Rocha, G.S.D., Silva, V.M.P. e., Pereira, A.C., Carneiro, P.C.S., Peternelli, L.A., Carneiro, J.E. de S. (2013) Two cycles of recurrent selection in red bean breeding. *Crop Breed Appl Biotechnol* 13: 41–48.
- Ming, R., Yu, Q., Bias, A., Chen, C., Na, J., Moore, P.H. (2008) Genomics of papaya, a common source of vitamins in the tropics. In: *Genomics of tropical crop plants*. (Eds.) Moore, P.H., Nilno, R. Urbana, USA.
- Ming, R., Yu, Q., Moore, P.H. (2007) Sex determination in papaya. *Semin Cell Dev Biol* 18: 401–408.
- Miranda, D.P., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Santana, J.G.S., Poltronieri, T.P.D.S., Pirovani, A.A.V., Azevedo, A.O.N., Duarte, R.P., Rodrigues, A.S., Bohry, D., Pereira, M.G. (2022) Topcross hybrids in papaya (*Carica papaya* L.): evaluation of the potential for increasing fruit quality in new cultivars. *Arch Agron Soil Sci* 68: 1473–1486.
- Mojena, R. (1977) Hierarchical grouping methods and stopping rules: An evaluation. *Comp J* 20: 359–363.
- Molenaar, W.S., Schipprack, W., Brauner, P.C., Melchinger, A.E. (2019) Haploid male fertility and spontaneous chromosome doubling evaluated in a diallel and

- recurrent selection experiment in maize. *Theoretical and Applied Genetics* 132:2273–2284.
- Montgomery, D.C., Peck, E.A., Vining, G.G. (2012) *Introduction to linear regression analysis*. 5. ed. Hoboken: John Wiley & Sons, 672p.
- Moraes, R., Vivas, M., da Cruz, D. P., Santa-Catarina, R., Almeida, R. N., Souza, Y. P., Daher, R. F., Viana, A. P., & Pereira, M. G. (2021) Selection for papaya resistance to multiple diseases in a base population of recurrent selection. *Euphytica*, 217(10), 1-10.
- Moreira, N.F., Pereira, T.N.S., Catarina, R.S., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2019a) Quantification of floral abnormalities in a population generated from sexual polymorphism aiming at recurrent selection in papaya. *Bragantia* 158–165.
- Moreira, S. O., Gonçalves, L. S., Rodrigues, R., Sudré, C. P., do Amaral Júnior, A. T., Medeiros, A. M. (2013) Correlações e análise de trilha sob multicolinearidade em linhas recombinadas de pimenta (*Capsicum annum* L.). *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 8(1), 15-20.
- Moreira, S.O., Kuhlcamp, K.T., Barros, F.L.S., Zucoloto, M., Godinho, T.O (2019b) Selection index based on phenotypic and genotypic values predicted by REML/BLUP in Papaya. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 41(1):1-7.
- Moreira, S.O., Kuhlcamp, K.T., Barros, F.L. de S., Oliveira, S.B. de., Trindade, R. dos S. (2018) Path analysis under multicollinearity for papaya production of the solo and Formosa groups. *Rev Bras Frutic* 40: e-110.
- Mubai, N., Sibiyi, J., Mwololo, J., Musvosvi, C., Charlie, H., Munthali, W., Kachulu, L., Okori, P. (2020) Phenotypic correlation, path coefficient and multivariate analysis for yield and yield-associated traits in groundnut accessions. *Cogent Food & Agriculture* 6: 1823591.
- Mulamba, N.N., Mock, J.J. (1978) Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egypt Journal of Genetics and Cytology* 7:40-51.
- Nascimento, A. L., Schmildt, O., Ferregueti, G. A., Krause, W., Schimildt, E. R., Cavatte, P. C., Amaral, J. A. T. (2019) Genetic diversity of segregating *Carica*

