

AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE NOVOS HÍBRIDOS DE MAMOEIRO

ALEX SOUZA RODRIGUES

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO – 2025

AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE NOVOS HÍBRIDOS DE MAMOEIRO

ALEX SOUZA RODRIGUES

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.

Orientadora: Prof.^a Helaine Christine Cancela Ramos

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO – 2025

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

R696

Rodrigues, Alex Souza.

AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE NOVOS HÍBRIDOS DE MAMOEIRO / Alex Souza Rodrigues. -
Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.

75 f. : il.

Bibliografia: 45 - 59.

Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do
Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2025.

Orientadora: Helaine Christine Cancela Ramos.

1. *Carica papaya*. 2. Melhoramento. 3. Modelos Mistos. 4. Heterose. 5. Índice de Seleção. I.
Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE NOVOS HÍBRIDOS DE MAMOEIRO

ALEX SOUZA RODRIGUES

“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”

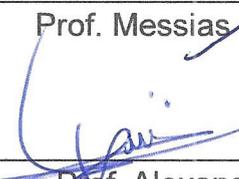
Aprovado em 27 de fevereiro de 2025.

Comissão Examinadora:

Documento assinado digitalmente
gov.br ROBERTO DOS SANTOS TRINDADE
Data: 23/05/2025 12:26:39-0300
Verifique em <https://validar.it.gov.br>

Dr. Roberto dos Santos Trindade (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas)
Embrapa


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


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


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

AGRADECIMENTOS

Agradeço à Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PGGMP), pela valiosa oportunidade de aprendizado e crescimento acadêmico;

À Professora Helaine Christine Cancela Ramos, por sua paciência, dedicação e incentivo, que foram fundamentais para a realização e conclusão deste trabalho;

A todos os professores do PGGMP, cujos conhecimento e comprometimento foram essenciais ao longo dessa jornada;

A meus pais Antonio e Alessandra, às minhas irmãs Michelle e Aline e às minhas sobrinhas, que, mesmo a distância, foram fundamentais para esta conquista.

Aos colegas Catiane, Renato, Juliana, Jocarla, Vivane, Rafaela, Izaias e Daniel, do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV), pela colaboração indispensável durante a pesquisa e pelos momentos de troca, apoio e descontração, que tornaram essa caminhada mais leve e enriquecedora;

Aos amigos Eduardo, Alex e, em especial, Danilo, que estiveram sempre presentes em todos os momentos, pelo apoio incondicional, paciência e suporte essencial ao longo desta jornada.

À empresa Caliman Agrícola S/A, pelo suporte, infraestrutura e manutenção do experimento, elementos essenciais para o desenvolvimento deste estudo;

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (Faperj) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (Capes), pela concessão da bolsa de estudo. O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (Capes) – Código de Financiamento 001.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS	vi
LISTA DE TABELAS	viii
RESUMO	ix
ABSTRACT	xi
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1 Objetivo Geral.....	4
2.2 Objetivos Específicos	4
3. REVISÃO	5
3.1 Características gerais do mamoeiro	5
3.2 Importância econômica da cultura.....	6
3.3 Melhoramento Genético do Mamoeiro	8
3.4 Diversidade genética	10
3.5 Parâmetros Genéticos.....	12
3.6 Heterose	13
3.7 Índice de seleção.....	14
4. MATERIAL E MÉTODOS	17
4.1 Genótipos e delineamento estatístico.....	17
4.2 Características morfoagronômicas avaliadas	19
4.3 Análise das Observações Fenotípicas.....	20
4.3.1 Análise descritiva dos dados.....	20

4.3.2 Diversidade Genética.....	20
4.3.3 Análise de deviance, estimação dos parâmetros e predição de valores genotípicos.....	20
4.3.4 Heterose varietal.....	22
4.3.5 Índice de Seleção combinada	23
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	24
5.1 Análise descritiva dos híbridos	24
5.2 Variabilidade Genética.....	27
5.3 Análise de Deviance, Componentes de variância e Parâmetros genéticos.....	29
5.6 Índice de seleção combinada	41
6. CONCLUSÃO	44
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	45
APÊNDICE.....	60

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Variáveis climáticas durante o experimento no município de Linhares - ES. Fonte: adaptado do INMET (2024). 18
- Figura 2.** Dendrograma obtido a partir da distância Euclidiana para os 18 genótipos de mamoeiro avaliados.....27
- Figura 3.** Porcentagem de contribuição de cada variável para a formação dos grupos I, II e III, conforme determinado pelo dendrograma.29
- Figura 4.** Estimativas de heterose varietal com base nos híbridos comerciais ‘Candy’ (CAL), ‘Vitória’ (UC10) e ‘Aliança’ (ALI), para as características número de frutos comerciais (NFC), e peso médio de fruto (PMF), nos três grupos formosa (F), Intermediário (I) e solo (S).....36
- Figura 5.** Estimativas de heterose varietal com base nos híbridos comerciais ‘Candy’ (CAL), ‘Vitória’ (UC10) e ‘Aliança’ (ALI), para as características produtividade (PROD), e firmeza de fruto (FF), nos três grupos formosa (F), Intermediário (I) e solo (S).37
- Figura 6.** Estimativas de heterose varietal com base nos híbridos comerciais ‘Candy’ (CAL), ‘Vitória’ (UC10) e ‘Aliança’ (ALI), para as características firmeza de polpa (FP), e teor de sólidos solúveis (TSS), nos três grupos formosa (F), Intermediário (I) e solo (S).38

Figura 7. Gráfico bidimensional da análise de componentes principais incluindo as 16 características e 18 genótipos avaliados. DC: diâmetro do caule (cm); NFC: número de frutos comerciais; NNSF: nós sem frutos; NFD: número de frutos deformados; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: Produção de frutos (t/ha); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); CCO: comprimento da cavidade ovariana (cm); DCO: diâmetro da cavidade ovariana (cm); EP: espessura da polpa (cm).....40

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Relação de híbridos testados, provenientes do banco de germoplasma UENF/CALIMAN.	18
Tabela 2. Visão geral de um esquema de Análise de Deviance para a metodologia de modelos mistos	21
Tabela 3. Estatística descritiva para 16 características avaliadas em 18 híbridos de mamoeiro.	25
Tabela 4. Análise de Deviance (ANADEV) para 16 características avaliadas em 18 genótipos de mamoeiro.....	30
Tabela 5. Componentes de Variância individual e parâmetros genéticos associados às 16 características avaliadas nos 18 híbridos avaliados.	32
Tabela 6. Ranqueamento dos genótipos e valores genotípicos (u+g) para as seis características mais relevantes para a cultura do mamoeiro.	42

RESUMO

RODRIGUES, Alex Souza; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro de 2025; Avaliação e seleção de novos híbridos de mamoeiro; Orientadora: Prof^a. Helaine Christine Cancela Ramos. Conselheiros: Prof. Alexandre Pio Viana e Prof. Messias Gonzaga Pereira.

O Brasil é um dos maiores produtores de mamão, conferindo à cultura grande relevância econômica para o agronegócio. No entanto, o cultivo está restrito a poucas cultivares, o que reduz a variabilidade genética e torna a cultura mais suscetível a pragas e doenças. Diante desse cenário, torna-se essencial o desenvolvimento de novas cultivares mais resilientes e adaptadas às demandas do mercado. Nesse contexto, este estudo teve como objetivo avaliar e selecionar novos híbridos de mamoeiro. Para tanto, foram avaliados 18 genótipos em um delineamento em blocos ao acaso (DBC), com quatro repetições e quatro plantas por parcela. Foram avaliadas 16 características, incluindo altura da planta, altura de inserção do primeiro fruto, diâmetro do caule, número de frutos comerciais e deformados, número de nós sem fruto, comprimento e diâmetro do fruto, peso médio dos frutos, produtividade (t/ha), firmeza do fruto e da polpa, comprimento e diâmetro da cavidade ovariana, teor de sólidos solúveis e espessura da polpa. A variabilidade genética foi investigada com base na distância e a análise de agrupamento realizado pelo método UPGMA. A variabilidade também foi analisada com base na análise de componentes principais (PCA). A heterose varietal foi verificada comparando os genótipos com as cultivares comerciais

'Candy', 'Vitória' e 'Aliança'. As análises de deviance, componentes de variância, parâmetros genéticos e estimativa dos valores genotípicos obtidos pela metodologia de modelos mistos REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada). O índice de seleção combinada (ISC) foi realizado com base nos valores genotípicos estimados via modelo misto. Os resultados indicaram ampla variabilidade genética entre os genótipos avaliados, possibilitando a seleção de genótipos superiores. Houve uma ampla variação para quase todas as características analisadas, com exceção da firmeza do fruto e da polpa, que apresentaram coeficiente de variação abaixo de 10%. A variabilidade com base na distância Euclidiana permitiu a formação de três grupos no dendrograma: o grupo I destacou-se pela maior produtividade (136,46 t/ha) e frutos grandes (1966,46 g); o grupo II apresentou produtividade intermediária (92,70 t/ha) e frutos médios (1064,07 g); e o grupo III teve menor produtividade (48,42 t/ha) e frutos pequenos (541,58 g). A análise de componentes principais explicou 70,7% da variação total, evidenciando genótipos promissores. As heteroses foram mais expressivas nos grupos 'Formosa' e Intermediários, enquanto o grupo 'Solo' apresentou valores inferiores. Com base no Índice de Seleção Combinada, recomenda-se a seleção dos híbridos UC01r 02 e UC53, que apresentam desempenho satisfatório e superior às testemunhas comerciais, podendo ser indicados para etapas avançadas de avaliação, como testes de análise sensorial e validação comercial.

Palavras-chave: *Carica papaya*; Melhoramento; Modelos Mistos; Heterose; Índice de seleção.

ABSTRATC

Rodrigues, Alex Souza; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; February 2025; Evaluation and selection of new papaya hybrids; Advisor: Prof. Helaine Christine Cancela Ramos; Committee members: Prof. Alexandre Pio Viana and Prof. Messiah Gonzaga Pereira.

Brazil is one of the world's largest producers of papaya, making the crop highly relevant to the country's agribusiness sector. However, papaya cultivation is currently limited to a few cultivars, which reduces genetic variability and increases susceptibility to pests and diseases. In this context, the development of new cultivars that are more resilient and better adapted to market demands becomes essential. This study aimed to evaluate and select new papaya hybrids. Eighteen genotypes were evaluated in a randomized complete block design (DBC) with four replications and four plants per plot. A total of 16 traits were assessed, including plant height, height of first fruit insertion, stem diameter, number of marketable and deformed fruits, number of fruitless nodes, fruit length and diameter, average fruit weight, yield (t/ha), fruit and pulp firmness, ovary cavity length and diameter, soluble solids content, and pulp thickness. Genetic variability was investigated using distance-based methods, and cluster analysis was performed using the UPGMA method. Variability was also analyzed through principal component analysis (PCA). Hybrid vigor (heterosis) was assessed by comparing the genotypes to the commercial cultivars 'Candy', 'Vitória', and 'Aliança'. Deviance analysis, variance components, genetic parameters, and genotypic value

estimates were obtained using the mixed model methodology (REML/BLUP—restricted maximum likelihood/best linear unbiased prediction). A selection index based on BLUP (Combined Selection Index – ISC) was applied using the estimated genotypic values. The results revealed considerable genetic variability among the evaluated genotypes, enabling the identification of superior candidates. Most traits showed a wide range of variation, except for fruit and pulp firmness, which had coefficients of variation below 10%. Euclidean distance-based clustering resulted in three groups in the dendrogram: Group I stood out with the highest yield (136.46 t/ha) and largest fruits (1966.46 g); Group II showed intermediate yield (92.70 t/ha) and medium-sized fruits (1064.07 g); and Group III had the lowest yield (48.42 t/ha) and smallest fruits (541.58 g). Principal component analysis explained 70.7% of the total variation, highlighting promising genotypes. The most pronounced heterosis effects were observed in the ‘Formosa’ and Intermediate groups, while the ‘Solo’ group exhibited lower values. Based on the Combined Selection Index, hybrids UC01r 02 and UC53 are recommended for further evaluation, as they showed satisfactory performance and outperformed the commercial checks. These hybrids can be advanced to subsequent stages, such as sensory analysis trials and commercial validation.

Keywords: *Carica papaya*; Breeding; Mixed models; Heterosis; Selection index.

1. INTRODUÇÃO

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) é uma das fruteiras tropicais mais cultivadas no mundo, destacando-se por suas qualidades nutricionais, medicinais e comerciais. Seus frutos são ricos em vitaminas A, B, C e E, além de minerais como magnésio e potássio e de compostos bioativos como o betacaroteno (Krishna et al., 2008; Aravind et al., 2013). O mamão é amplamente consumido *in natura*, mas também é utilizado nas indústrias alimentícia, cosmética e farmacêutica, sendo a principal fonte de papaína, uma enzima com diversas aplicações (Fabi et al., 2017).

O Brasil é um dos maiores produtores de mamão no mundo, ocupando a quinta posição, com uma produção de cerca de 1,1 milhões de toneladas em 2023, o que representa 7,63% da produção global (FAOSTAT, 2023). A produção está concentrada principalmente nos estados da Bahia (31,1%), Espírito Santo (30,9%), Rio Grande do Norte (12,2%), Ceará (10,3%) e Minas Gerais (3,8%) (IBGE, 2024). No entanto, a produção brasileira enfrenta um grande desafio: a baixa variabilidade genética das cultivares comerciais. Essa falta de diversidade genética torna o mamoeiro mais vulnerável a pragas e doenças, além de limitar sua adaptação a diferentes condições ambientais, como as variações climáticas (Luz et al., 2015; Vivas et al., 2015). A produção depende de poucas variedades como 'Sunrise Solo', 'Golden THB', 'Aliança,' e de híbridos como 'Tainung 01' e 'Vitória', o que enfatiza a necessidade de aumentar a diversidade genética disponível (Cruz et al., 2014).

Nesse cenário, o desenvolvimento de novos híbridos de mamoeiro se torna uma estratégia fundamental para garantir a continuidade da produção. Diversas instituições de pesquisa, incluindo 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), têm se dedicado ao melhoramento genético da cultura, com o objetivo de desenvolver híbridos mais produtivos, resistentes a doenças e adaptados a diferentes condições ambientais. Um exemplo desse progresso é o híbrido 'Candy' (UENF/Caliman-01), desenvolvido pela UENF. Além dessa, outras cultivares híbridas, como 'Vitória', 'UC14' e 'UC16', demonstraram produtividade e qualidade superior às cultivares tradicionais 'Golden' e 'Tainung 01' (Luz et al., 2015; Pereira et al., 2019a).

Para o desenvolvimento de novos híbridos, é crucial compreender a variabilidade genética entre os genitores. Essa análise pode ser realizada por meio de descritores botânicos, morfológicos, químicos e moleculares, permitindo a identificação de diferenças fenotípicas e genotípicas entre os indivíduos (Cruz et al., 2012). As técnicas de análise multivariada, como a análise de componentes principais, a análise de variáveis canônicas e os métodos aglomerativos, são amplamente utilizadas para otimizar a seleção de genótipos promissores, identificando as características desejáveis para o cultivo comercial (Tobar-Tosse et al., 2015). Essas metodologias oferecem uma observação detalhada da diversidade genética, o que é essencial para o desenvolvimento de híbridos com alto potencial produtivo e resistência a doenças (Cruz et al., 2014).

Além disso, um dos principais desafios para obter ganhos genéticos expressivos no melhoramento de plantas é a baixa acurácia seletiva. Para superar essa limitação, o método mais preciso para a predição de valores genéticos é o BLUP (Melhor Predição Linear Não Viesada), que utiliza componentes de variância estimados via REML (Máxima Verossimilhança Restrita) (Resende, 2004).

O uso de modelos mistos do tipo REML/BLUP é essencial para a predição de valores genéticos aditivos e genotípicos, tanto dentro quanto entre populações (Resende, 2016). Mesmo em experimentos desbalanceados, essa abordagem possibilita uma predição precisa e não viesada dos valores genéticos, fornecendo informações detalhadas sobre o mérito das progênie e dos indivíduos dentro

delas. Além disso, considera fatores ambientais específicos como condições da repetição experimental em que cada indivíduo está inserido (Resende, 2007).

As propriedades do BLUP permitem a maximização da acurácia seletiva e do ganho genético por ciclo de seleção, a minimização do erro de predição e a predição não viesada dos valores genéticos. Além disso, aumentam a probabilidade de selecionar o melhor genótipo, tornando-o uma ferramenta indispensável no melhoramento genético de plantas (Resende, 2004).

Outro aspecto importante no desenvolvimento de híbridos é a exploração da heterose, ou vigor híbrido, que ocorre quando a progênie apresenta desempenho superior em relação aos genitores (Shull, 1908). A heterose pode ser explorada tanto em cruzamentos dentro de um mesmo grupo heterótico quanto entre grupos distintos, proporcionando ganhos significativos em termos de produtividade e resistência a doenças (Cardoso et al., 2014). Esse fenômeno é essencial para desenvolver cultivares que atendam à demanda por frutos de melhor qualidade e plantas com maior resistência a pragas.

