

**AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE PROGÊNIES S₁ DE MAMOEIRO PARA
PRODUÇÃO E QUALIDADE DE FRUTO**

LUCAS FERREIRA DE SOUZA

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

**CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
JULHO - 2026**

AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE PROGÊNIES S₁ DE MAMOEIRO PARA PRODUÇÃO E QUALIDADE DE FRUTO

LUCAS FERREIRA DE SOUZA

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

Orientador: Prof. Alexandre Pio Viana

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
JULHO – 2026

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

S729

Souza, Lucas Ferreira de.

Avaliação e Seleção de Progenies S_1 de Mamoeiro para Produção e Qualidade de Fruto / Lucas Ferreira de Souza. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2026.

85 f. : il.

Bibliografia: 59 - 70.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2026.
Orientador: Alexandre Pio Viana.

1. Diversidade genética. 2. Fenotipagem digital. 3. Modelos mistos. 4. Progenies S_1 . 5. Seleção combinada. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

AVALIAÇÃO E SELEÇÃO DE PROGÊNIES S₁ DE MAMOEIRO PARA PRODUÇÃO E QUALIDADE DE FRUTO

LUCAS FERREIRA DE SOUZA

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

Aprovada em 08 de julho de 2026.

Comissão Examinadora:



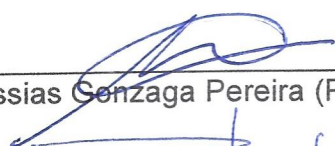
Documento assinado digitalmente

WILLIAN KRAUSE

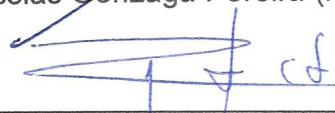
Data: 24/08/2026 21:05:14-0300

Verifique em <https://validar.itl.gov.br>

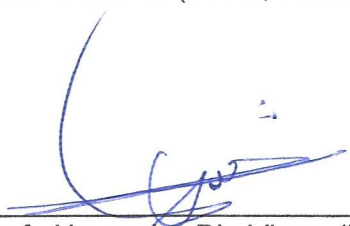
Prof. Willian Krause (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) – UNEMAT



Prof. Messias Genzaga Pereira (Ph.D., Plant Breeding) – UENF



Dr. Renato Santa-Catarina (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) – UENF



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

DEDICATÓRIA

Aos meus pais, Cleonice Ferreira e Raimundo Pereira,
e a minha tia Iraides Rodrigues, pelo incentivo e apoio sempre.

Esta conquista também é de vocês!

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela força, sabedoria e perseverança concedida ao longo desta caminhada;

Aos meus pais Cleonice e Raimundo, pelo amor, apoio incondicional, e compreensão em todos os momentos, especialmente em nunca medir esforços para que eu pudesse realizar meus sonhos, mesmo diante de desafios encontrados durante a trajetória;

A toda minha família, pelos conselhos e encorajamento constante;

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade da realização deste trabalho conjuntamente a obtenção do título de Mestre;

Ao meu orientador, Prof. Dr. Alexandre Pio Viana, pela orientação, ensinamentos e contribuições fundamentais para minha formação profissional;

Ao meu Coorientador, Doutor Renato Santa-Catarina, pelos valiosos conhecimentos compartilhados, pela dedicação, disponibilidade e constante orientação ao longo desta jornada, contribuindo de forma significativa para minha formação acadêmica, profissional e pessoal;

A empresa Caliman Agrícola S/A, pela infraestrutura, suporte financeiro e manutenção experimental, no qual foi essencial para a realização deste estudo, e aos funcionários da empresa pela recepção, atenção e acolhimento;

Aos meus amigos, Guilherme Santos, Antônio Louro, Kethily Maciel, Iasmyn Medeiros, Thatiane Silva, Helen Alves e Letícia Moamad, oferecendo apoio e motivação tornando os desafios mais leves com a amizade e companheirismo;

A todos os integrantes do grupo de Melhoramento de Fruteiras do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal - LMGV, Flávia Alves, Aline Valadão, Márcia Almeida, Samuel Tayo, Jocarla Ambrosim, Vivane Lanhellas, Clarissa Ribeiro e Daniel Okyere, pelos momentos de troca e descontração, promovendo uma caminhada harmônica;

Aos colegas do LMGV, Alex Rodrigues, Catiane Braga, Sylvia Dalong e Julio Vettorazzi, pela ajuda nas atividades de campo e laboratório, e conhecimentos compartilhados;

Ao secretário do programa de pós-graduação em genética e melhoramento de plantas, José Daniel, pela atenção e auxílio nos processos burocráticos acadêmicos;

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

MUITO OBRIGADO!