- papaya* genotypes using the Ward-MLM strategy. *Genetics and Molecular Research*, 2:1–10.
- Nogueira, A.P.O., Sedyama, T., De Sousa, L.B., Hamawaki, O.T., Cruz, C.D., Pereira, D.G., Matsuo, É. (2012) Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. *Bioscience Journal* 28: 877- 888.
- Oliveira Júnior, A.I. de, Mendonça, L.A.R., Fontenele, S. de B., Araújo, A.O., Brito, M.G. de S.L. (2019) Statistical multivariate analysis applied to environmental characterization of soil in semiarid region. *Rev Caatinga* 32: 200–210.
- Oliveira, A.M.G., Farias, A.R.N., Santos Filho, H.P., Oliveira, J.R.P., Dantas, J.L.L., Santos, L.B. dos., Oliveira, M. de A., Junior, M.T.S., Silva, M.J., Almeida, O.A. de., Nickel, O., Medina, V.M., Cordeiro, Z.J.M. (1994) *Mamão para exportação: Aspectos técnicos da produção*. 1.ed. Brasília: EMBRAPA, SPI (FRUPEX. Publicações técnicas, 9), 52p.
- Oliveira, E.J.D., Amorim, V.B.O., Matos, E.L.S., Costa, J.L., da Silva Castellen, M., Pádua, J.G., Dantas, J.L.L. (2010) Polymorphism of microsatellite markers in papaya (*Carica papaya* L.). *Plant Mol Biol Report* 28: 519–530.
- Oliveira, E. J. D., Costa, J. L., Santos, L. F. D., Carvalho, F. M. D., Silva, A. D. S., Dantas, J. L. L. (2011). Molecular characterization of papaya genotypes using AFLP markers. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 33, 849-858.
- Oliveira, E.J. de., Lima, D.S. de., Lucena, R.S., Motta, T.B.N., Dantas, J.L.L. (2010) Correlações genéticas e análise de trilha para número de frutos comerciais por planta em mamoeiro. *Pesqui Agropecuária Bras* 45: 855–862.
- Oliveira, E.J., Fraife Filho, G. de A., Freitas, J.P.X. de., Dantas, J.L.L., Resende, M.D.V. de. (2012) Plant selection in F2 segregating populations of papaya from commercial hybrids. *Crop Breed Appl Biotechnol* 12: 191–198.
- Passeri-lima, R.H., Moreira, L.B., Lopes, H.M., Marinho, D.D.V. (2020) Genetic divergence among special rice types trough of multivariate techniques. *Rev Ciências Agroveterinárias* 19(3): 299–304.
- Pearson, K. (1901) Principal components analysis. *The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science*, 6(2), 559.

- Pereira, M.G., Poltronieri, T.P.S., Pereira, T.N.S., Ramos, H.C.C., Santa Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Arêdes, F.A.S., Boechat, M.S.B., Venâncio, T.M., Azevedo, A.O.N., Cortes, D.F.M., Moreira, N.F., Bohry, D., Silveira, S.F., Vivas, M., Ferregueti, G.A. (2019) Twenty-two-year papaya breeding program: from breeding strategy establishment to cultivar development. *Functional Plant Breeding Journal*, 1(2), 9-27.
- Pereira, M.G., Santa-Catarina, R. (2021) Recurrent selection in papaya: An effective strategy for the continuous development of new cultivars. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 21: 381321–381328.
- Pinnamaneni, R. (2017) Nutritional and medicinal value of papaya (*Carica papaya* Linn.). *World J Pharm Pharm Sci* 6: 2559–2578.
- Pinto, F.O., Luz, L.N., Pereira, M.G., Cardoso, D.L., Ramos, H.C.C. (2013) Metodologia dos modelos mistos para seleção combinada em progênies segregantes de mamoeiro. *Agrária* 8:211-217.
- Pirovani, A.A.V., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Viana, D.P.M., Rodrigues, A.S., Vettorazzi, J.C.F., Silva Júnior, I.R. da, Pereira, M.G., Viana, A.P. (2022) Is there a possibility to improve a developed hybrid? A current demand on papaya (*Carica papaya* L.). *Euphytica* 218:64: 1–16.
- Poltronieri, T.P.S., da Silveira, S.F., Vivas, M., Santa-Catarina, R., Azevedo, A.O.N., Cortes, D.F.M., Pereira, M.G. (2019) Identification of papaya hybrids resistant to *Stagonosporopsis caricae* by heterosis: a possible reality?. *Euphytica* 215: 1-8.
- R Statistical computing (2019) The R Project for Statistical Computing. From R: <https://www.r-project.org/>
- Ranjan, A., Westrick, N. M., Jain, S., Piotrowski, J. S., Ranjan, M., Kessens, R., Stiegman, L., Grau, C. R., Conley, S. P., Smith, D. L., Kabbage, M. (2019) Resistance against *Sclerotinia sclerotiorum* in soybean involves a reprogramming of the phenylpropanoid pathway and up-regulation of antifungal activity targeting ergosterol biosynthesis. *Plant Biotechnology Journal*, 17(8), 1567-1581.