Nesse contexto, o presente estudo buscou avaliar características morfoagronômicas e de qualidade de frutos de híbridos de mamoeiro, provenientes do programa de melhoramento UENF-CALIMAN, com o intuito de identificar e selecionar híbridos potenciais para o mercado nacional e internacional.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo Geral

O objetivo deste trabalho foi avaliar e selecionar novos híbridos de mamoeiro do programa de melhoramento UENF/CALIMAN quanto a características morfoagronômicas e de qualidade de frutos através do índice de seleção combinada.

2.2 Objetivos Específicos

- I. Verificar a variabilidade fenotípica entre os genótipos avaliados;
- II. Estimar a heterose varietal dos genótipos, comparando com as variedades comerciais 'Vitória', 'Candy' e 'Aliança'; e
- III. Identificar genótipos promissores com base no índice de seleção combinado.

3. REVISÃO

3.1 Características gerais do mamoeiro

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) é uma planta semiperene da família Caricaceae, composta por seis gêneros: *Vanconcellea*, *Jacaratia*, *Jarilla*, *Cylicomorpha*, *Horovitzia* e *Carica*, sendo este último o de maior relevância econômica (Badillo, 2000). A família inclui cerca de 35 espécies distribuídas em regiões tropicais e subtropicais (Paterson et al., 2008). Originário da Mesoamérica, abrangendo o sul do México e o norte da América Central, o mamoeiro se apresenta em sua forma dioica nessas regiões (Badillo, 1993; Carvalho e Renner, 2012). Estudos filogenéticos indicam que *C. papaya* forma um pequeno clado confinado ao México e Guatemala, incluindo espécies herbáceas e arbustivas como *Jarilla chocola* e *Horovitzia cnidoscolonoides* (Carvalho e Renner, 2012).

O mamoeiro é uma espécie diploide, com $2n=2x=18$ cromossomos (Araújo et al., 2010). O genoma apresenta 372 Mbp (Arumuganathan e Earle, 1991; Ming et al., 2008). A determinação do sexo é regulada geneticamente por cromossomos sexuais: plantas femininas têm cromossomos XX, plantas masculinas, XY, e plantas hermafroditas, XY^h (Ming et al., 2007; VanBuren et al., 2015). Combinações como YY, Y^hY^h e YY^h resultam no aborto do embrião entre 25 e 50 dias após a polinização (Ming et al., 2007).

O mamoeiro é uma espécie trioica, apresentando três tipos de flores: masculinas, femininas e hermafroditas (Storey, 1953; Ming et al., 2007). As flores masculinas têm inflorescências longas, com flores "esbeltas", sem pistilos funcionais (Aryal e Ming, 2014). As flores femininas têm pedúnculo curto, ovário desenvolvido e ausência de estames. As flores hermafroditas têm ovário desenvolvido e estames funcionais, sendo capazes de fazer autopolinização (Couto e Nacif, 1999).

A preferência reprodutiva do mamoeiro hermafrodita é a autofecundação facultativa, favorecida pela cleistogamia. Essa característica é vantajosa para programas de melhoramento genético, permitindo a obtenção de linhagens endogâmicas e híbridos (Dantas e Lima, 2001).

Os frutos do mamoeiro são climatérios, com amadurecimento acelerado após a colheita em razão do aumento da respiração e da produção de etileno (Silva et al., 2009, Fabi et al., 2017). Os frutos variam de 0,2 a 10 kg, com formas ovoides ou esféricas em plantas femininas, e cilíndricas ou piriformes em plantas hermafroditas (Chan et al., 2009; Oliveira et al., 2010). As plantas hermafroditas são preferidas comercialmente em razão da uniformidade e do volume da polpa.

As sementes do mamoeiro são pequenas, recobertas por uma camada mucilagínosa. Essas sementes desempenham papel crucial na dispersão da espécie em rotas comerciais (Storey, 1969; Dantas et al., 2002). O fenômeno de "reversão sexual" pode ocorrer em flores masculinas e hermafroditas sob estresses ambientais, resultando na atrofia do ovário e na formação de flores estéreis (Zerpa-Catanho et al., 2019). Estudos recentes destacam a importância de explorar o pequeno genoma do mamoeiro para elucidar diferenças genéticas entre fenótipos, visando a avanços no melhoramento genético (Wang et al., 2012; Liao et al., 2017).

3.2 Importância econômica da cultura

O mamoeiro é uma cultura tropical e subtropical de grande relevância para o agronegócio, tanto nacional quanto internacionalmente, devido à produção de suas frutas (Vivas et al., 2018). No Brasil, seu cultivo é destacado nos estados do Espírito Santo e Bahia (Luz et al., 2018).

Em 2023, a produção mundial de mamão alcançou 14,917 milhões de toneladas, com a Ásia contribuindo com 52,92% desse total, seguida pelas Américas (32,50%), África (9,77%) e Oceania (0,22%). A Índia lidera a produção mundial com 35,13% do valor total, seguida pela República Dominicana (10,64%), Indonésia (8,30%), México (7,70%) e Brasil, que ocupa a quinta posição nesse ranque, com 7,63%. (FAOSTAT, 2023).

Os frutos do mamoeiro tornaram-se uma importante fonte de exportação agrícola, especialmente em países em desenvolvimento, gerando receitas que sustentam milhares de pessoas na Ásia e América Latina (Evans e Ballen, 2012). No Brasil, as variedades de mamoeiro mais cultivadas são 'Aliança', 'Golden', 'Candy' e 'Tainung 01' (Dantas, 2000, Luz et al., 2015; Pereira et al., 2019a).

O cultivo de mamoeiro no Brasil ocorre em todas as regiões, com o estado da Bahia responsável por mais de 354,5 mil toneladas, o que corresponde a 31,1% da produção nacional, seguido de perto pelo Espírito Santo, com 30,9% da produção brasileira e 352 mil toneladas produzidas. Rio Grande do Norte (12,2%), Ceará (10,3%) e Minas Gerais (3,8%) completam os cinco estados com maior produção no Brasil (IBGE, 2024).

As variedades de mamoeiro são divididas em dois grandes grupos: Solo e Formosa. O grupo Solo inclui cultivares como 'Golden', 'Golden THB', 'Aliança' e 'Sunrise Solo', que produzem frutos pequenos, pesando entre 350 e 600 gramas, altamente valorizados tanto no mercado interno quanto no externo. O grupo Formosa inclui híbridos como 'Tainung-01', 'Candy' e 'UC-10', que oferecem maiores rendimentos em comparação com as variedades do grupo Solo, com frutos que pesam entre 1.000 e 1.500 gramas (Serrano e Cattaneo, 2010; Costa et al., 2013; Luz et al., 2015; Pereira et al., 2019a; 2019b).

Além do consumo alimentício, o mamoeiro também é fonte de diversos produtos utilizados nas indústrias medicinal, alimentícia, têxtil e cosmética. O mamão é rico em carotenoides (β -caroteno, licopeno e β -criptoxantina) e compostos fenólicos (miricetina, fisetina, morina, quercetina, kaempferol e isorametina), que têm propriedades antioxidantes e contribuem para as características sensoriais do fruto, como cor, sabor e textura (Lako et al., 2007; Zielinski et al., 2014; Pinnamaneni, 2017, Fabi et al., 2017).

3.3 Melhoramento Genético do Mamoeiro

Durante muitos anos, o Brasil dependia de germoplasma melhorado para o cultivo de mamoeiro. No entanto, a criação de programas nacionais de melhoramento genético, em colaboração com empresas públicas e privadas, reduziu a necessidade de importação de germoplasma, permitindo a introdução de novos genótipos no país (Costa et al., 2003).

Atualmente, os programas de melhoramento genético de mamoeiro são conduzidos no Brasil por instituições como a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), em parceria com a empresa Caliman Agrícola S.A. (UENF/Caliman), o Instituto Capixaba de Pesquisa e Extensão Rural (Incaper), a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) e, mais recentemente, a Universidade Estadual do Mato Grosso (UNEMAT) em parceria com a empresa privada Feltrin. O programa da UENF/Caliman, iniciado em 1996, visa a desenvolver novos híbridos e variedades de mamoeiro para reduzir a dependência de sementes importadas e melhorar a qualidade dos frutos para o mercado interno e externo. Este esforço é financiado por instituições como CNPq, Capes, Faperj e Finep, com destaque para os projetos “FRUTIMAMÃO I” e “FRUTIMAMÃO II” (Pereira et al., 2019b).

Essas iniciativas resultaram no registro de 21 cultivares híbridas de mamoeiro no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), incluindo a primeira cultivar híbrida brasileira, ‘UENF/Caliman 01’, conhecida como ‘Candy’. Esta cultivar tem se destacado em termos de produção e qualidade de frutos em comparação com o híbrido ‘Tainung 01’, do grupo Formosa, sendo uma alternativa viável para o cultivo no Brasil e no exterior (Marin et al., 2006a, 2006b; Luz et al., 2015, 2018a, 2018b; Pereira et al., 2019a, 2019b, 2019c).

Os primeiros esforços de melhoramento genético do mamoeiro no Brasil foram liderados pelo Instituto Agrônomo de Minas Gerais na década de 1950. Durante esse período, os estados de Minas Gerais, São Paulo, Rio de Janeiro e Espírito Santo destacavam-se na produção de mamão (Martins e Costa, 2003). No entanto, a doença viral “mosaico do mamoeiro” na década de 1970 deslocou a produção para outras regiões, como nordeste do Pará, extremo sul da Bahia e norte do Espírito Santo. A introdução de variedades hermafroditas do tipo Havaí (mamão Solo) no Pará revolucionou o cultivo, estabelecendo a cultura

comercialmente e disseminando essas linhagens para estados como Espírito Santo e Bahia, hoje os maiores produtores nacionais (Martins e Costa, 2003).

Nos anos 1980, o Brasil diversificou ainda mais o cultivo de mamoeiro com a importação de sementes híbridas do grupo Formosa, originárias de Taiwan. Essas variedades, conhecidas por seus frutos grandes, continuam sendo importadas e amplamente cultivadas (Serrano e Cattaneo, 2010; Ruggiero et al., 2011). Na década de 1990, a importância socioeconômica do cultivo de mamoeiro impulsionou iniciativas de melhoramento genético lideradas por instituições como a UENF, Incaper e Embrapa.

Atualmente, o MAPA registra 47 cultivares de mamoeiro, das quais 21 são produtos do programa UENF/Caliman, evidenciando a importância dessa colaboração para o agronegócio brasileiro (Azevedo, 2019).

Os primeiros estudos internacionais sobre o melhoramento genético do mamoeiro foram conduzidos por Holfmeyr (1938), Storey (1938) e Horovitz (1954), focando na herança do sexo da cultura. Os programas de melhoramento atuais buscam desenvolver variedades mais produtivas, resistentes a pragas e doenças, com frutificação precoce e elevada qualidade dos frutos, atendendo às demandas do mercado nacional e internacional (Dantas et al., 2002). As variedades mais cultivadas pertencem aos grupos Solo e Formosa, com o grupo Solo amplamente disseminado mundialmente, e o grupo Formosa conquistando espaço no mercado externo, especialmente na Europa, Canadá e Estados Unidos (Dantas e Oliveira, 2009).

Entre os avanços científicos, destacam-se estudos sobre comportamento floral, reprodução, predição do sexo, resistência a doenças e análises moleculares. Silva et al. (2007b) identificaram plantas mais estáveis em relação a diferentes condições ambientais, enquanto Damasceno Junior et al. (2009) analisaram comportamento floral e a reprodução preferencial, concluindo que o mamoeiro é uma espécie autógama facultativa. Arango et al. (2008) associaram vigor na emergência das sementes a uma maior proporção de plantas hermafroditas.

Estudos moleculares, como o uso do marcador RAPD por Oliveira et al. (2007), facilitaram a identificação de plantas hermafroditas, embora os custos dificultem sua aplicação comercial. Outros avanços incluem a transferência de

características genéticas, como a coloração verde-clara da casca, associada à tolerância à mancha fisiológica (Pinto et al., 2013).

A metodologia dos Modelos Mistos tem sido amplamente utilizada em programas de melhoramento, permitindo a seleção precisa de genótipos superiores. Resultados positivos foram obtidos na seleção de indivíduos com resistência a doenças foliares e características agronômicas desejáveis (Oliveira et al., 2012; Pinto et al., 2013; Ramos et al., 2014; Vivas et al., 2014).

3.4 Diversidade genética

A diversidade genética é fundamental para o melhoramento e a conservação das culturas, refletindo o nível de variação genética e ambiental entre indivíduos de uma espécie, seja em condições naturais, bancos de germoplasma ou em programas de melhoramento genético (Estopa, 2006; Assefa et al., 2016). Estudos sobre essa diversidade podem ser conduzidos por meio de descritores botânicos, morfológicos, químicos e moleculares, permitindo estimar o nível de variabilidade com base nas diferenças fenotípicas mensuradas nos indivíduos (Cruz et al., 2012).

Para analisar esses dados, são utilizadas técnicas multivariadas, que permitem avaliar os indivíduos sob múltiplos aspectos, proporcionando uma visão mais ampla dos genótipos (Cruz et al., 2014). Esse tipo de análise já está consolidado em programas de melhoramento genético de diversas espécies, incluindo algodão, arroz, trigo e mamoeiro (Kakar et al., 2019; Liao et al., 2021; Singh et al., 2022; Yadav et al., 2023). Entre os métodos multivariados mais empregados, destacam-se a análise de componentes principais, variáveis canônicas e os métodos aglomerativos (Kim e Ward, 1997; Bered et al., 2002; Cruz et al., 2014).

Segundo Cruz et al. (2014), a análise de componentes principais, proposta por Pearson (1901), transforma um conjunto de características em novas combinações lineares das variáveis originais, retendo o máximo de informação sobre a variação total nos dados. A análise de variáveis canônicas, por sua vez, também busca preservar a variação total, mas leva em conta tanto a matriz de covariância residual quanto a variância fenotípica entre as características avaliadas, o que a torna mais vantajosa.

Os métodos aglomerativos, utilizados para agrupar genótipos em grupos homogêneos, baseiam-se na estimação de medidas de dissimilaridade, como a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis. Os principais métodos de agrupamento incluem o vizinho mais próximo, o vizinho mais distante, o UPGMA e o método da variância mínima de Ward (Cruz et al., 2014).

Pesquisas conduzidas no Banco de Germoplasma da UENF/CALIMAN evidenciaram a variabilidade genética do mamoeiro por meio de redes neurais artificiais (Barbosa et al., 2011), análises multivariadas (Quintal et al., 2012) e marcadores moleculares SSR (Vivas et al., 2018). Em nível internacional, estudos na Índia, México e Porto Rico também identificaram ampla diversidade genética na espécie, reforçando a importância da caracterização genética para estratégias de conservação e melhoramento (Saran et al., 2015; Chávez-Pesqueira & Núñez-Farfan, 2017; Luciano-Rosario et al., 2018).

Além dos bancos de germoplasma, pesquisas com populações segregantes quantificaram a variabilidade genética entre indivíduos. Ramos et al. (2012) avaliaram a distância genética entre progênies segregantes derivadas de retrocruzamento do genótipo Cariflora e verificaram grande variabilidade genética, exceto para produção. Nascimento et al. (2019) identificaram que comprimento do fruto, comprimento do pecíolo, altura de inserção do primeiro fruto e massa do fruto foram as características que mais contribuíram para a diversidade genética em uma população F_2 segregante.

Marcadores morfoagronômicos continuam sendo amplamente utilizados para avaliar diversidade genética, embora fatores como efeito ambiental, ação gênica, pleiotropia e epistasia possam influenciar os resultados (Bered et al., 2000). Estudos recentes explorando as características morfoagronômicas foram conduzidos com genótipos do banco de germoplasma da UENF e incluíram pesquisas conduzidas por Miranda (2022), Pirovani (2022), Rodrigues (2023) e Bispo (2024).

A escolha do método de análise multivariada depende da natureza dos dados e da precisão requerida pelo pesquisador. Técnicas como componentes principais são indicadas para experimentos sem repetições, enquanto variáveis canônicas são mais apropriadas quando há repetições. Já os métodos de agrupamento dependem da estimativa de medidas de dissimilaridade, como a distância euclidiana (Cruz e Regazzi, 1997).

3.5 Parâmetros Genéticos

A estimativa de parâmetros genéticos é crucial para os programas de melhoramento genético, fornecendo bases para a seleção de genótipos promissores, otimizando a utilização de recursos e assegurando a manutenção de uma base genética adequada (Cruz e Carneiro, 2014). A aplicação de métodos como REML/BLUP oferece uma abordagem robusta e precisa, maximizando os ganhos genéticos e ampliando as possibilidades de sucesso em diferentes culturas.

O desenvolvimento de técnicas quantitativas permitiu avanços significativos na seleção de genótipos promissores, proporcionando maior precisão nos programas de melhoramento genético. A estimativa de parâmetros genéticos desempenha papel essencial no direcionamento dessas estratégias, permitindo uma compreensão ampla da estrutura genética das populações e auxiliando na predição de ganhos genéticos (Borém e Miranda, 2013).