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Fluxograma do programa de seleção recorrente intrapopulacional em mamoeiro. Paralelamente à seleção recorrente, ocorre o avanço das linhagens S_1 até as gerações S_n , gerando linhagens superiores e/ou genitores para novos híbridos.18
- Figura 2.** Gráfico bidimensional para dois principais componentes. AP: altura da planta do caule. AIPF: altura da inserção do primeiro fruto. DC: diâmetro do caule. NFC: número de frutos comerciais. NSF: nós sem frutos. NFD: número de frutos deformados. PMF: peso médio dos frutos. PROD: Produção. FF: firmeza do fruto. FP: firmeza da polpa. TSS: teor de sólidos solúveis. CF: comprimento do fruto. DF: diâmetro do fruto. CCO: comprimento da cavidade ovariana. DCO: diâmetro da cavidade ovariana. EP: espessura da polpa. %VP: porcentagem de volume de polpa.42
- Figura 3.** Dendrograma obtido pelo método da ligação média entre grupos (UPGMA), com base na análise de 105 genótipos S_1 de mamoeiro, usando a distância média euclidiana padronizada para a análise de 17 características. K = coeficiente de correlação cofenética (0,64). distância mínima = 21,55. distância máxima = 1822,03. distância média = 330,20. distância de mojena = 187,97.45
- Figura 4.** Representação gráfica das médias de sete grupos para seis características importantes agronomicamente para a cultura do mamoeiro, avaliados na população UCP-C1 do segundo ciclo de seleção recorrente. a) PMF

– Peso médio de fruto. b) NFC – Número de frutos comerciais. c) PROD – Produção. d) FF – Firmeza do fruto. e) FP – Firmeza da polpa. f) TSS – Teor de sólidos solúveis.....	47
---	----

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Análise de Deviance (ANADEV) para 17 características morfoagronômicas avaliadas em 16 progênies S ₁ de mamoeiro.	28
Tabela 2. Estimativa dos componentes via REML e dos parâmetros genéticos associados às 17 características morfoagronômicas avaliadas em 16 genótipos de mamoeiro.	30
Tabela 3. Estatística descritiva para 17 características morfoagronômicas avaliadas em 16 progênies S ₁ de mamoeiro.	38
Tabela 4. <i>Eigen value</i> (EV), porcentagem da variância explicada (PVE), variância explicada acumulada (VEA) e <i>loading</i> das características para sete componentes principais.	40
Tabela 5. Ganhos genéticos e novas médias preditas para 17 características morfoagronômicas avaliadas em progênies S ₁ de mamoeiro obtidas por seleção entre famílias via ISC.	51
Tabela 6. Ganhos genéticos e novas médias preditas para 17 características morfoagronômicas avaliadas em genótipos S ₁ de mamoeiro obtidos por seleção dentro de progênies superiores via ISC.	54

SUMÁRIO

RESUMO	x
ABSTRACT	xii
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1 Geral	4
2.2 Específicos.....	4
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	5
3.1 Aspectos gerais da cultura.....	5
3.2 Importância econômica da cultura	7
3.3 Melhoramento genético do mamoeiro UENF-CALIMAN	8
3.4 Populações segregantes.....	10
3.5 Diversidade genética	12
3.6 Parâmetros genéticos	14
3.7 Índices de seleção	15
4. MATERIAL E MÉTODOS	17
4.1 Material genético – 16 progênies de mamoeiro	17
4.2 Localização experimental.....	18
4.3 Semeio e plantio das progênies S ₁	19
4.4 Fenotipagem das progênies S ₁	19
4.5 Características avaliadas no campo	20
4.6 Características avaliadas em laboratório	21