- Ramalho, M.A.P., Abreu, A.F.B., Santos, J.B., Nunes, J.A.R. (2012) *Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas*. Lavras, MG: UFLA, 522p.
- Ramos, H. C. C., Pereira, M. G., Viana, A. P., Luz, L. N., Cardoso, D. L. and Ferregueti, G. A. (2014) Combined Selection in Backcross Population of Papaya (*Carica papaya* L.) by the Mixed Model Methodology. *American Journal of Plant Sciences*, 5, 2973-2983.
- Ramos, H.C.C., Pereira, M.G., Gonçalves, L.S.A., Berilli, A.P.C.G., Pinto, F.O., Ribeiro, E.H. (2012) Multivariate analysis to determine the genetic distance among backcross papaya (*Carica papaya* L.) progenies. *Genetics and Molecular Research* 11(2):1280-1295.
- Rangel, R.M., Amaral Júnior, A.T., Gonçalves, L.S., Freitas Júnior, S.P., Candido, L.S. (2011) Biometric analysis of selection gains in popcorn population of the fifth cycle of recurrent selection. *Revista Ciência Agronômica* 42:473-481.
- Reis, R.C., Viana, E. de S., Jesus, J.L. de., Dantas, J.L.L., Lucena, R.S. (2015) Caracterização físico-química de frutos de novos híbridos e linhagens de mamoeiro. *Pesqui Agropecuária Bras* 50: 210–217.
- Rembe, M., Zhao, Y., Jiang, Y., Reif, J.C. (2019) Reciprocal recurrent genomic selection: an attractive tool to leverage hybrid wheat breeding. *Theoretical and Applied Genetics* 132:687–698.
- Resende, M. D. V., Duarte, J. B. (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v.37(3), p. 182-194.
- Resende, M.D.V. (2002) *Genética Biométrica e Estatística no Melhoramento de Plantas Perenes*. 1. ed. Brasília: Embrapa, 975p.
- Resende, M.D.V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16:330-339.
- Rupasinghe, H.P.V., Yu, L.J. (2013) Value-added fruit processing for human health. *In: Food Industry*. Intech: Open Science, p. 145–162.
- Sales, W.S., Ishikawa, F.H., Souza, E.M.C., Nascimento, J.H.B., Souza, E.R., Leão, P.C.de.S. (2019) Estimates of repeatability for selection of genotypes of

- seedless table grapes for Brazilian semiarid regions. *Scientia Horticulturae* 245:131-136.
- Santa-Catarina, R., Cortes, D. F. M., Vettorazzi, J. C. F., Poltronieri, T. P. D. S., Barros, G. B. D. A., Arêdes, F. A. S., Azevedo, A. O. N., Ramos, H. C. C., Pereira, M. G. (2019) Combining ability for fruit yield and quality in papaya recombinant inbred lines from the sexual conversion backcrossing. *Euphytica*, 215(10), 1-10.
- Santa-Catarina, R., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C., Ferregueti, G.A., Pereira, M.G. (2018) Image-based phenotyping of morpho-agronomic traits in papaya fruits (*Carica papaya* L. THB var.). *Australian Journal of Crop Science*, 12(11):1750-1756.
- Santa-Catarina, R., Pereira, M.G., Vettorazzi, J.C.F., Cortes, D.F.M., Poltronieri, T.P.S., Azevedo, A.O.N., Moreira, N.F., Miranda, D.P., Moraes, R., Pirovani, A.A.V., Ramos, H.C.C., Vivas, M., Viana, A.P. (2020b) Papaya (*Carica papaya* L.) S1 family recurrent selection: Opportunities and selection alternatives from the base population. *Scientia Horticulturae*, 260:108848.
- Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Cortes, D.F.M., Santana, J.G.da S., Poltronieri, T.P. de S., Miranda, D.P., Pirovani, A.A.V., Moreira, N.F., Vivas, M., Pereira, M.G. (2020a) Phenotypic characterization of recurrent selection S1 Papaya (*Carica papaya* L.) families by multivariate approach. *Euphytica*, 216:117.
- Santana, J.G.S., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Miranda, D.P., Pirovani, A.A.V., Poltronieri, T.P. de S., Azevedo, A.O.N., Duarte, R.P., Bohry, D., Pereira, M.G. (2022) Use of an index based on best linear unbiased prediction value for the selection of superior papaya lines for multiple traits. *Bragantia*, 81.
- Santos, A. D., Ceccon, G., Teodoro, P., Correa, A., Alvarez, R., Da Silva, J. F., Alves, V. (2016) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão-caupi ereto via REML/BLUP e GGE Biplot. *Bragantia*, 75, 299-306.
- Sebbenn, A. M., Vilas Boas, O., Max, J. C. M. (2008) Altas herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênies de