Entre os parâmetros genéticos mais relevantes, estão as variâncias genotípica (V_g), fenotípica (V_f), ambiental (V_e) e a interação genótipo x ambiente (V_{ge}). Esses componentes de variância ajudam a determinar as fontes de variação dentro de uma população, permitindo uma análise detalhada das influências genéticas e ambientais sobre os fenótipos. O coeficiente de variação genética (CV_g), por exemplo, indica a presença de variabilidade genética e a possibilidade de mudanças significativas por meio da seleção (Rodrigues et al., 1998).

A herdabilidade (H^2), que é um parâmetro fundamental, mede a proporção da variância fenotípica atribuível à variância genética, garantindo a confiabilidade do valor fenotípico como representação do valor genotípico (Falconer, 1981; Ramalho e Vencovsky, 1978). Características com alta herdabilidade demandam métodos de seleção menos rigorosos, enquanto aquelas com baixa herdabilidade necessitam de estratégias mais refinadas para alcançar ganhos genéticos satisfatórios (Ramalho e Vencovsky, 1978).

Outro parâmetro relevante é o índice de variação genotípico (I_v), que é a relação entre o coeficiente de variação genética (CV_g) e o coeficiente de variação experimental (CV_e). Valores iguais ou superiores a um indicam condições mais favoráveis à seleção, conforme apontado por Vencovsky e Barriga (1992).

A decomposição da variância fenotípica em componentes genéticos e ambientais é a base para a predição de ganhos genéticos. De acordo com Falconer (1981), a análise da variância permite calcular a herdabilidade e prever ganhos esperados, o que não seria possível apenas com médias. Estudos como os de Silva et al. (2008) demonstraram altos valores de coeficientes de determinação genotípicos (H^2) em características morfológicas de mamoeiro, como altura de planta, diâmetro de caule e peso médio de frutos, indicando alto potencial para seleção, enquanto outras características, como firmeza de fruto, polpa e teor de sólidos solúveis totais, tiveram valores medianos.

3.6 Heterose

A heterose, ou vigor híbrido, é um conceito fundamental no melhoramento genético. Esse fenômeno ocorre quando a descendência apresenta desempenho superior aos genitores (Birchler et al., 2006; Schnable e Springer, 2013). A heterose está relacionada ao aumento da heterozigosidade, enquanto a depressão por endogamia resulta da redução da heterozigosidade e do aumento da homozigosidade, levando a uma maior frequência de alelos deletérios. Cruzamentos entre indivíduos geneticamente distintos restauram a heterose ao complementar alelos deletérios no híbrido (East, 1936; Shull, 1952; Kaepler, 2012).

A heterose pode ter impactos positivos, melhorando o desempenho dos genótipos, ou negativos, diminuindo o desempenho. No entanto, essa redução de desempenho nem sempre é desvantajosa, tendo em vista que a redução da altura de planta em mamoeiro pode ser benéfica, pois facilita a colheita dos frutos. Assim, os efeitos positivos e negativos da heterose podem ser explorados em programas de melhoramento genético de plantas (Ryder et al., 2014).

Diversas teorias, como as de dominância, sobredominância e epistasia, foram propostas para explicar os mecanismos da heterose, contribuindo significativamente para a compreensão desse fenômeno (Fu et al., 2014). A maximização da heterozigosidade é uma estratégia central nos programas de melhoramento genético, especialmente quando a sobredominância é identificada como a principal responsável pela heterose na população a ser melhorada (Kaepler, 2012). Nos programas de melhoramento do mamoeiro, têm sido

desenvolvidas linhagens com potencial para combinação, visando a explorar a heterose e a produzir híbridos mais vigorosos e produtivos (Vivas et al., 2018).

Inicialmente, a heterose no mamoeiro foi explorada entre os grupos heteróticos, mas passou a ser explorada entre e dentro dos grupos heteróticos, ampliando as possibilidades para o melhoramento da cultura (Cardoso et al., 2014). Cardoso et al. (2014) investigaram a heterose em híbridos dentro e entre dois grupos (definidos pelo tamanho de fruto), identificando híbridos promissores nos grupos heteróticos Formosa e Solo. Poltronieri et al. (2019) identificaram genótipos com maior resistência à Mancha de Phoma, enquanto Miranda et al. (2022) detectaram combinações híbridas nos grupos Formosa e Intermediário com excelentes estimativas de heterose varietal para características como firmeza de polpa, firmeza de fruto e teor de sólidos solúveis. Ribeiro (2022), em um estudo sobre resistência à pinta-preta, observou boas estimativas de heterose para a severidade da doença.

3.7 Índice de seleção

Durante a execução de programas de melhoramento de mamoeiro, surgem frequentemente novas questões que precisam ser abordadas por meio de experimentos e avaliações contínuas. O objetivo desses programas é desenvolver novas cultivares que sejam mais produtivas, resistentes e com excelentes atributos físico-químicos. As características avaliadas no mamoeiro incluem altura da planta, altura da inserção do primeiro fruto, diâmetro do caule, número de frutos comerciais, número de frutos deformados, nós sem fruto, peso médio dos frutos, comprimento e diâmetro do fruto, comprimento e diâmetro da cavidade ovariana, espessura e firmeza da polpa, firmeza do fruto e teor de sólidos solúveis, entre outras características (Silva e Viana, 2012).

Após as avaliações, os melhores genótipos são selecionados com base nos objetivos do melhoramento. O genótipo selecionado deve reunir diversas características favoráveis, atendendo às exigências dos produtores e consumidores. Para isso, é crucial o uso de estratégias que permitam a seleção simultânea de várias características. Uma dessas estratégias é o índice de seleção, que combina de forma eficiente diferentes características de interesse econômico (Cruz et al., 2012).

A metodologia dos índices de seleção foi proposta inicialmente por Fisher (1936) e Smith (1936) e aprimorada por Hazel (1943), resultando na teoria clássica que combina linearmente os valores genéticos, ponderados pelos pesos econômicos das características de interesse. A atribuição de pesos econômicos a cada característica é essencial, pois as diferentes características das plantas de mamoeiro têm valores econômicos distintos. A definição dos pesos é feita de acordo com o produto final desejado, a região e as demandas do mercado (Hazel e Lush, 1942).

Silva et al. (2008a) propuseram o índice de seleção combinada, que considera simultaneamente as características avaliadas, atribuindo pesos às médias padronizadas das características favoráveis e desfavoráveis. Isso permite uma avaliação mais abrangente, priorizando os atributos mais importantes para o pesquisador. O uso de índices de seleção tem mostrado eficiência em diversas pesquisas, incluindo aquelas que avaliam a resistência de genótipos de mamoeiro a doenças como a pinta-preta. Vivas et al. (2013) observaram que o uso do índice de seleção proporciona maior robustez, pois agrega diferentes formas de avaliação da doença em um único índice, facilitando a seleção das melhores progênies.

Em estudos que utilizam a técnica REML/BLUP na seleção de plantas, como o conduzido por Pinto et al. (2013), foi demonstrado que a associação entre valores genotípicos individuais e índice de seleção é eficaz para selecionar progênies e plantas superiores à média da população original. Ide et al. (2009) usaram a seleção simultânea em híbridos de mamoeiro para combinar alelos favoráveis a várias características da planta e do fruto, como altura, diâmetro do caule, número de frutos, tamanho, peso, firmeza da polpa e casca e teor de sólidos solúveis. Ramos et al. (2014) desenvolveram estratégias de seleção combinada para as principais características agronômicas em populações derivadas de retrocruzamentos, utilizando modelos lineares mistos e o procedimento REML/BLUP para identificar as melhores famílias.

Além disso, a seleção direta pode ser usada quando o objetivo é manter fontes de alelos para características específicas, como resistência a doenças. Estudos como de Moraes et al. (2021) aplicaram índices de seleção combinada e seleção direta na resistência do mamoeiro a doenças como mancha de Phoma e pinta-preta e Cortes et al. (2019) utilizaram essas abordagens para selecionar

linhagens superiores, visando ao avanço das gerações e à identificação de genótipos com características desejáveis, como qualidade e produtividade dos frutos.

Portanto, a utilização de índices de seleção combinada e outras metodologias têm se mostrado uma estratégia eficiente para selecionar múltiplas características no melhoramento do mamoeiro, contribuindo para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, resistentes e com melhores atributos físico-químicos.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Genótipos e delineamento estatístico

O ensaio de avaliação contou com 13 híbridos de mamoeiro desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético da UENF/CALIMAN (Tabela 1), além de cinco testemunhas ('Maradol', 'Vitória', 'Candy', 'Sekati' e 'Aliança'), totalizando 18 genótipos. Entre os híbridos, seis foram os melhores selecionados no estudo de Bispo (2023), dois resultaram de cruzamentos obtidos por Santa-Catarina (2016) e cinco são provenientes do programa de purificação de genitores selecionados por Rodrigues et al. (2021) e Pirovani et al. (2021) (Tabela 1).

Os genótipos foram semeados em fevereiro de 2024, em casa de vegetação, utilizando bandejas plásticas com 96 tubetes de 55 cm³ de capacidade. O substrato empregado foi o HT Tropstrato, composto por casca de pinus, vermiculita, PG Mix 14.16.18, nitrato de potássio, superfosfato simples e turfa, enriquecido com o fertilizante de liberação lenta Basacote Mini 3 M®, na fórmula NPK (Mg) 13-06-16 (1,4), acrescido de micronutrientes nas concentrações de 0,0; 2,5; 5,0; 7,5; 10,0 e 12,5 kg m³. Cerca de 40 dias após a semeadura, os genótipos foram transplantados para a área experimental da empresa Caliman Agrícola S/A, em Linhares, ES (19° 06'–19° 18' de latitude sul e 39° 45'–40° 10' de longitude oeste).

Tabela 1. Relação de híbridos testados, provenientes do banco de germoplasma UENF/CALIMAN.

N°	Cruzamentos	Grupos heteróticos	Híbridos
1	T1 x LC13	Solo x Formosa	UC30
2	T1 x LC16	Solo x Formosa	UC31
3	T4 x LC01	Solo x Solo	UC53
4	T4 x LC02	Solo x Solo	UC54
5	T4 x LC13	Solo x Formosa	UC59
6	T4 x LC16	Solo x Formosa	UC60
7	S3 1X1-3 4	Formosa x Formosa	UC73
8	S3 4X1-3 17	Formosa x Formosa	UC74
9	S35XJP112	Formosa x Formosa	Vitória 01
10	JP43XS42	Formosa x Formosa	T2-1
11	SS13XJG59	Formosa x Formosa	UC01r 01
12	SS21XJG38	Formosa x Formosa	UC01r 02
13	JP43XS220	Formosa x Formosa	T2-2

r: recíproco.

O experimento seguiu um delineamento em blocos ao acaso, com quatro repetições e quatro plantas por parcela, compostas exclusivamente por indivíduos hermafroditas após a sexagem fenotípica. O espaçamento adotado foi de 3,60 m entre fileiras e 1,50 m entre plantas dentro da fileira. As condições climáticas no município de Linhares - ES, durante o período de janeiro a dezembro de 2024, incluindo a precipitação (mm), as temperaturas máximas e mínimas (°C), encontram-se na Figura 1.

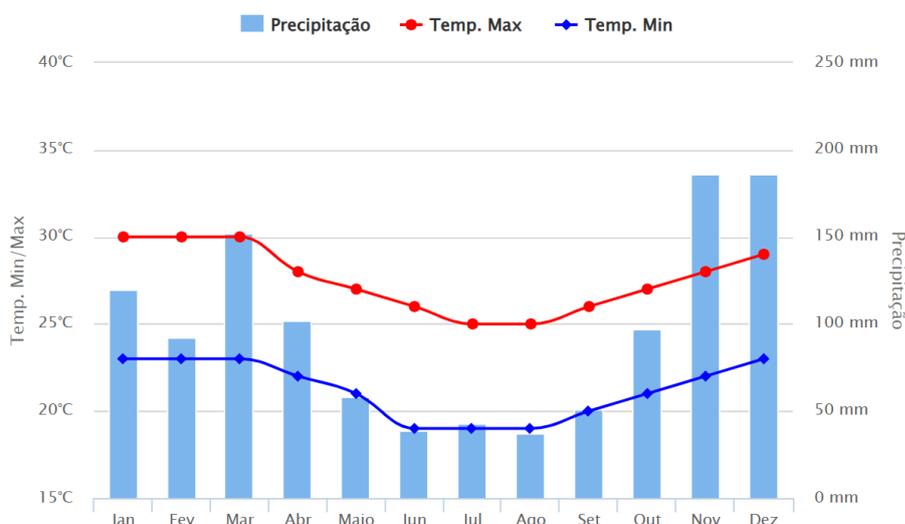


Figura 1. Variáveis climáticas durante o experimento no município de Linhares - ES. Fonte: adaptado do INMET (2024).

4.2 Características morfoagronômicas avaliadas

As características morfoagronômicas foram avaliadas aos 260 e 320 dias após o plantio, por meio da fenotipagem digital, com o auxílio do software ImageJ. Foram elas: **Altura de inserção de primeiro fruto (AIPF)**, obtida pela aferição da base da planta até a inserção do primeiro fruto, expressa em centímetros; **Altura da planta (AP)**, obtida pela aferição da base da planta até o topo, expressa em cm; **Diâmetro do caule (DC)**, obtido pela aferição entre as duas extremidades horizontais do caule a aproximadamente 20 cm do solo; **Número de frutos comerciais (NFC)**, obtido pela contagem do número de frutos por planta, excluídos os frutos fora do padrão comercial; **Número de frutos deformados (NFD)**, obtido pela soma dos frutos carpeloides, pentândricos e bananoides encontrados em cada época de avaliação; e **Número de nós sem frutos (NNSF)**, obtido pela contagem do número de nós em cada época de avaliação.

As características de qualidade de frutos foram avaliadas aos 320 após o plantio. Foram elas: **Peso médio de fruto (PMF)**, obtido pela média de cinco frutos na parcela, expresso em quilogramas, com auxílio de balança digital; **Firmeza do fruto (FF)**, obtida pela média da perfuração de três pontos equidistantes na casca e na polpa do fruto, respectivamente, com o auxílio de um perfurador de bancada, expressa em Newtons; **Firmeza da polpa (FP)**, obtida pela média da perfuração de três pontos equidistantes na casca e na polpa do fruto, respectivamente, com o auxílio de um perfurador de bancada, expressa em Newtons; **Comprimento de fruto (CF)**, aferido a partir das extremidades do fruto, obtido pela média de cinco frutos na parcela, expresso em centímetros; **Diâmetro de fruto (DF)**, aferido a partir da região mediana do fruto, obtido pela média de cinco frutos na parcela, expresso em centímetros; **Comprimento da Cavidade Ovariana (CCO)**, expresso em cm, obtido pela mensuração da cavidade ovariana; **Diâmetro da Cavidade Ovariana (DCO)**, expresso em cm, obtido pela mensuração do diâmetro da cavidade ovariana; **Espessura da polpa (EP)**, obtida pela média de duas medidas (espessura maior e menor) após corte transversal do fruto, expressa em centímetros; **Teor de sólidos solúveis (TSS)**, expresso em °Brix, obtido pela média de cinco frutos na parcela, com auxílio de um refratômetro digital; e **Produção de frutos (PROD)**, expressa em t/ha, obtida pela multiplicação do NFC pelo PMF.

4.3 Análise das Observações Fenotípicas

4.3.1 Análise descritiva dos dados

As características NFC, NFD e NNSF foram obtidas pela soma nas duas épocas de avaliação. A característica AIPF foi avaliada apenas na primeira avaliação, quando teve seu primeiro fruto, enquanto, para as características AP e DC, foi estimada a média das duas épocas de avaliação aos 260 e 320 dias. Para as características PMF, FF, FP, TSS, CF, DF e EP relacionadas à qualidade de fruto, estimou-se a média dos frutos avaliados em apenas uma época de avaliação aos 320 dias. A característica PROD foi obtida pela multiplicação da soma do NFC com o PMF. A análise descritiva foi feita no programa Genes (Cruz, 2013).

4.3.2 Diversidade Genética

Para estimar a variabilidade genética, foram utilizadas as médias fenotípicas de 16 características avaliadas (AP, AIPF, DC, NFC, NFD, NNSF, PMF, PROD, FF, FP, CF, DF, DCO, CCO, TSS e EP). A matriz de dissimilaridade genética foi obtida com base na distância Euclidiana padronizada, utilizando o programa Genes (Cruz, 2013). Essa matriz foi posteriormente empregada na análise de agrupamento pelo método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average*), realizada no programa R, com o pacote “factoextra”. O ponto de corte para formação dos grupos foi realizado conforme descrito por Mojena (1997). A variabilidade genética entre os genótipos também foi avaliada por meio de dispersão gráfica gerada pela análise de coordenadas principais (PCA), realizada no programa R (R Core Team, 2019).

4.3.3 Análise de deviance, estimação dos parâmetros e predição de valores genotípicos

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pela metodologia de modelos mistos REML/BLUP (máxima verossimilhança

restrita/melhor predição linear não viciada), com auxílio do software genético-estatístico SELEGEN – REML/BLUP (Resende et al., 2016).