4.7 Análise de dados	22
4.7.1 Análise de deviance, estimação dos parâmetros e predição de valores genotípicos	22
4.7.2 Análise descritiva e de diversidade genética dos dados	24
4.7.3 Índice de seleção combinada – ISC	25
4.8 Autofecundação e obtenção de sementes S_2	26
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
5.1 Análise de deviance, componentes de variância e parâmetros genéticos ..	27
5.2 Análise descritiva das progênies.....	35
5.3 Análise dos principais componentes – PCA.....	38
5.4 Seleção combinada entre e dentro de progênies S_1	49
6. CONCLUSÃO	58
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	59

RESUMO

SOUZA, Lucas Ferreira de, M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; julho 2026; Avaliação e seleção de progênies S_1 de mamoeiro para produção e qualidade de fruto; Orientador: D.Sc. Alexandre Pio Viana. Conselheiros: Ph.D. Messias Gonzaga Pereira e D.Sc. Helaine Christine Cancela Ramos.

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) é uma frutífera de regiões tropicais e subtropicais, destacando-se pela sua ampla versatilidade e aplicabilidade em indústrias alimentícias, farmacêuticas e têxtil. No cenário global, o Brasil configura-se entre os maiores produtores com mais de um milhão de toneladas produzidas anualmente. No comércio internacional, responde por aproximadamente 11,21% das exportações da fruta, com forte presença no agronegócio brasileiro. Entretanto, a cultura apresenta estreita base genética nos campos de produção comercial restrita, principalmente, ao uso exclusivo de poucas cultivares. Essa limitação aumenta a suscetibilidade a pragas, doenças e condições edafoclimáticas adversas, comprometendo a longevidade dos cultivos. Desse modo, o presente estudo teve como objetivo avaliar e selecionar progênies S_1 obtidas de população segregante que contornem estes desafios para atender às demandas do mercado consumidor. Para isso, foram avaliadas 16 progênies S_1 oriundas da população o UCP-C1 do segundo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional em mamoeiro da UENF/CALIMAN, sob delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e quatro plantas por parcela. As progênies S_1 foram avaliadas por meio da fenotipagem digital em termos de desenvolvimento morfológico (altura da planta,

altura da inserção do primeiro fruto e diâmetro do caule), componentes de produtividade (número de frutos comerciais e deformados, nós sem fruto, peso médio do fruto e produção) e qualidade de frutos (comprimento e diâmetro do fruto, comprimento e diâmetro da cavidade ovariana, firmeza do fruto e da polpa, espessura e percentagem de volume da polpa e teor de sólidos solúveis). As análises dos dados foram realizadas por meio da análise de deviance, utilizando o teste da razão de verossimilhança para avaliação da significância do modelo genético-estatístico. Os componentes de variância e os parâmetros genéticos foram estimados pela metodologia de modelos mistos REML/BLUP. Análises multivariadas foram utilizadas para a investigação da diversidade genética e o índice de seleção combinada, com base nos valores genéticos preditos para identificação dos genótipos superiores. Houve diferenças significativas para a maioria das características analisadas, exceto para AIPF, PROD e FP as quais não foram observados efeitos de genótipo. Para parcela, observou-se efeitos significativos apenas para NFC e PROD a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente. As características avaliadas apresentaram herdabilidades médias de progênes $\geq 64\%$ evidenciando condição favorável à seleção com potencial para obtenção de ganhos genéticos, assim como acurácias de seleção $\geq 80\%$ indicando elevada confiabilidade das estimativas e alta precisão de seleção e experimental. Os componentes principais evidenciaram ampla variabilidade entre as progênes S_1 , explicando 84,11% da variabilidade total observada. A distância média euclidiana padronizada possibilitou a formação de sete grupos. Os grupos I, V, VI e VII associados ao padrão Formosa, os grupos II e III tipicamente Solo, enquanto o grupo IV reuniu genótipos intermediários, permitindo inferir estratégias de seleção com cruzamentos inter e intragrupos. A seleção combinada permitiu a seleção de cinco famílias superiores entre e 20 indivíduos promissores dentro das progênes selecionadas, os quais reúnem alelos favoráveis para caracteres relacionados a produtividade e qualidade de fruto, revelando-se fontes promissoras de variabilidade genética para uso no melhoramento genético do mamoeiro.