- polinização aberta de *Pinus elliottii* Engelm var. *elliottii* aos 25 anos de idade em Assis –SP. *Revista do Instituto Florestal*, São Paulo, v. 20, n. 2, p. 95-102.
- Silva, F.F., Pereira, M.G., Damasceno Júnior, P.C., Pereira, T.N.S., Viana, A.P., Daher, R.F., Ramos, H.C.C., Ferregueti, G.A. (2007a) Evaluation of the sexual expression in segregation BC1 papaya population. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 7:16-23.
- Silva, F.F., Pereira, M.G., Ramos, H.C.C., Damasceno Júnior, P.C., Pereira, T.N.S., Ide, C.D. (2007b) Genotypic correlations of morpho-agronomic traits in papaya and implications for genetic breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 7:345-352.
- Silva, F.F., Pereira, M.G., Ramos, H.C.C., Damasceno Júnior, P.C., Pereira, T.N.S., Gabriel, A.P.C., Viana, A.P., Ferregueti, G.A. (2008) Selection and estimation of the genetic gain in segregating generations of papaya (*Carica papaya* L.). *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 8: 1-8.
- Silva, M. S., Leonel, S., Souza, J.M.A., Ferreira, R.B., Bolfarini, A.C.B., Júnior, M.A. de O. (2018) Correlations between agronomic traits in papaya tree (*Carica papaya* L.) grown under subtropical climate of Brazil. *Australian Journal of Crop Science* 12: 886-891.
- Silva, S., Tassara, H. (1996) *Frutas do Brasil*. São Paulo/SP: Empresa das Artes, 230p.
- Singh, D., (1981) The relative importance of characters affecting genetic divergence. *The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 41: 237-245.
- Singh, H. P., Raigar, O. P., Chahota, R. K. (2022) Estimation of genetic diversity and its exploitation in plant breeding. *The Botanical Review*, 1-23.
- Smith, H.F. (1936) A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics* 7:240-250.
- Sokal, R.R., Rohlf, F.J. (1962) The Comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon* 11: 33–40.
- Storey, W.B. (1953) Genetics of the papaya. *Heredity* (Edinb) 44: 70–78.

- Teodoro, P.E., Carvalho, L.P. de., Rodrigues, J.I.S., Farias, F.J.C., Carneiro, P.C.S., Bhering, L.L. (2018) Interrelations between agronomic and technological fiber traits in upland cotton. *Acta Sci Agron* 40: e39364.
- TRINDADE, A. V. *Mamão. Produção: aspectos técnicos* / Aldo Vilar Trindade, organizador, Embrapa Mandioca e Fruticultura (Cruz das Almas, BA). Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 77 p. (Frutas do Brasil, 3), 2000.
- Vettorazzi, J.C.F., Santa-Catarina, R., Poltronieri, T.P. de S., Marmolejo, D.F., Cortes, A.O.N.A., Miranda, D.P., Santana., Silva, J.G., Cancela, H.C., Ramos., Pereira, M.G. (2021) Combining ability of recombined F4 papaya lines: a strategy to select hybrid combination. *Sci Agric* 78: e20190191.
- Viana, A.P., Resende, M.D.V. (2014) *Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras*. 1. ed. Rio de Janeiro: Interciência. 282p.
- Vivas, M., Silveira, F.V., Vivas, J.M.S., Viana, A.P., Amaral Júnior, A.T., Pereira, M.G. (2014) Seleção de progênies femininas de mamoeiro para resistência à mancha-de-phoma via modelos mistos. *Bragantia*, 73(4):446-450.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Vivas, J.M.S., Pereira, M.G. (2013a) Prediction of genetic gain and progenies selection of papaya for resistance to black-spot. *Tropical Plant Pathology* 38:142-148.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Amaral Júnior, A.T., Cardoso, D.L., Pereira, M.G. (2013b) Inheritance of papaya resistance to fungal disease based on Hayman's diallel analysis. *Bragantia* 72:332-337.
- Vivas, M., Silveira, S.F., Vivas, J.M.S., Pereira, M.G. 2012. Pathometry, genetic parameters and papaya progenies reaction to black-spot disease. *Bragantia*, 71: 235-238.
- Wright, S. (1921) Correlation and Causation. *J Agric Res* 20: 557–585.
- Yadav, P. K., Sikarwar, R. S., Rathore, M. S., Tiwari, S. (2023) Studies on genetic divergence (D2) for yields and its attributing traits in wheat (*Triticum aestivum* L.). *T Pharma Innovation J* 12(3): 5344-5348.
- Yogiraj, V., Goyal, P., Chauhan, C.S., Goyal, A., Vyas, B. (2014) *Carica papaya* Linn: an overview. *Int J Herb Med* 2: 1–8.

- Zaman, W., Biswas, S., Helali, M., Ibrahim, M., Hassan, P. (2006) Physico-chemical composition of four papaya varieties grown at Rajshahi. *J Bio-Science* 14: 83–86.
- Zhou, Z., Ford, R., Bar, I., & Kanchana-Udomkan, C. (2021). Papaya (*Carica papaya* L.) flavour profiling. *Genes*, 12(9), 1416.