Foi utilizado o modelo 21, em que:

$$y = Xr + Zg + e$$

Em que y é o vetor de observações;

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

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

e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Para avaliar a significância dos efeitos aleatórios do modelo, foi construído o teste da razão da Verossimilhança (LRT). Tal análise é denominada “Análise de Deviance” - ANADEV. Esse teste foi então obtido pela diferença entre as deviances do modelo sem o efeito a ser testado e com o modelo completo, e a existência de significância dessa diferença foi comparada com o teste do Qui-quadrado, com 1 grau de liberdade (Tabela 2). Para os efeitos fixos, foi utilizado um teste F aproximado.

Tabela 2. Visão geral de um esquema de Análise de Deviance para a metodologia de modelos mistos

Efeito	Deviance	Teste de razão da verossimilhança - LRT
Genótipo	X_2	$X_2 - X_1$
Modelo completo	X_1	

X_1 e X_2 :Valores que podem ser obtidos rodando o modelo com e sem o efeito a ser testado. Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente, com 1 grau de liberdade.

O modelo utiliza a Máxima Verossimilhança Restrita (REML) para decompor a variância em três principais componentes: Variância genotípica (V_g): mede a variabilidade genética entre as linhagens ou híbridos; Variância residual (V_e): reflete a variabilidade causada por fatores não controlados no experimento; e Variância fenotípica (V_f): representa a soma das variâncias genotípica e residual, dada por:

$$V_f = V_g + V_e$$

Com base nesses componentes, são calculados os parâmetros genéticos essenciais:

Herdabilidade no sentido amplo ao nível de parcela (h^2_g), que representa a proporção da variância fenotípica explicada por efeitos genéticos:

$$H^2_g = V_g/V_f$$

Herdabilidade da média de linhagem ou híbrido (H^2_m), que ajusta a herdabilidade para médias por parcela; e

Acurácia seletiva ($Ac.$), que mede a precisão da seleção com base nos valores genéticos preditos.

Além disso, foi calculada a média geral (μ) do experimento, que fornece uma visão geral do desempenho das linhagens ou dos híbridos avaliados.

A etapa seguinte envolveu a estimativa dos valores genotípicos, conhecidos como BLUPs (Best Linear Unbiased Predictors). Esses valores são ajustados para o efeito de bloco e ao erro experimental, permitindo identificar os genótipos superiores de forma precisa.

4.3.4 Heterose varietal

As estimativas de heterose varietal para cada característica avaliada foram obtidas pela expressão apresentada por Falconer (1987).

$$H_{ij}(\%) = \frac{(X_{ij} - X_i)}{X_i} * 100$$

Em que X_{ij} é a média do híbrido i com o testador j e X_i é a média da variedade padrão.

Os genótipos avaliados foram comparados com as variedades padrão 'Vitória', 'Candy' e 'Aliança'.

4.3.5 Índice de Seleção combinada

Para seleção dos genótipos, foram consideradas simultaneamente dezesseis características através do índice de seleção combinada (ISC). Esse índice foi proposto por Silva et al., (2008) e retificado por Ramos et al., (2014) e pode ser estimado pela seguinte equação:

$$ISC = (VFt1 \times p1) + (VFt2 \times P2) + (VFti \times pi)$$

Em que VFt são as médias genotípicas padronizados da característica i , obtidas utilizando a seguinte equação:

$$(Xg - \bar{X}g)/SXg$$

Xg é o valor genotípico do indivíduo para a característica x ;

$\bar{X}g$ é a média geral da característica;

SXg é o desvio padrão; e

p é o peso agrônômico estabelecido para cada característica i , que pode ser positivo ou negativo de acordo com a direção da seleção.

Os pesos agrônômicos estabelecidos por tentativa com base no conhecimento dos melhoristas do programa de melhoramento do mamoeiro UENF/CALIMAN e na importância agrônômica das características avaliadas e no objetivo do trabalho foram: AP (1), AIPF (-5), DC (1), NFC (100), NFD (-20), NNSF (-20), PMF (1), PROD (100), FF (100), FP (100), TSS (100), CF (1), DF (1), CCO (1), DCO (1), EP (50). Para os cálculos do ISC, foi utilizado o Microsoft Office Excel 360.

Além da seleção combinada, também foi feita a seleção direta (SD) para os híbridos do grupo Solo, com base nas características PMF e PROD

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Análise descritiva dos híbridos

Os valores mínimos, máximos e as médias de 16 características morfoagronômicas foram mensurados em 18 genótipos de mamoeiro (Tabela 3). As características avaliadas uma única vez apresentam um alto coeficiente de repetibilidade, de acordo com estudo conduzido por Santa-Catarina et al. (2020), indicando estabilidade e consistência nas medições ao longo do tempo. Isso indica que uma única medição é suficiente para representar com precisão os dados deste estudo, sem comprometer sua qualidade ou confiabilidade.

Os maiores coeficientes de variação foram observados para o número de nós sem frutos (63,98%), seguido pelo número de frutos deformados (63,55%), peso médio dos frutos (42,68%), produtividade (40,34%) e número de frutos comerciais (33,01%). Altos coeficientes de variação para essas características também foram relatados em outros estudos com mamoeiro (Santa-Catarina et al., 2020a; Pirovani, 2022). Esses CVs podem ser relacionados tanto à variabilidade genética entre os genótipos quanto à influência do ambiente nas características analisadas (Figura 1), considerando que essas características avaliadas são de natureza poligênica (Maia et al., 2006).

Tabela 3. Estatística descritiva para 16 características avaliadas em 18 híbridos de mamoeiro.

Variável	Mínimo	Máximo	Média	DP	CV (%)
AP	128,93	264,43	205,07	27,78	13,54
AIPF	30,58	139,96	89,63	20,13	22,46
DC	9,10	17,12	12,58	1,43	11,36
NFC	14,50	95,00	43,06	14,21	33,01
NFD	1,33	24,67	7,67	4,88	63,55
NNSF	0,00	23,00	8,08	5,17	63,98
PMF	379,60	2435,00	1367,13	583,52	42,68
PROD	14,23	190,40	103,29	41,67	40,34
FF	94,73	136,44	125,29	8,20	6,54
FP	77,13	96,16	88,32	4,11	4,65
TSS	7,73	12,64	10,28	1,26	12,25
CF	12,62	29,03	21,99	4,64	21,12
DF	8,07	13,79	11,17	1,46	13,09
CCO	8,17	22,68	15,93	4,08	25,60
DCO	4,14	7,39	5,52	0,74	13,32
EP	1,82	3,98	2,82	0,50	17,61

DP: desvio padrão; CV (%): coeficiente de variação em porcentagem; AP: altura da planta (cm); AIPF: altura de inserção do primeiro fruto (cm); DC: diâmetro do caule (cm); NFC: número de frutos comerciais; NNSF: nós sem frutos; NFD: número de frutos deformados; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: Produção de frutos (t/ha); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); CCO: comprimento da cavidade ovariana (cm); DCO: diâmetro da cavidade ovariana (cm); EP: espessura da polpa (cm).

As características NFD e NNSF apresentaram os maiores coeficientes de variação (CV%), com 63,55% e 63,98%, respectivamente. A amplitude de variação dessas características foi de 1,33 a 24,67 para NFD e de 0 a 23 para NNSF. A ocorrência de frutos deformados pode estar associada a diferentes fatores ambientais, como temperaturas mais amenas ou baixas, alta umidade e déficit hídrico (Arkle Junior e Nakasone, 1984; Couto e Nacif, 1999; Damasceno Junior et al., 2008). Além disso, a constituição genética dos genótipos analisados pode influenciar a forma como essas características respondem às variações

climáticas (Figura 1), especialmente quando se trata de híbridos que apresentam maior estabilidade.

As médias observadas para as características morfológicas da planta foram de 205,07 cm para AP, 89,63 cm para AIPF e 12,58 cm DC. A variação dessas características foi de 128,93 a 264,43 cm para AP, de 30,58 a 139,96 cm para AIPF e de 9,10 a 17,12 cm para DC. A análise dos valores mínimos e máximos dessas características é essencial para a seleção de genótipos mais adequados ao cultivo comercial. Estudos como os de Silva et al. (2007b) e Ide et al. (2009) indicam que plantas de menor estatura e maior diâmetro de caule são mais vantajosas, pois facilitam a colheita, apresentam maior produtividade e têm maior resistência ao acamamento quando comparadas a plantas mais altas e de caule mais fino.

Na cultura do mamoeiro, a produtividade é um dos principais fatores considerados pelos produtores na escolha das cultivares. Essa produtividade está diretamente relacionada a NFC e PMF, pois ambos influenciam o rendimento total da cultura. No presente estudo, a média observada foi de 43,06 para NFC, com variação de 14,50 a 95,00, e a média de 1367,13 g para PMF, com variação de 379,70 g a 2435,00 g, resultando em uma produtividade média (PROD) de 103,29 t/ha. Esses valores evidenciam o potencial produtivo da cultura e ressaltam a importância da interação entre NFC e PMF para a viabilidade econômica da lavoura.

O tamanho do fruto é influenciado por diversas características, como CF, DF, CCO, DCO e EP, cujas médias foram de 21,99 cm, 11,17 cm, 15,93 cm, 5,52 cm e 2,82 cm, respectivamente. Os genótipos com espessura de polpa superior a 2 cm são desejáveis, pois essa característica está diretamente associada ao volume de polpa, à redução da cavidade ovariana e, conseqüentemente, ao aumento do valor comercial em razão do maior rendimento de polpa (Reis et al., 2015; Nascimento et al., 2019).

No mamoeiro, o tamanho do fruto também é um critério fundamental para distinguir os grupos heteróticos Solo e Formosa (Luz et al., 2015). Os resultados obtidos para CF, DF, CCO, DCO e EP indicam que a variabilidade genética entre os genótipos pode gerar frutos com características similares às dos padrões dos grupos Solo, Intermediários ou Formosa. De acordo com Oliveira et al. (2012), os frutos do grupo 'Solo' são menores, pesando entre 300 e 650 g, e são altamente apreciados pelos consumidores. Já os frutos do grupo 'Formosa' são significativamente maiores, com peso entre 1000 e 1300 g, podendo ultrapassar 2000 g.

A qualidade do fruto é outro aspecto essencial para a cultura. As características como FF e FP apresentaram médias de 125,29 N e 88,32 N, respectivamente, com coeficientes de variação (CV %) baixos, de 6,54% e 4,65%, respectivamente. Além disso, o teor de sólidos solúveis (TSS) apresentou média de 10,28 °Brix, com um CV de 12,25%, indicando que alguns híbridos têm boa firmeza e um teor de sólidos solúveis satisfatório, características essenciais para a qualidade dos frutos e sua aceitação no mercado. De acordo com Miranda et al. (2022), valores de FF entre 125 e 135 N, FP entre 80 e 90 N e TSS acima de 10 °Brix são considerados adequados para a recomendação de novas cultivares.

5.2 Variabilidade Genética

A análise da diversidade genética foi conduzida com base nas 16 características morfoagronômicas avaliadas. O dendrograma, gerado pelo método UPGMA a partir da matriz euclidiana padronizada (Figura 2), evidenciou a relação entre os genótipos, com a separação em três grupos distintos, conforme o ponto de corte, seguindo o critério de Mojena (1977). As médias de cada genótipo estão apresentadas na tabela em anexo, enquanto as porcentagens de cada característica são ilustradas na Figura 3.

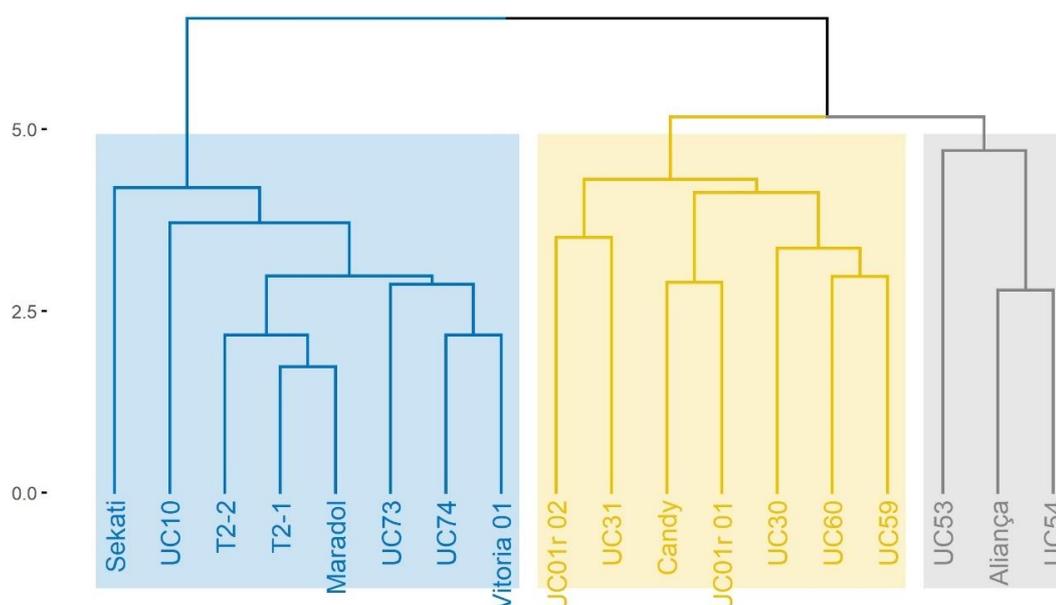


Figura 2. Dendrograma obtido a partir da distância Euclidiana para os 18 genótipos de mamoeiro avaliados.

O primeiro grupo, cor azul, inclui oito genótipos, entre eles as linhagens Maradol, Sekati e o híbrido comercial Vitória. A semelhança entre esses genótipos é atribuída, em grande parte, ao parentesco com a linhagem parental Sekati, representada pelo (S) em seus nomes. Os genótipos desse grupo apresentam frutos grandes, pertencentes ao grupo heterótico 'Formosa'. As médias das principais características deste grupo são: NFC (37,55), PMF (1966,46 g), PROD (136,46 t/ha), FF (127,38 N), FP (89,47 N) e TSS (9,49 °Brix).

Representado pela cor amarela, o segundo grupo apresenta características intermediárias, com o PMF variando entre 818,87 g e 1316,99 g, incluindo sete genótipos, entre os quais se destaca o híbrido comercial Candy. A similaridade deste grupo está principalmente relacionada ao PMF e ao parentesco genético entre os genótipos. Os híbridos UC01r 02 e UC01r 01 são cruzamentos recíprocos do híbrido Candy, e os demais híbridos apresentam genitores femininos em comum. As médias para as principais características deste grupo são: NFC (47,60), PMF (1064,07 g), PROD (92,70 t/ha), FF (123,81 N), FP (88,02 N) e TSS (10,80 °Brix).

O grupo III, cor cinza, é formado por três genótipos, incluindo a cultivar Aliança, que pertence ao grupo 'Solo', juntamente com os genótipos UC53 e UC54. Os dois últimos apresentaram PMF de 541,58 g e 493,59 g, respectivamente, enquanto a cultivar Aliança teve um PMF de 598,48 g. As médias das características deste grupo são: NFC (47,16), PROD (48,42 t/ha), FF (117,37 N), FP (83,07 N) e TSS (11,19 °Brix).

Uma das principais diferenças entre os grupos formados é o peso médio dos frutos, que é maior no grupo 'Formosa' (1966,46 g) em comparação com os grupos 'Intermediário' e 'Solo'. Além disso, FF e FP apresentam menores valores no grupo III (117,37 N e 83,07 N), seguido pelo grupo II (123,81 N e 88,02 N), em comparação ao grupo I com (127,38 N e 89,47 N). Por outro lado, quando se trata da característica TSS, o grupo III apresenta maior média com 11,19 °Brix, seguido pelo grupo 'Intermediário' (10,80 °Brix) e 'Formosa' com (9,49 °Brix).