Palavras-chave: Diversidade genética; Fenotipagem digital; Modelos mistos; Progênes S_1 ; Seleção combinada.

ABSTRATC

SOUZA, Lucas Ferreira de, M.Sc.; State University of Northern Fluminense Darcy Ribeiro; July 2026; Evaluation and selection of S₁ papaya progenies for fruit yield and quality; Advisor: D.Sc. Alexandre Pio Viana. Committee Members: Ph.D. Messias Gonzaga Pereira and D.Sc. Helaine Christine Cancela Ramos.

Papaya (*Carica papaya* L.) is a fruit crop cultivated in tropical and subtropical regions, standing out for its wide versatility and applicability in the food, pharmaceutical, and textile industries. In the global scenario, Brazil ranks among the world's leading producers, with more than one million tons produced annually. In international trade, Brazil accounts for approximately 11.21% of papaya exports, reflecting the crop's strong presence in Brazilian agribusiness. However, papaya cultivation has a narrow genetic base in commercial production fields, which are predominantly restricted to the use of a few cultivars. This limitation increases susceptibility to pests, diseases, and adverse edaphoclimatic conditions, compromising crop longevity. Therefore, this study aimed to evaluate and select S₁ progenies obtained from a segregating population capable of overcoming these challenges and meeting consumer market demands. To this end, 16 S₁ progenies from the UCP-C1 population, derived from the second cycle of intrapopulation recurrent selection in the UENF/CALIMAN papaya breeding program, were evaluated under a randomized complete block design with four replications and four plants per plot. The S₁ progenies were evaluated through digital phenotyping for morphological development (plant height, height of the first fruit insertion, and stem

diameter), yield components (number of marketable and deformed fruits, fruitless nodes, average fruit weight, and yield), and fruit quality traits (fruit length and diameter, ovarian cavity length and diameter, fruit and pulp firmness, pulp thickness, pulp volume percentage, and soluble solids content). Data analyses were performed using deviance analysis, with the likelihood ratio test used to assess the significance of the genetic-statistical model. Variance components and genetic parameters were estimated using the REML/BLUP mixed-model methodology. Multivariate analyses were performed to investigate genetic diversity, and a combined selection index based on predicted genetic values was used to identify superior genotypes. Significant differences were observed for most of the traits evaluated, except for AIPF, PROD, and FP, for which no genotype effects were observed. For plot effects, significant effects were observed only for NFC and PROD, at 1% and 5% probability levels, respectively. The evaluated traits showed progeny mean heritability values $\geq 64\%$, indicating favorable conditions for selection and the potential to obtain genetic gains, as well as selection accuracy values $\geq 80\%$, indicating high reliability of the estimates and high selection and experimental precision. The principal component analysis revealed broad variability among the S_1 progenies, explaining 84.11% of the total observed variability. The standardized mean Euclidean distance enabled the formation of seven groups. Groups I, V, VI, and VII associated with the Formosa pattern, Groups II and III typically Solo, while Group IV brought together intermediate genotypes, allowing the inference of selection strategies with inter- and intragroup crosses. Combined selection allowed the selection of five superior families among and 20 promising individuals within the selected progenies, which bring together favorable alleles for traits related to fruit yield and quality, proving to be promising sources of genetic variability for use in papaya breeding.

Keywords: Combined selection; Image-based phenotyping; Genetic diversity; Mixed models; S_1 progenies.