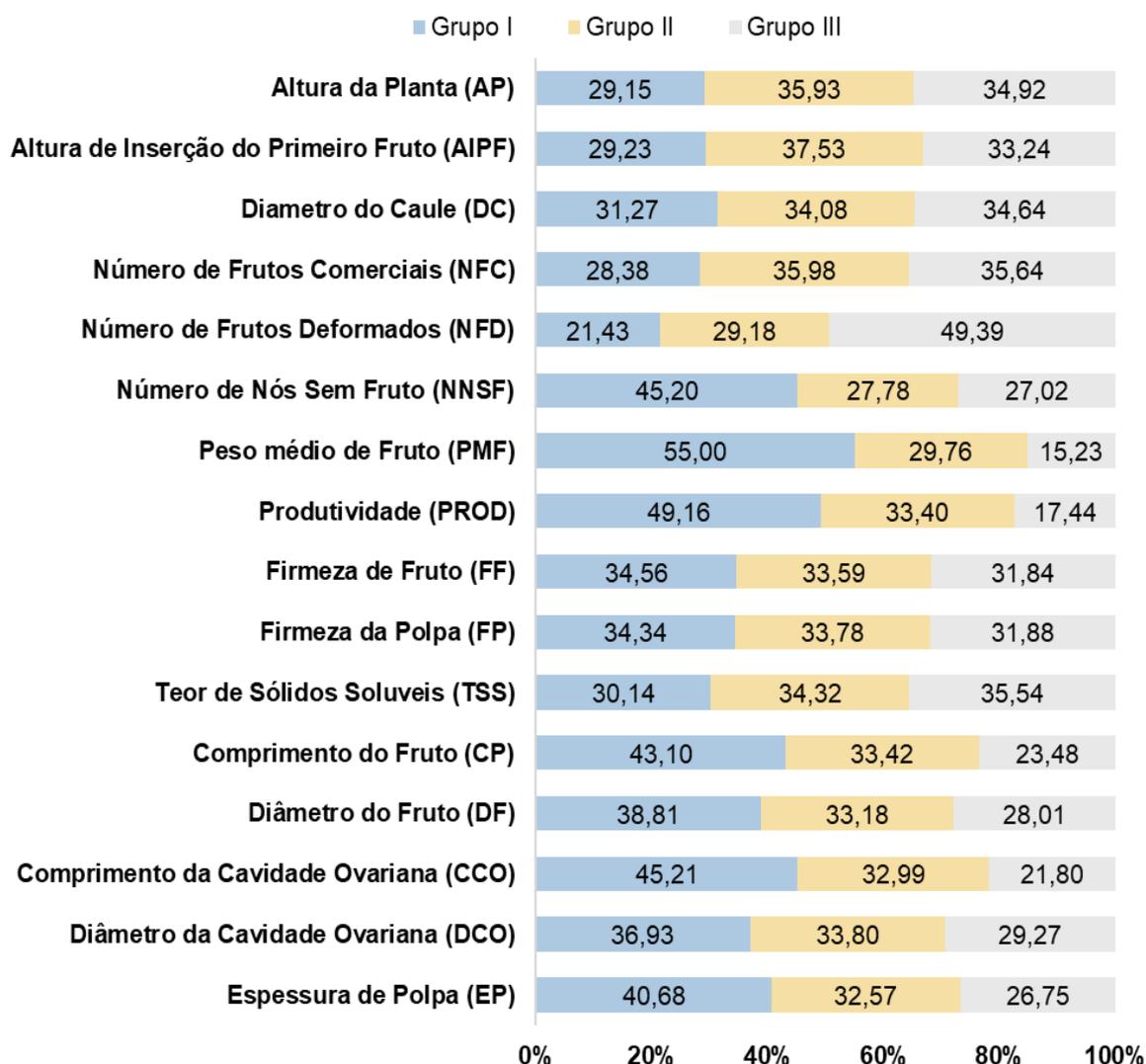


Figura 3. Porcentagem de contribuição de cada variável para a formação dos grupos I, II e III, conforme determinado pelo dendrograma.

5.3 Análise de Deviance, Componentes de variância e Parâmetros genéticos

Os efeitos significativos para os genótipos foram identificados pelo teste de razão de verossimilhança (LRT), com 1% de probabilidade para as características AP, AIPF, NFC, PMF, PROD, FP, TSS, CF, DF, CCO e DCO, e 5% para NFD e FF (Tabela 4). Em termos gerais, quanto maior o valor da estatística LRT, maior a diferença entre a Deviance do modelo sem o efeito testado e a Deviance do modelo completo. Isso significa que o efeito analisado tem uma contribuição significativa para a variação observada, reforçando sua importância no estudo.

Tabela 4. Análise de Deviance (ANADEV) para 16 características avaliadas em 18 genótipos de mamoeiro.

Efeito	AP		AIPF		DC	
	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)
Genótipo	532,92	34,59 **	486,94	34,43 **	125,66	3,58 ^{ns}
Modelo completo	498,33		452,51		122,08	
Efeito	NFC		NFD		NNSF	
	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)
Genótipo	441,58	6,74 **	297,14	5,65 *	303,72	2,60 ^{ns}
Modelo completo	434,84		291,49		301,12	
Efeito	PMF		PROD		FF	
	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)
Genótipo	948,4	115,44 **	586,07	34,82 **	366,8	6,53 *
Modelo completo	832,96		551,25		360,27	
Efeito	FP		TSS		CF	
	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)
Genótipo	272,19	55,08 **	111,65	39,52 **	291,16	118,68 **
Modelo completo	217,11		72,13		172,48	
Efeito	DF		CCO		DCO	
	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)	Deviance	LRT (X ²)
Genótipo	132,75	81,30 **	273,53	122,91 **	39,34	34,09 **
Modelo completo	51,45		150,62		5,25	
Efeito	EP					
	Deviance	LRT (X ²)				
Genótipo	-13,73	59,73 *				
Modelo completo	-73,46					

AP: altura da planta (cm); AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); DC: diâmetro do caule (cm); NFC número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NNSF: número de nós sem fruto; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: produtividade (t/ha); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); TSS: conteúdo de sólidos solúveis (°Brix); EP: espessura da polpa (cm); LRT (X²): teste de razão de verossimilhança. ^{ns} Não significativo; *, ** níveis de significância a 5% e 1%; X²_(1%) = 6,63 e X²_(5%) = 3,84.

A análise de Deviance também revelou diferenças significativas entre os genótipos, indicando que os respectivos componentes de variância e os parâmetros genéticos (Tabela 5) são estatisticamente distintos de zero. Os resultados obtidos indicam uma variação fenotípica expressiva entre os híbridos de mamoeiro avaliados, o que permite uma seleção de genótipos superiores. Além disso, essa análise fornece informações valiosas para o direcionamento de novas estratégias de melhoramento, como o desenvolvimento de cruzamentos específicos visando à obtenção de híbridos duplos e triplos com base nas características agronômicas de interesse.

O coeficiente de variação residual (CVe) é um parâmetro crucial para o melhorista por avaliar a precisão experimental. Como a maioria das características analisadas são quantitativas e influenciadas por múltiplos genes, sendo também fortemente afetadas pelo ambiente, as magnitudes de CVe indicam boa precisão experimental (Cortes et al., 2019; Moreira et al., 2019b). As magnitudes de CVe no estudo variaram de 2,23 para FP a 58,47 para NNSF (Tabela 5). Os valores mais altos, frequentemente associados a experimentos de grande porte, culturas perenes e variações causadas por condições edafoclimáticas, podem também refletir a influência de pragas e doenças (Ferrão et al., 2008).

O coeficiente de variação genética (CVg), razão entre o desvio padrão genético e a média da população, expressa em percentagem, é um indicador valioso da grandeza relativa das mudanças possíveis que podem ser obtidas em cada característica, por meio da seleção (Morais, 1992). As maiores magnitudes foram observadas nas características PMF (42,05), seguidas do NFD (33,06), PROD (32,45), NNSF (26,79), CCO (25,38), e CF (20,87). De certa forma, os resultados indicam presença de suficiente variabilidade genética, o que possibilita a obtenção de ganhos por seleção, mesmo em características complexas como PMF.

Tabela 5. Componentes de Variância individual e parâmetros genéticos associados às 16 características avaliadas nos 18 híbridos avaliados.

	Vg	Ve	Vf	h ² g	h ² ml	Ac	CVg	CVe	Iv
AP	507,53	278,55	786,08	0,65	0,88	0,94	10,99	8,14	1,35
AIPF	257,60	142,18	399,78	0,64	0,88	0,94	17,91	13,30	1,35
DC	0,41	1,56	1,97	0,21	0,51	0,71	5,06	9,94	0,51
NFC	59,09	146,07	205,16	0,29	0,62	0,79	17,85	28,07	0,64
NFD	6,44	18,09	24,53	0,26	0,59	0,77	33,06	55,43	0,60
NNSF	4,69	22,33	27,02	0,17	0,46	0,68	26,79	58,47	0,46
PMF	330426,25	23589,25	354015,50	0,93	0,98	0,99	42,05	11,23	3,74
PROD	1111,86	605,56	1717,42	0,65	0,88	0,94	32,45	23,95	1,36
FF	19,36	48,96	68,32	0,28	0,61	0,78	3,51	5,58	0,63
FP	13,12	3,87	16,99	0,77	0,93	0,97	4,10	2,23	1,84
TSS	1,09	0,51	1,60	0,68	0,90	0,95	10,17	6,94	1,46
CF	21,06	1,40	22,46	0,94	0,98	0,99	20,87	5,39	3,87
DF	1,90	0,29	2,19	0,87	0,96	0,98	12,33	4,82	2,56
CCO	16,34	1,00	17,33	0,94	0,98	0,99	25,38	6,26	4,05
DCO	0,36	0,20	0,55	0,64	0,88	0,94	10,79	8,06	1,34
EP	0,20	0,05	0,25	0,79	0,94	0,97	15,89	8,11	1,96

Vg: variabilidade genotípica; Ve: variância residual; Vf: variância fenotípica; h²g: herdabilidade no sentido amplo ao nível de parcela; h²ml: herdabilidade da média do híbrido; Ac: acurácia da seleção; CVg: coeficiente de variação genético; CVe: coeficiente de variação residual; Iv: índice de variação relativa (CVg/CVe); AP: altura da planta (cm); AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); DC: diâmetro do caule (cm); NFC número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NNSF: número de nós sem fruto; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: produtividade (t/ha); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); TSS: conteúdo de sólidos solúveis (°Brix); EP: espessura da polpa (cm).

Outro parâmetro útil para a seleção é o índice de variação relativa (Iv), que reflete a relação entre o CVg e o CVe e expressa a proporção da variação devida a causas genéticas. Valores iguais ou superiores a 1 indicam um bom potencial para inferências precisas e aumento das chances de sucesso na seleção de genótipos com características específicas (Resende e Duarte, 2007; Cruz et al., 2014). No presente estudo, as magnitudes de Iv variaram de 0,46 para NNSF a 4,05 para CCO. Características como CCO, CF, PMF, DF, EP, FP, TSS, PROD,

AIPF, AP e DCO apresentaram magnitudes superiores a 1, sugerindo elevado potencial genético para seleção. As demais características, NNSF, DC, NFD, FF e NFC, apresentaram magnitudes abaixo de 1, indicando ganhos genéticos satisfatórios, uma vez que magnitudes acima de 0,50 já são consideradas indicativas de uma maior contribuição da variação genética para o processo de seleção (Ferreira et al., 2016b).

Os coeficientes de herdabilidade em sentido amplo (h^2g) variaram entre as características, refletindo diferentes níveis de controle genético sobre a variação fenotípica observada. Características como CF apresentaram a maior herdabilidade (0,94), seguidas por CCO e PMF, com valores superiores a 0,90. Isso significa que essas características são amplamente controladas pela variância genética, facilitando ganhos rápidos e consistentes por meio da seleção. Por outro lado, características como NNSF e DC apresentaram os menores valores de herdabilidade (0,17 e 0,21, respectivamente), sugerindo maior influência do ambiente. Para essas características, o progresso genético será mais lento e poderá exigir abordagens como cruzamentos dirigidos e avaliações em diferentes ambientes.

A herdabilidade foi classificada por Resende (2002), sendo considerada baixa ($h < 0,15$), mediana ($0,15 < h < 0,50$) e de alta magnitude ($h > 0,50$). Com exceção do NNSF, todas as características nesse estudo apresentaram altas magnitudes de herdabilidade. As características com maiores magnitudes herdabilidade foram CCO, CF e PMF, que apresentaram magnitudes de 0,98, enquanto NNSF teve a menor magnitude, de 0,46. A herdabilidade é um parâmetro importante, pois indica a proporção da variação fenotípica atribuível à variação genética, ou seja, o quanto da variação observada é herdável (Ramalho e Vencovsky, 1978; Falconer, 1981; Resende e Duarte, 2007; Barros et al., 2017).

A acurácia da seleção ($Ac.$), que mede a confiabilidade das estimativas genéticas, apresentou valores elevados para a maioria das características, variando entre 0,68 para NNSF e 0,99 para PMF, CCO e CF. Esses valores indicam alta precisão nas estimativas genéticas, reforçando o potencial dessas características em programas de melhoramento. A acurácia reflete a correlação entre os valores genotípicos reais e os valores estimados a partir dos dados experimentais (Henderson, 1984; Resende e Duarte, 2007). Valores de acurácia próximos a 1 são desejáveis, pois indicam uma forte correlação, resultando em

menores desvios entre os valores genéticos reais e estimados. No estudo em questão, a média de acurácia foi de 0,89, considerada alta, sugerindo que o delineamento experimental foi bem estruturado e que os resultados são confiáveis.

Os resultados sugerem que características como PMF, PROD, CF e CCO apresentam alto potencial para ganhos genéticos, em razão da alta variância genética, da herdabilidade elevada e da acurácia, próxima de 1. Essas características estão diretamente relacionadas ao desempenho produtivo e à qualidade dos frutos, sendo de grande interesse para programas de melhoramento. Em contraste, características como DC e NNSF, que apresentam baixa herdabilidade e acurácia moderada, podem exigir mais repetições e diferentes condições experimentais para aumentar a confiabilidade da seleção.

5.4 Heterose varietal

Para a análise de heterose varietal, os genótipos foram organizados em três grupos com base nos dendrogramas (Figura 2). Assim, foram definidos os seguintes grupos: (I) Formosa, (II) Intermediários e (III) Solo. Para a avaliação do potencial dos novos híbridos, foram utilizados como variedades padrão os híbridos Vitória e Candy para os genótipos classificados como Formosa e Intermediários, e para os genótipos classificados como Solo, a variedade padrão foi a cultivar Aliança.

No grupo Formosa, 66,25% dos genótipos apresentaram heterose positiva para 16 características, quando comparados ao híbrido Candy, incluindo AIPF, NFC, NFD, NNSF, PMF, PROD, FF, FP, CF, DF, CCO, DCO e EP. No entanto, para a característica TSS, nenhum genótipo superou o Candy. Já para AP, AIPF e NFD, a seleção favoreceu aqueles com heterose negativa. Em relação ao híbrido 'Vitória', 44% dos genótipos exibiram heterose positiva para características como AP, AIPF, DC, NFC, NNSF, PMF, PROD, FP, TSS, DF, CCO, DCO e EP.

No grupo Intermediário, 37,5% dos genótipos apresentaram heterose positiva ao serem comparados ao Candy, destacando-se nas características AP, AIPF, DC, NFC, NFD, NNSF, PROD, FF, FP, TSS, DF, DCO e EP. Quando comparados ao Vitória, 40,63% dos genótipos mostraram heterose positiva,

especialmente em AP, AIPF, DC e TSS, indicando plantas mais altas e frutos mais doces. Outras características que se destacaram foram NFC, PROD, FP e DCO.

No grupo Solo, 34,38% dos genótipos apresentaram heterose positiva para AP, DC, NFC, NFD, PROD, TSS e DCO, quando comparados à cultivar Aliança. Para as demais características, incluindo AIPF, NNSF, PMF, FF, FP, CF, DF, CCO e EP, todos os valores de heterose foram negativos.

Os valores de heterose dos 18 genótipos analisados nos três grupos foram representados nas Figuras 5, 6 e 7, considerando as principais características da cultura do mamoeiro, incluindo NFC, PMF, FF, FP e TSS.

No grupo Formosa, o genótipo UC74 foi o único a apresentar heterose positiva para NFC, tanto em relação ao 'Vitória' quanto ao Candy. No grupo Intermediário, os genótipos UC01r 02, UC60, UC59 e UC31 se destacaram com heterose positiva, enquanto o UC30 apresentou esse desempenho apenas em relação ao Vitória. No grupo Solo, o UC53 foi o único a exibir heterose positiva em relação à cultivar Aliança (Figura 4).

Para a característica PMF, os genótipos UC74, Vitória 01, UC73 e T2-1 mostraram heterose positiva para ambas as variedades padrão. O T2-2 teve heterose positiva apenas em relação ao 'Candy'. No entanto, nos grupos Intermediário e Solo, nenhum genótipo apresentou heterose positiva para essa característica (Figura 4).

Na característica PROD, os genótipos UC74, Vitória 01 e S31X1-3 4 apresentaram heterose positiva para os dois híbridos. Já os genótipos T2-2 e T2-1 exibiram heterose positiva apenas quando comparados ao Candy. No grupo Solo, o UC53 foi o único genótipo a demonstrar heterose positiva em relação à cultivar Aliança (Figura 5).

Em relação à característica FF, todos os genótipos dos grupos Formosa e Intermediário tiveram heterose positiva em comparação ao Candy, mas heterose negativa quando comparados ao Vitória. Já no grupo Solo, nenhum genótipo superou a cultivar Aliança (Figura 5).

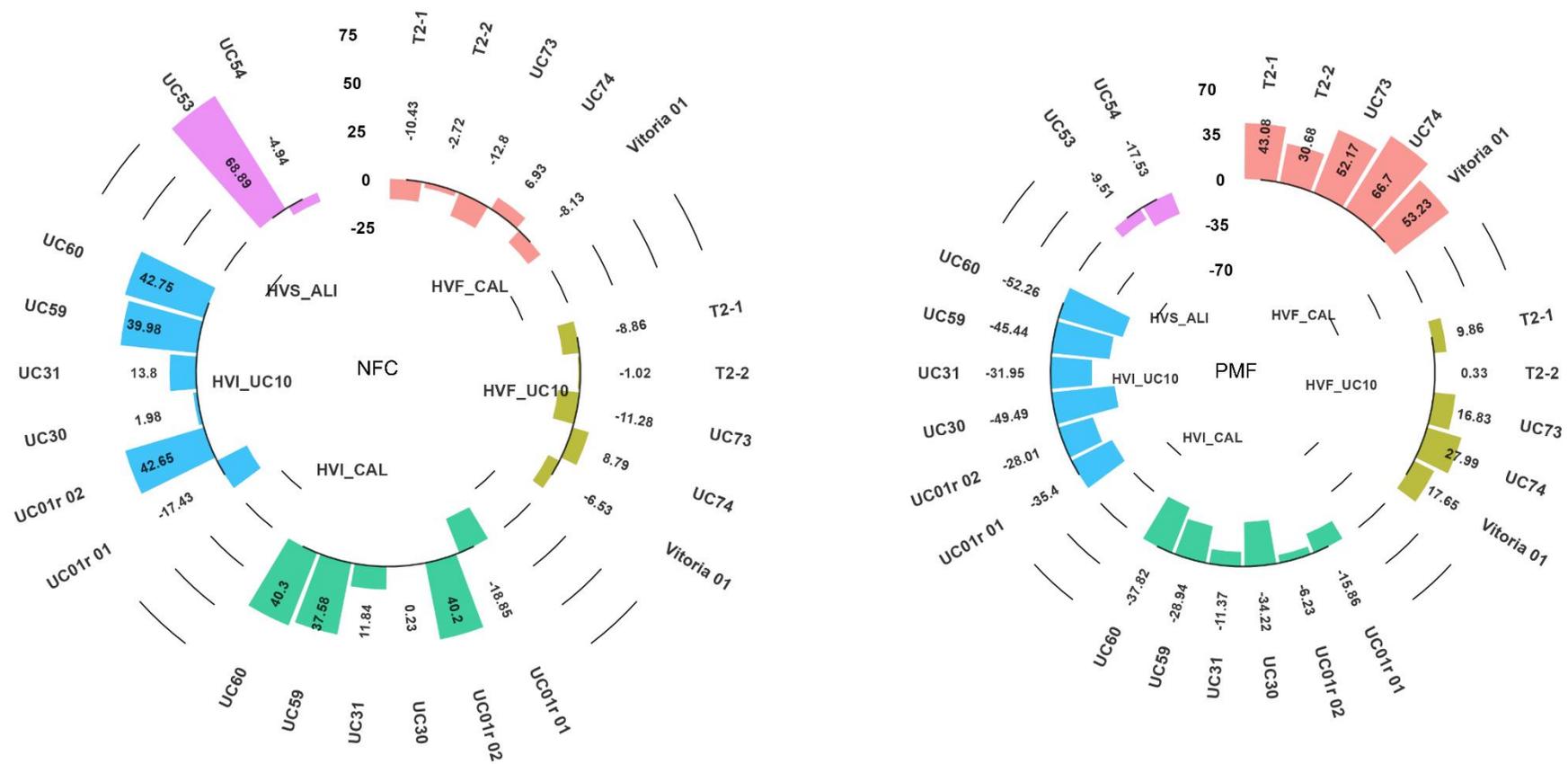


Figura 4. Estimativas de heterose varietal com base nos híbridos comerciais ‘Candy’ (CAL), ‘Vitória’ (UC10) e ‘Aliança’ (ALI), para as características número de frutos comerciais (NFC), e peso médio de fruto (PMF), nos três grupos formosa (F), Intermediário (I) e solo (S).

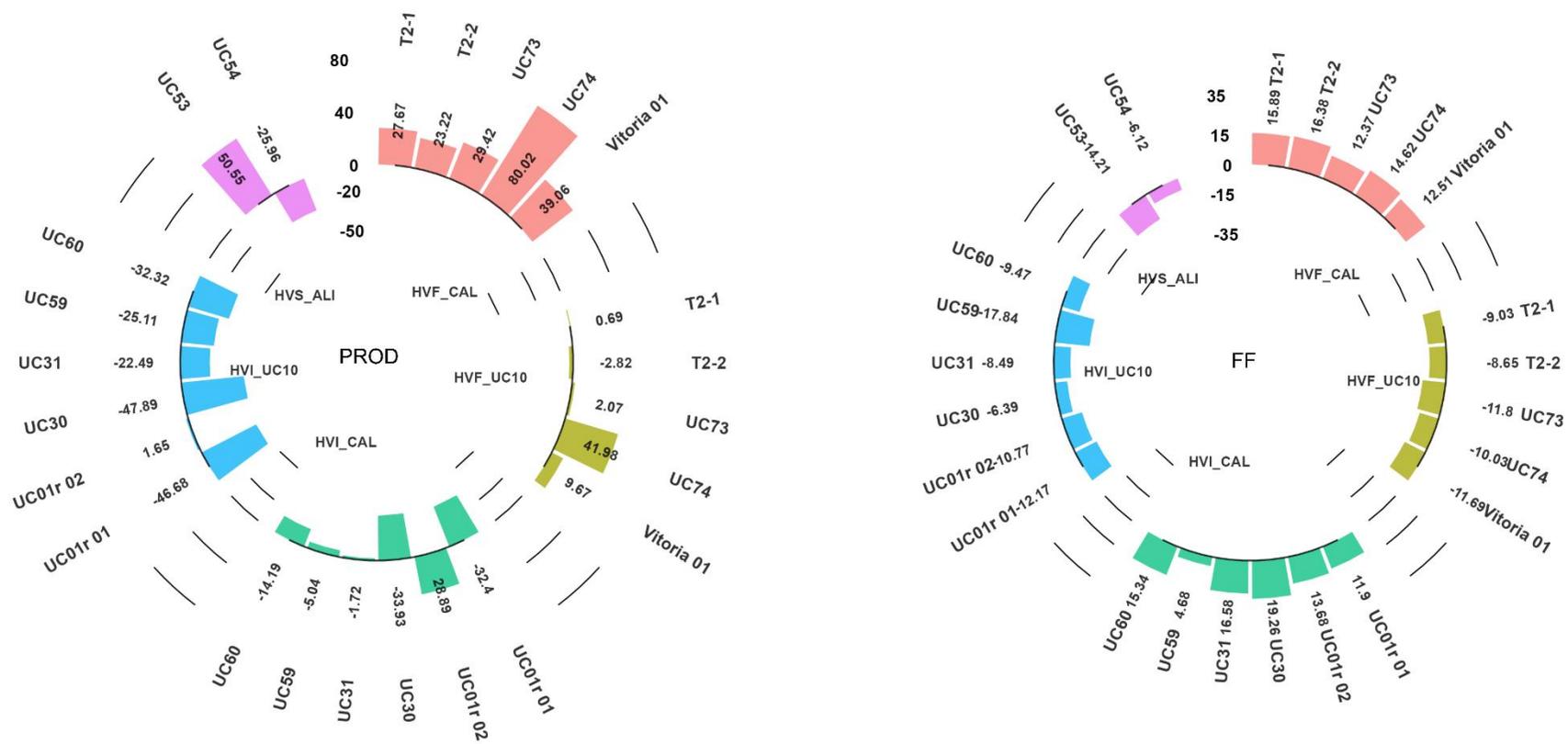


Figura 5. Estimativas de heterose varietal com base nos híbridos comerciais ‘Candy’ (CAL), ‘Vitória’ (UC10) e ‘Aliança’ (ALI), para as características produtividade (PROD), e firmeza de fruto (FF), nos três grupos formosa (F), Intermediário (I) e solo (S).

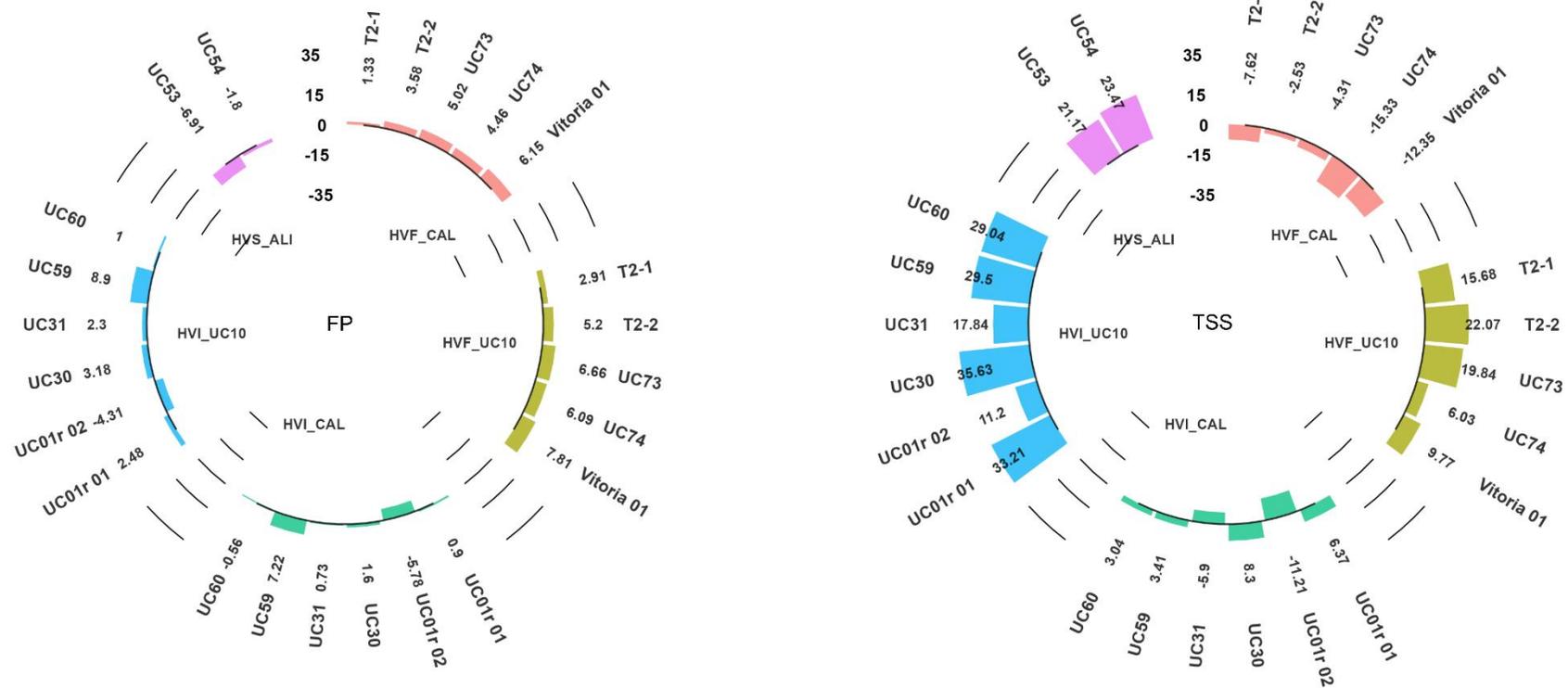


Figura 6. Estimativas de heterose varietal com base nos híbridos comerciais ‘Candy’ (CAL), ‘Vitória’ (UC10) e ‘Aliança’ (ALI), para as características firmeza de polpa (FP), e teor de sólidos solúveis (TSS), nos três grupos formosa (F), Intermediário (I) e solo (S).

Para a característica FP (Figura 6), todos os genótipos do grupo Formosa apresentaram heterose positiva em relação aos dois híbridos testados. No grupo Intermediário, os genótipos UC59 e UC30 demonstraram heterose positiva para Vitória e Candy, enquanto UC60 e UC01r 01 tiveram heterose positiva apenas para Candy.

Por fim, na característica TSS (Figura 6), todos os genótipos do grupo Formosa exibiram heterose positiva quando comparados ao Vitória, mas heterose negativa em relação ao Candy. No grupo Intermediário, os genótipos UC60, UC59, UC30 e UC01r 01 apresentaram heterose positiva para ambos os híbridos, enquanto UC01r 02 e UC31 superaram o Vitória. No grupo Solo, os genótipos UC53 e UC54 foram os que se destacaram com heterose positiva em relação à cultivar Aliança.

5.5 Análise de variáveis principais

A análise dos genótipos, considerando suas características, foi representada por um gráfico de dispersão bidimensional, em que os dois primeiros componentes principais explicaram 70,7% da variação total dos dados (Figura 7). Segundo Yang et al. (2009), uma variação explicada superior a 60% pelos dois primeiros componentes garante uma interpretação confiável. A análise dos componentes principais tem se mostrado uma ferramenta eficaz para investigar as relações entre diversas características da cultura do mamoeiro, como demonstrado em estudos de Vetorazzi et al. (2020), Santa Catarina et al. (2022) e Santana et al. (2022).

A distribuição dos genótipos nos quatro setores do gráfico reflete a diversidade fenotípica observada. O eixo x, responsável por 58,4% da variação total, é o principal fator de separação entre os genótipos. O eixo y, que contribui com 11%, complementa a análise, capturando variações adicionais. Essa organização permite identificar genótipos mais associados às características avaliadas, oferecendo informações valiosas para decisões em programas de seleção e melhoramento.

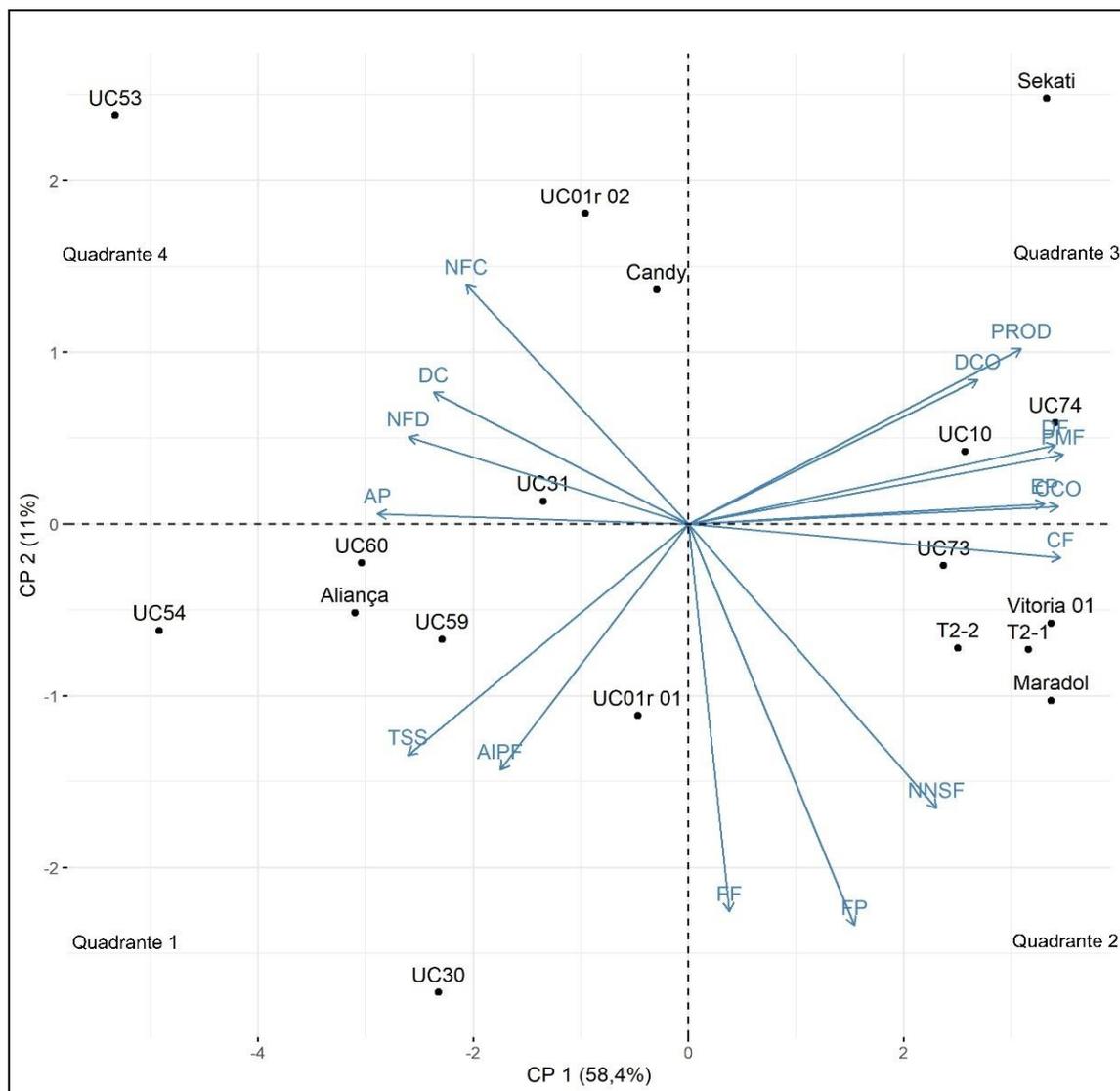


Figura 7. Gráfico bidimensional da análise de componentes principais incluindo as 16 características e 18 genótipos avaliados. DC: diâmetro do caule (cm); NFC: número de frutos comerciais; NNSF: nós sem frutos; NFD: número de frutos deformados; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: Produção de frutos (t/ha); FF: firmeza do fruto (N); FP: firmeza da polpa (N); TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix); CF: comprimento do fruto (cm); DF: diâmetro do fruto (cm); CCO: comprimento da cavidade ovariana (cm); DCO: diâmetro da cavidade ovariana (cm); EP: espessura da polpa (cm).

As interações entre as características e os genótipos, observadas no gráfico, destacam relações importantes. No quadrante 1, os genótipos UC01r 01, UC30, Aliança e UC54 se destacam, apresentando forte associação com as variáveis TSS e AIPF. Esses genótipos, com altos valores para essas características, são promissores para seleção, caso esses atributos sejam prioritários. No quadrante 2, situam-se genótipos como Maradol, Vitória, T2-2, T2-1

1 e Vitória 01, que estão mais próximos do centro do gráfico, sugerindo uma leve associação com variáveis como NNSF, FF, FP e DF.

No quadrante 3, os genótipos UC73, UC74 e Sekati apresentam uma associação oposta às variáveis predominantes no eixo CP1, como TSS e AIPF, indicando valores baixos para essas características. Este quadrante está mais relacionado com variáveis como PROD, DCO, PMF, DF, CCO e EP. Por fim, no quadrante 4, os genótipos UC53, UC01r 02, UC31, UC59, UC60 e 'Candy' se associam às características NFC, DC, AP e NFD.

5.6 Índice de seleção combinada

Neste estudo, os dez melhores híbridos foram ranqueados e selecionados pelo Índice de Seleção Combinada (ISC), proposto por Ramos et al. (2014). Os resultados evidenciam o potencial de ganhos genéticos, especialmente para seis características consideradas mais relevantes para a cultura: NFC, PMF, PROD, FF, FP e TSS (Tabela 6).

A seleção foi realizada com base nos componentes de média preditos pelo BLUP, uma vez que os valores genotípicos ($u+g$) são mais indicados para programas de melhoramento de plantas, pois representam os verdadeiros valores a serem preditos (Viana e Resende, 2014). O uso de Modelos Mistos permite estimativas mais precisas dos ganhos genéticos ao considerar apenas a variação genotípica, eliminando os efeitos ambientais (Resende, 2016; Oliveira et al., 2012). No entanto, a avaliação isolada de características pode dificultar a identificação dos melhores genótipos. Dessa forma, a aplicação de índices de seleção, como o ISC, é fundamental para integrar múltiplas características desejáveis, facilitando a escolha dos genótipos.

Tabela 6. Ranqueamento dos genótipos e valores genotípicos (u+g) para as seis características mais relevantes para a cultura do mamoeiro.

Genótipos	NFC	PMF	PROD	FF	FP	TSS	Somatório
UC74	43,59	1978,99	147,04	126,41	91,19	9,22	497,60
UC01r 02	52,04	1237,24	127,05	125,78	86,30	9,61	489,73
T2-2	41,14	1714,83	122,00	127,61	90,48	10,45	483,90
Vitória 01	39,77	2006,61	136,10	128,63	92,57	9,50	482,93
UC73	38,58	1992,84	127,52	124,89	91,65	10,28	476,77
T2-1	39,19	1875,32	125,96	127,28	88,64	9,96	472,26
UC60	52,06	828,48	88,70	126,91	87,11	10,98	469,01
UC59	51,37	943,46	92,88	122,96	93,45	11,02	466,53
UC31	44,84	1170,80	99,81	127,75	88,15	10,12	447,32
UC53	57,03	556,06	71,61	123,46	80,24	11,64	437,11
UC30	41,89	875,13	71,13	129,57	93,40	11,49	431,70
UC01r 01	37,05	1112,72	72,50	124,56	88,30	11,30	414,66
UC54	39,29	508,90	39,23	124,25	84,31	11,84	370,18
Vitória	41,40	1709,24	125,18	126,74	86,31	8,75	
Candy	41,83	1317,87	101,33	116,48	87,56	10,69	
Aliança	40,47	611,95	51,70	125,66	85,75	9,79	

NFC: número de frutos comerciais; PMF: peso médio de frutos; PROD: produtividade; FF: firmeza de fruto; FP: firmeza de polpa; TSS: teor de sólidos solúveis.

Com base no desempenho agrônomico e utilizando uma intensidade de seleção de 15%, foram selecionados dois híbridos: UC01r 02, com base no ISC, e o híbrido UC53, por meio da seleção direta para as características PMF e PROD. Apesar de o híbrido UC74 ter ocupado a primeira posição no ranqueamento e apresentar boas características agrônomicas, não foi selecionado em razão do seu elevado PMF, que não atende aos padrões exigidos pelo mercado consumidor.

O híbrido UC01r 02 demonstrou desempenho superior em relação às testemunhas Vitória e Candy, evidenciando seu potencial de seleção. Em relação à produtividade (PROD), o UC01r 02 atingiu 127,05 t/ha, superando a testemunha Candy em 25,4% e Vitória em 1,5%. Além disso, apresentou um PMF de 1237,24 g, representando um incremento de 5,3% em relação à cultivar Candy (1175,24 g) e de 38,7% sobre a Vitória (892,13 g), indicando frutos com peso adequado ao mercado consumidor.

Quanto ao NFC, o híbrido UC01r 02 superou a testemunha Vitória em 25,7% e a Candy em 24,4%. Já nas características FF, FP e TSS, o híbrido apresentou valores dentro dos padrões de qualidade exigidos pelo mercado. Com base nesse desempenho, o híbrido UC01r 02, embora tenha ocupado a segunda posição no ranqueamento, destacou-se como a melhor opção de seleção por reunir atributos desejáveis tanto para o mercado interno quanto para o externo, incluindo bom tamanho de fruto, boa firmeza e rendimento satisfatório.

O híbrido UC53, por sua vez, também apresentou desempenho expressivo em relação à testemunha Aliança. Embora o peso médio de fruto seja inferior (556,06 g), essa característica é compensada por um NFC elevado (57,03), o que representa um aumento de 40,9% em relação à cultivar Aliança (40,47), o que reflete positivamente em PROD, que atingiu 71,61 t/ha, evidenciando desempenho de 38,5% sobre Aliança (51,70 t/ha). O híbrido UC53 se destaca como um potencial concorrente à testemunha Aliança, especialmente em sistemas de produção que valorizam maior produtividade e alto TSS (11,64 °Brix), que é 18,9% superior à Aliança (8,75 °Brix), o que pode ser um diferencial no mercado consumidor.

A seleção dos híbridos UC01r 02 e UC53 pode contribuir para a cultura do mamoeiro no Brasil, tendo em vista que esses híbridos atendem às exigências do mercado e às condições de cultivo nacionais. Além disso, oferecem maior rendimento, qualidade de fruto e potencial de aceitação comercial. Dada a performance agrônômica positiva, ambos os híbridos podem ser encaminhados para estudos de análise sensorial, etapa essencial para validar a aceitação dos frutos no que concerne ao sabor, textura e aroma, consolidando seu potencial para lançamento comercial.

6. CONCLUSÃO

Os híbridos avaliados apresentaram variabilidade genética suficiente para a seleção de híbridos com características agronômicas superiores. Em relação à heterose varietal, os híbridos do grupo Formosa evidenciaram maior potencial em produtividade e qualidade de frutos em comparação com as cultivares comerciais Vitória, Candy e Aliança.

O uso do Índice de Seleção Combinada permitiu a identificação do híbrido UC01r 02 como o material com melhor desempenho agronômico. Já a seleção direta foi eficaz na escolha do híbrido UC53, pertencente ao grupo Solo, com base nas características de peso médio de fruto e produtividade.

Dessa forma, recomenda-se a seleção dos híbridos UC01r 02 e UC53, que apresentam desempenho satisfatório e superior às testemunhas comerciais, podendo ser indicados para etapas avançadas de avaliação, como testes de análise sensorial e validação comercial.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Ara, N., Moniruzzaman, M., Be, F., Khatoon, R. (2016) Genetic divergence analysis in papaya (*Carica papaya* L.) genotypes. *Bangladesh Journal of Agricultural Research*, 41(4), 647-656.
- Araújo, F.S., Carvalho, C.R., Clarindo, W.R. (2010) Genome size, base composition, and karyotype of *Carica papaya* L. *The Nucleus*, 53(1-2): 25-31.
- Aravind, G., Bhowmik, D., Duraivel, S., Harish, G. (2013) Traditional and medicinal uses of *Carica papaya*. *Journal of Medicinal Plants Studies*, 1(1): 7-15.
- Arkle Junior, T.D., Nakasone, H.Y. (1984) Floral differentiation in the hermaphroditic papaya. *HortScience*, 19: 832–834.
- Arumuganathan, K., Earle, E.D. (1991) Nuclear DNA content of some important plant species. *Plant Molecular Biology Reporter*, 9(3): 208-218.
- Aryal, R., Ming, R. (2014) Sex determination in flowering plants: Papaya as a model system. *Plant Science*, 217-218, 56-62.
- 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.
- Barbosa, C.D., Viana, A.P., Quintal, S.S.R., Pereira, M.G. (2011) Artificial neural network analysis of genetic diversity in *Carica papaya* L. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 11: 224-231.
- Bered, F., Carvalho, F.I.F., Barbosa Neto, J.F. (2000) Variabilidade genética em trigo. *Biotecnologia, Ciência e Desenvolvimento*, 14: 22-25.
- Bispo, R.B. (2023) Avaliação e seleção de novos híbridos de mamoeiro: explorando a capacidade específica de combinação, heterose varietal e perfil molecular. Tese (Doutorado em Produção Vegetal), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF, Campos dos Goytacazes, 92p.
- Borém, A., Miranda, G.V. (2013) *Melhoramento de plantas*. 6ª ed. rev. e ampl. Viçosa, MG: Ed. UFV, 523p.
- Borém, A., Miranda, G.V., Fritsche-Neto, R. (2017) *Melhoramento de plantas*. Editora UFV, Viçosa, 7ª ed., 543p.
- Cardoso, D.L., Luz, L.N. da, Macêdo, C.M.P. de, Gonçalves, L.S.A., Pereira, M.G. (2014) Heterosis in papaya: inter and intragroup analysis. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 36: 610-619.
- Carvalho, F.A., Renner, S.S. (2012) The phylogeny of the *Caricaceae*. In: Ming, R., Moore, P.H. (Eds.). *Genetics and genomics of papaya*. Springer, Heidelberg.
- 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. *Annals of Botany*, 118: 1293–1306.
- Cortes, D.F.M., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Ramos, H.C.C., Viana, A.P., Pereira, M.G. (2019) Development of superior lines of papaya from the

- Formosa group, using the pedigree method and REML/BLUP procedure. *Bragantia*, 78: 1–11.
- Costa, A.F.S., Dantas, J.L.L., Pereira, M.G., Cattaneo, L.F., Costa, A.N., Moreira, S.O. (2013) Botânica, melhoramento e variedades. *Inf. Agropecuário*, Belo Horizonte, 34: 14–24.
- 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, 514p.
- Damasceno Junior, P.C., Pereira, T.N.S., Pereira, M.G., Silva, F.F., Souza, M., Nicoli, R. (2009) Preferential reproduction mode of hermaphrodite papaya plant. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 31(2): 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.) no final do verão e início da primavera. *Revista Ceres*, 55(4): 310-316.
- Dantas, J.L.L. (2000) Introdução. In: Trindade, A.V. *Mamão Produção: aspectos técnicos*. 1ª ed. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, p. 9.
- 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., Lima, J.F. (2001) Seleção e recomendação de variedades de mamoeiro: avaliação de linhagens e híbridos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 3: 617-621.
- Dantas, J.L.L., 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., Oliveira, E.J. (2009) Avanços no melhoramento de papaya. In: *Congresso Argentino de Horticultura*, 32.; *Simpósio Latino Americano de*

Fruticultura Tropical, 1., Salta. Anais.. Salta: Instituto Nacional de Tecnologia Agropecuária.

East, E.M. (1936) Heterosis. *Genetics*, 21(4): 375-397.

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.

Evans, E., Ballen, F. (2014) Assessing the intensity of market competition in the US Papaya Import Market. *Journal of Food Distribution Research*, 45(2): 1-13.

Fabi, J.P., Peroni, F.H.G., Gomez, M.L.P.A. (2010) Papaya, mango and guava fruit metabolism during ripening: postharvest changes affecting tropical fruit nutritional content and quality. *Fresh Produce*, 4(1): 56-66.

Falconer, D.S. (1981) *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa, MG: UFV, 279p. (Tradução: Silva, M.A. & Silva, J.C.).

Falconer, D.S. (1987) *Introdução à genética quantitativa*. 2. ed. Viçosa, MG: UFV, 279p.

FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2021) Crops production. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data>. Acesso em: 02 fev. 2025.

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. (2016) Seleção recorrente intrapopulacional em maracujazeiro-azedo via modelos mistos. *Revista Brasileira de Fruticultura* 38:158-166.

Fioravanço, J.C., Paiva, M.C., Carvalho, R.D., Manica, I. (1994) Características do mamão 'Formosa' comercializado em Porto Alegre de outubro/91 a junho/92. *Ciência Rural*, 24(3): 519-522.

- Fioravanço, J.C., Paiva, M.C., Carvalho, R.I.N., Manica, I. (1992) Qualidade do mamão 'Solo' comercializado em Porto Alegre de outubro/91 a junho/92. *Revista Ciência Agronômica*, 27(1): 67-71.
- Fisher, R.A. (1936) The Use of Multiple Measurements in Taxonomic Problems. *Annals of Eugenics*, 7, 179-188.
- Fu, D., Xiao, M., Hayward, A., Jiang, G., Zhu, L., Zhou, Q., Li, J., Zhang, M. (2014) What is crop heterosis: new insights into an old topic. *Journal of Applied Genetics*, 56: 1-13.
- García Ramos, F.J., Valero Ubierna, C., Homer, I., Ortiz-Cañavate Puig-Mauri, J., Ruiz-Altisent, M. (2005) Non-destructive fruit firmness sensors: A review. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 3(1): 61-73.
- Hazel L. N., Lush J. L. (1942) The efficiency of three methods of selection. *J. Hered.* 33: 393- 399.
- Hazel, H.N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28(6): 476-490.
- Henderson, C.R. (1984) *Applications of linear models in animal breeding*. University of Guelph, Guelph. 462 p.
- IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. (2024) Acesso em: 02 fev. de 2025.
- Ide, C.D., Pereira, M.G., Viana, A.P., Pereira, T.N.S. (2009) Use of testers for combining ability and selection of papaya hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9: 60-66.
- Kader, A.A. (1999) Fruit maturity, ripening, and quality relationships. *Acta Horticulturae*, 485: 203-208.
- Kaeppler, S. (2012) Heterosis: many genes, many mechanisms—end the search for an undiscovered unifying theory. *International Scholarly Research Network*.

- Kim, H.S., Ward, R.W. (1997) Genetic diversity in Eastern U.S. soft winter wheat (*Triticum aestivum* L.) based on RFLPs and coefficient of parentage. *Theoretical and Applied Genetics*, 94:472-479.
- Krishna KL, Paridhavi M, Jagruti AP (2008) Review on nutritional, medicinal and pharmacological properties of Papaya (*Carica papaya* Linn.). *NPR*, 7: 364-373.
- Lako, J., Trenerry, V.C., Wahlqvist, M., Wattanapenpaiboon, N., Sotheeswaran, S., Premier, R. (2007) Phytochemical flavonols, carotenoids and the antioxidant properties of a wide selection of Fijian fruit, vegetables and other readily available foods. *Food Chemistry*, **101**: 1727-1741.
- Liao Z, Yu Q, Ming R (2017) Development of male-specific markers and identification of sex reversal mutants in papaya. *Euphytica*, 213:53
- Liao, Z., Zhang, X., Zhang, S., Lin, Z., Zhang, X., Ming, R. (2021) Structural variations in papaya genomes. *BMC genomics*, 22(1), 1-13.
- Luciano-Rosario, D., Cruz-Saavedra, L.A., Siritunga, D. (2018) Genetic Diversity of Puerto Rican Farmer-held Papaya (*Carica papaya*) Using SSR Markers. *Hortscience*, 53(8):1109-1114.
- 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. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 37: 159–171.
- Luz, L.N., Santa-Catarina, R., Barros, G.B., Barros, F.R., Vettorazzi, J.C.F., Pereira, M.G. (2018a) Adaptability and stability of papaya hybrids affected by production seasonality. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 18(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. (2018b) Sensory acceptance and qualitative analysis of fruits in papaya hybrids. *An Acad Bras Cienc*, 90: 3693–3703.
- Maia, M.C.C., Vello, N.A., Rocha, M. de M., Pinheiro, J.B., Silva Júnior, N.F. da. (2006) Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja

selecionadas para caracteres agronômicos através de método uni-multivariado. *Bragantia*, 65: 215-226.

Marin, S.L.D., Pereira, M.G., Amaral Junior, A.T., Marteletto, L.A.P., Ide, C.D. (2006a) Heterosis in papaya hybrids from partial diallel of Solo and Formosa parents. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 1:24-29.

Marin, S.L.D., Pereria, M.G., Amaral Junior, A.T., Marteletto, L.A.P., Ide, C.D. (2006b) Partial diallel to evaluate the combining ability for economically important traits of papaya. *Scientia Agricola*, 6:540-546.

Ming, R., Yu, Q., 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.

Miranda, D.P., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Santana, J.G.S., Pastana De Sousa Poltronieri, T.P.S. (2022) Topcross hybrids in papaya (*Carica papaya* L.): evaluation of the potential for increasing fruit quality in new cultivars. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 68(11): 1473–1486.

Mojena, R. (1977) Hierarchical grouping methods and stopping rules: An evaluation. *Comp J*, 20: 359–363.

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, S.O., Kuhlcamp, K.T., Barros, F.L.S., Zucoloto, M., Godinho, T.O (2019) Selection index based on phenotypic and genotypic values predicted by REML/BLUP in Papaya. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 41(1):1-7.
- Nascimento, A. L., Schimildt, 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.
- Oliveira, A.M.G., Caldas, R.C., Medina, V.M., Oliveira, G.X.S., Quadros, W.S. (2007) Desenvolvimento vegetativo e qualidade dos frutos de mamoeiro ‘Sunrise Solo’ em função de doses de nitrogênio, fósforo e potássio. *Magistra*, 19(1): 69-75.
- Oliveira, E.J., de Lima, D.S., 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. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 45: 855-862.
- Oliveira, E.J., Fraife Filho, G.A., Freitas, J.P.X., Dantas, J.L.L., Resende, M.D.V. (2012) Plant selection in F2 segregating populations of papaya from commercial hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 12(3): 191-198.
- Organização das Nações Unidas (ONU). (2015) Agenda 2030 para o Desenvolvimento Sustentável. Disponível em: <https://brasil.un.org/pt-br/91863-agenda-2030-para-o-desenvolvimento-sustentavel>. Acesso em: 02 fev. 2025.
- Paterson, A.H., Felker, P., Hubbell, S.P., Ming, R. (2008) The fruits of tropical plant genomics. *Tropical Plant Biology*, 1(1): 3-19.
- Pereira, M.G., Luz, L.N., Santa-Catarina, R., Ramos, H.C.C., Pereira, T.N.S., Barros, G.D.B., Ferregueti, G.A., Vivas, M., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Azevedo, A.O.N., Silveira, S.F., Oliveira, J.G., Viana, A.P. (2019c) ‘UC-10’: a new early ‘Formosa’ papaya cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 19(1): 131-134.
- Pereira, M.G., Luz, L.N.D., Santa-Catarina, R., Ramos, H.C.C., Pereira, T.N.S., Barros, G.D.B., Ferregueti, G.A., Cortes, D.F.M., Vettorazzi, J.C.F., Azevedo,

- A.O.N., Silveira, S.F., Oliveira, J.G., Viana, A.P. (2019a) 'UC14': a new papaya cultivar with intermediate fruit size. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19: 226-229.
- Pereira, M.G., Poltronieri, T.P.S., Pereira, T.N.S., Ramos, H.C.C., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J.C.F., Arêdes, F.A.S., Boechat, M.S.B., Venâncio, T.M., Azevedo, A.O.N., Cortes, D.F.M., Moreira, N.F., Bohry, D., Silveira, S.F., Vivas, M., Ferregueti, G.A. (2019b) Twenty-two-year papaya breeding program: from breeding strategy establishment to cultivar development. *Function Plant Breeding Journal*, 1: 9-27.
- 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 progênes 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.
- Plocharski, W.J., Konopacka, D., Zwierz, J. (2000) Comparison of Magness-Taylor's pressure test with mechanical, non-destructive methods of apple and pear firmness measurements. *International Agrophysics*, 14(3): 311-318
- 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.
- Quintal, S.S.R. (2009) *Caracterização e avaliação de um banco de germoplasma de mamoeiro para estudo dos parâmetros genéticos de diversidade genética*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense –UENF, 154f.

- Quintal, S.S.R., Viana, A.P., Gonçalves, L.S.A., Pereira, M.G., Amaral Júnior, A.T. (2012) Divergência genética entre acessos de mamoeiro por meio de variáveis morfoagronômicas. *Semina: Ciências Agrárias*, 33:131-142.
- R Statistical computing (2019) The R Project for Statistical Computing. From R: <https://www.r-project.org/>
- Ramalho, M.A.P., Vencovsky, R. (1978) Estimação dos componentes da variância genética em plantas autógamas. *Ciência e Prática*, 2(2): 117-140.
- Ramos, D.P., Silva, A.C., Leonel, S., Costa, S.M., Damatto Júnior, E.R. (2010) Production and fruit quality of 'Paluma' guava, submitted to different pruning seasons in a subtropical climate. *Revista Ceres*, 57(5): 659-664.
- 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.
- 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. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 50: 210–217.
- Resende, M.D.V. (2002) SELEGEN-REML/BLUP: computerized genetic selection; user handbook. Embrapa Florestas, Colombo, PR, Brazil.
- Resende, M.D.V. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16:330-339.
- Resende, M.D.V. de, Duarte, J.B. (2007) Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37(3): 182–194.

- Resende, M.D.V. de. (2004) *Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo*. Colombo: Embrapa Florestas, 57 p. (Embrapa Florestas. Documentos, 100).
- Resende, M.D.V. de. (2007) *Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético*. Colombo: Embrapa Florestas, 561p.
- Ribeiro, C.S. (2022) Seleção de híbridos de mamoeiro quanto à resistência à pinta-preta. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro -UENF, 83p.
- Rodrigues, A.S., Ramos, H.C.C., Miranda, D.P., Pirovani, A.A.V., Santa-Catarina, R., Duarte, R.P., Braga, C.S., Bohry, D., Pereira, M.G. (2021) Intra-genotypic variability in elite parent lines of papaya. *An Acad Bras Cienc*, 95(1).
- Rodrigues, R.E.S. (1998). Estimativa dos parâmetros genéticos e de resposta à seleção na população de arroz irrigado CNA1. Dissertação (Mestrado), Universidade Federal de Goiás, Goiânia-GO, 87p.
- Ruggiero, C., Marin, S.L.D., Durigan, J.F. (2011) Mamão, uma história de sucesso. *Rev. Bras. Frutic.*, Jaboticabal - SP, Volume Especial, E. 076-082, Outubro 2011.
- Ryder, P., McKeown, P.C., Fort, A., Spillane, C. (2014) Epigenetics and heterosis in crop plants. In: Alvarez-Venegas, R., De la Peña, C., Casas-Mollano, J. A. Epigenetics in Plants of Agronomic Importance: fundamentals and Applications: Transcriptional Regulation and Chromatin Remodelling in Plants. 2. ed. Chan: Springer, p. 13-31.
- Santa-Catarina, R. (2016) Capacidade combinatória, heterose de linhagens endogâmicas recombinantes e análise de imagens digitais em mamoeiro (*Carica papaya* L.). Dissertação (Mestrado), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 86 p.
- Santa-Catarina, R., Pereira, M.G., Vettorazzi, J.C.F., Cortes, D.F.M., Poltronieri, T.P.S., Azevedo, A.O.N., Moreira, N.F., Miranda, D.P., Moraes, R., Pirovani, A.A.V., Ramos, H.C.C., Vivas, M., Viana, A.P. (2020) Papaya (*Carica papaya*

- L.) S1 family recurrent selection: Opportunities and selection alternatives from the base population. *Scientia Horticulturae*, 260:108848.
- 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. (2020) 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, E.M., Cavalcante, Í.H.L., Silva Júnior, G.B. da, Albano, F.G. (2015) Impact of nitrogen and potassium nutrition on papaya (Pawpaw) fruit quality. *Bioscience Journal [online]*, 31(5): 1341–1348.
- Saran, P.L., Choudhary, R., Solanki, I.S., Patil, P., Kumar, S. (2015) Genetic variability and relationship studies in new Indian papaya (*Carica papaya* L.) germplasm, using morphological and molecular markers. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 39:310-321.
- Schnable, P.S., Springer, N.M. (2013) Progress toward understanding heterosis in crop plants. *Annual Review of Plant Biology*, 64: 71-88.
- Serrano, L.A.L., Cattaneo, L.F.O. (2010). O cultivo do mamoeiro no Brasil. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 32(3).
- Shull, G. H. (1952) Beginnings of the heterosis concept, *In: Gowen, J. W. Heterosis*. Iowa: Iowa State College Press, p. 14-48.
- 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, M.S., Leonel, S., Souza, J.M.A., Modesto, J.H., Ferreira, R.B., Bolfarini, A.C.B. (2018). Evaluation of papaya genotypes using agronomic descriptors and estimation of genetic parameters. *Bioscience Journal*, 34(4), 943-951.
- Smith, H. F. (1936) A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics London*, 7, 240-250.
- Storey, W.B. (1953) Genetics of the papaya. *Heredity* (Edinb) 44: 70–78.
- Tobar-Tosse, D.E., Castoldi, R., Candido, W. dos S., Ferraudo, A.S., Charlo, H.C. de O., Braz, L.T. (2015) Caracterização de genótipos de soja-hortaliça por análise de componentes principais. *Ciência Rural*, 45: 1214-1219.
- Trevisan, M.J., Jacomino, A.P., Cunha Junior, L.C., Alves, R.F. (2013) Aplicação de 1-metilciclopropeno associado ao etileno para minimizar seus efeitos na inibição do amadurecimento do mamão 'Golden'. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 35(2), 384-390.
- VanBuren, R., Zeng, F., Chen, C., Zhang, J., Wai, C.M., Han, J., Aryal, R., Gschwend, A.R., Wang, J., Na, J.K., Huang, L., Zhang, L., Miao, W., Gou, J., Arro, J., Guyot, R., Moore, R.C., Wang, M.L., Zee, F., Charlesworth, D., Moore, P.H., Yu, Q., Ming, R. (2015) Origin and domestication of papaya Yh chromosome. *Genome Research*, 25(4), 524-533.

- Vasconcelos, U.A.A., Dias, L.A.D.S., Corrêa, T.R., Rosmaninho, L.B.D.C., Silva, D.R.M.D., Zaidan, I.R. (2020) Estimates of genetic parameters and path analysis of crambe: An important oil plant for biofuel production. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 42, e42490.
- Vettorazzi, J.C.F., Santa-Catarina, R., Poltronieri, T.P. de S., Cortes, D.F.M., Azevedo, A.O.N., Miranda, D.P., Santana, J.G.S., Ramos, H.C.C., Pereira, M.G. (2021). Combining ability of recombined F₄ papaya lines: a strategy to select hybrid combination. *Scientia Agricola*, 78(2).
- Vivas, J.M.S., Vivas, M., Silveira, S.F.D. (2015) Efeito da temperatura sobre o crescimento e esporulação in vitro de fungos hiperparasitas de *Asperisporium caricae*. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 45(1): 73-81.
- Vivas, M., Cardoso, D.L., Ramos, H.C.C., Santos, P.H. D., Silveira, S. F., Moraes, R., Pereira, M.G. (2018) Genetic diversity between papaya lines and their correlation with heterosis in hybrids for disease resistance and morphoagronomic traits. *Summa Phytopathologica*, 44:110-115.
- 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., 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. (2013a) Prediction of genetic gain and progenies selection of papaya for resistance to black-spot. *Tropical Plant Pathology* 38:142-148.
- Voca, S., Dobričević, N., Dragović-Uzelac, V., Duralija, B., Družić, J., Čmelik, Z., Babojelić, M. S. (2008) Fruit quality of new early ripening strawberry cultivars in Croatia. *Food Technology & Biotechnology*, 46(3), 292-298.
- Wang, J., Na, J., Yu, Q., Gschwend, A.R., Han, J., Zeng, F., Aryal, R., VanBuren, R., Murray, J.E., Zhang, W., Navajas-Pérez, R., Feltus, F.A., Lemke, C., Tong, E.J., Chen, C., Wai, C.M., Singh, R., Wang, M.-L., Min, X.J., Alam, M.,

- Charlesworth, D., Moore, P.H., Jiang, J., Paterson, A.H., Ming, R. (2012) Sequencing papaya X and Y h chromosomes reveals molecular basis of incipient sex chromosome evolution. *Proc Natl Acad Sci*, 109: 13710–13715.
- Yang, W.-H., Zhu, X.-C., Bu, J.-H., Hu, G.-B., Wang, H.-C., Huang, X.-M. (2009). Effects of bagging on fruit development and quality in cross-winter off-season longan. *Scientia Horticulturae*, 120(2): 194-200.
- Zerpa-Catanho, D., Wai, J., Wang, M.L., Yu, L.A., Nguyen, J., Ming, R. (2019). Differential gene expression among three sex types reveals a MALE STERILITY 1 (CpMS1) for sex differentiation in papaya. *BMC Plant Biology*, 19: 1-22.
- Zielinski, A.A., Ávila, S., Ito, V., Nogueira, A., Wosiacki, G., Haminiuk, C.W. (2014) The association between chromaticity, phenolics, carotenoids, and in vitro antioxidant activity of frozen fruit pulp in Brazil: An application of chemometrics. *Journal of Food Science*, 79:510–516
- .

APÉNDICE

Tabela. Médias fenotípicas para as 16 características avaliadas, separadas de acordo com os grupos do dendrograma. Grupo 1: ‘Formosa’; Grupo 2: Intermediários e grupo 3: ‘Solo’.

Grupo 1																
Genótipos	AP	AIPF	DC	NFC	NFD	NNSF	PMF	PROD	FF	FP	TSS	CF	DF	CCO	DCO	EP
UC74	169,56	77,02	12,33	43,92	7,33	8,67	2195,43	182,07	127,13	91,41	9,09	26,89	12,58	21,50	6,20	3,19
T2-2	176,99	64,86	12,50	39,96	3,75	11,92	1721,03	124,62	129,08	90,64	10,47	25,22	11,98	19,21	5,30	3,34
Vitória 01	177,93	76,83	11,20	37,73	7,77	9,81	2018,02	140,64	124,79	92,89	9,41	25,49	12,80	18,01	6,31	3,25
UC73	200,28	100,35	12,77	35,82	5,56	8,25	2004,01	130,89	124,63	91,90	10,28	25,67	12,66	20,12	6,50	3,08
T2-1	177,61	90,10	12,11	36,79	3,96	13,54	1884,39	129,12	128,54	88,67	9,92	26,04	12,73	18,65	6,15	3,29
Vitória	184,72	64,71	11,18	40,37	8,37	11,57	1715,34	128,23	141,30	86,16	8,58	27,65	11,52	19,32	5,37	3,07
Sekati	180,29	82,99	11,62	33,72	4,72	5,26	2201,57	136,93	113,38	84,37	8,14	25,63	13,01	19,85	5,67	3,67
Maradol	193,00	71,03	11,94	32,08	3,75	13,54	1991,88	119,19	130,19	89,77	10,00	27,63	12,31	20,92	5,89	3,21
Médias	182,55	78,49	11,96	37,55	5,65	10,32	1966,46	136,46	127,38	89,47	9,49	26,28	12,45	19,70	5,92	3,26
Grupo 2																
Genótipos	AP	AIPF	DC	NFC	NFD	NNSF	PMF	PROD	FF	FP	TSS	CF	DF	CCO	DCO	EP
UC01r 02	217,79	97,55	13,57	57,59	7,58	2,67	1234,93	130,35	126,08	82,45	9,54	20,66	11,32	14,44	6,14	2,59
UC60	245,30	116,96	12,71	57,63	5,96	2,94	818,87	86,79	127,93	87,02	11,07	19,02	10,03	12,21	4,75	2,64
UC59	242,45	105,24	12,94	56,51	7,03	7,11	935,90	96,04	116,10	93,83	11,10	18,99	10,08	13,56	5,24	2,42
UC31	205,78	82,70	14,23	45,94	12,38	7,31	1167,30	99,40	129,30	88,14	10,11	19,38	11,23	13,76	5,45	2,89
CANDY	235,75	83,68	12,96	41,07	6,16	8,33	1316,99	101,14	110,91	87,51	10,74	22,42	11,19	17,36	5,96	2,61
UC30	213,49	124,27	13,14	41,17	9,46	7,46	866,35	66,82	132,27	88,90	11,63	20,11	9,96	13,59	4,67	2,64
UC01r 01	214,41	95,08	11,67	33,33	5,29	8,58	1108,18	68,37	124,11	88,30	11,42	22,03	10,70	15,69	5,74	2,48
Médias	225,00	100,78	13,03	47,60	7,69	6,34	1064,07	92,70	123,81	88,02	10,80	20,37	10,64	14,37	5,42	2,61
Grupo 3																
Genótipos	AP	AIPF	DC	NFC	NFD	NNSF	PMF	PROD	FF	FP	TSS	CF	DF	CCO	DCO	EP
UC53	224,47	81,21	14,39	65,66	14,49	4,08	541,58	67,37	108,01	79,65	11,80	13,56	9,09	9,42	5,00	2,04
Aliança	205,89	95,76	12,55	38,88	11,25	8,00	598,48	44,75	125,90	85,56	9,74	15,85	9,22	10,28	4,62	2,30
UC54	225,59	90,77	12,79	36,96	13,33	6,42	493,59	33,13	118,20	84,02	12,02	13,54	8,65	8,79	4,46	2,09
Médias	218,65	89,25	13,24	47,16	13,02	6,17	544,55	48,42	117,37	83,07	11,19	14,32	8,98	9,50	4,70	2,15