1. INTRODUÇÃO

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) pertencente à família Caricaceae, produz frutos de elevado valor nutricional, ricos em vitaminas, fibras e compostos bioativos amplamente consumidos *in natura* (Koul et al., 2022). Trata-se de uma fruteira de regiões tropicais e subtropicais, destacando-se pela versatilidade na indústria alimentícia, onde passam por processamentos para produção de doces, frutas desidratadas e cristalizadas, geleias, sucos, néctares e polpas, sendo comercializado em diferentes formas. Além do consumo, o mamoeiro apresenta aplicações em indústrias farmacêuticas devido às propriedades cicatrizantes da enzima papaína presente no látex, no ramo da beleza para produção de cosméticos e em fábricas de têxtil, utilizando-a como amaciantes de tecidos (Ming et al., 2012; Upadhyay, 2024).

A cultura do mamoeiro possui grande relevância social e econômica. Por demandar atividades contínuas desde os tratos culturais, a colheita, a comercialização e a lavoura demandam mão de obra ao longo de todo o ciclo produtivo. Soma-se a isso a necessidade de renovação dos plantios que ocorre, em média, a cada dois ou três anos contribuindo adicionalmente para geração de empregos (Lucena, 2016; Lucena et al., 2021).

O Brasil encontra-se entre os principais produtores de mamão, com forte presença no cenário internacional, ocupando em 2024 a quarta posição com 1,15 milhão de toneladas produzidas com 7,84% de participação da produção global (FAOSTAT, 2024). As regiões Nordeste (52,9%) e Sudeste (42,1%) lideram com a

produção da fruta. Entre os estados brasileiros, o cultivo do mamoeiro ocorre em cinco maiores produtores: o Espírito Santo, com 398.093 toneladas com uma participação de 34,6%; e a Bahia com 311.678 toneladas com 27,1%, seguido pelos estados do Ceará (11,1%), Rio Grande do Norte (8,8%) e Minas Gerais (6,0%) (IBGE, 2024).

Apesar do crescimento da produção e da disponibilidade de cultivares e híbridos de mamoeiro no mercado, a cultura ainda apresenta estreita base genética nos cultivos comerciais, em decorrência do uso predominante de um número reduzido de cultivares. A produção concentra-se, principalmente, nas cultivares 'THB' e 'Aliança', pertencentes ao grupo Solo, e 'Tainung 01' do grupo formosa, o que enfatiza a necessidade de aumentar a variabilidade genética disponível. Essa limitação aumenta a suscetibilidade a pragas, doenças e condições edafoclimáticas adversas, comprometendo a longevidade dos cultivos. Uma alternativa para o desenvolvimento de novas cultivares é a identificação e seleção de genótipos obtidos de populações segregantes, desenvolvidas por meio de cruzamentos/recombinação de genótipos com características de interesse (Luz et al., 2015; Cortes et al., 2019).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF em parceria com a empresa Caliman Agrícola S/A desenvolve um programa de melhoramento genético do mamoeiro com objetivo de ampliar a base genética da cultura por meio da hibridação. A partir do cruzamento entre genitores elite com alto desempenho em produção e qualidade de frutos, e genitores portadores de resistência a doenças que resulta na formação de populações segregantes com ampla variabilidade genética. O método da seleção recorrente contribui para esse processo ao promover o aumento gradual da frequência de alelos favoráveis para as características de interesse através de ciclos repetidos de seleção, sem perda da variabilidade genética na população e com aumento da média dos caracteres de interesse. Processo composto pela obtenção de progênies, avaliação, seleção e recombinação realizado ciclicamente até que a frequência dos alelos desejáveis atinja níveis satisfatórios na população (Hallauer et al., 2010).

A avaliação de genótipos em populações segregantes requer o uso de abordagens estatísticas robustas, em decorrência da elevada variabilidade genética e à influência dos efeitos ambientais sobre a expressão dos caracteres, dificultando a identificação precisa de genótipos superiores. A utilização dos

modelos mistos, como o REML/BLUP na predição de valores genéticos aditivos e genotípicos, permite estimar componentes de variância e parâmetros genéticos tanto dentro quanto entre as progênies (Resende, 2016). Após a avaliação, a seleção dos indivíduos superiores torna-se mais promissora quando realizada com base em múltiplas características de interesse, por meio do uso de índices de seleção. Logo, a utilização da seleção combinada no mamoeiro permite a atribuição de pesos às médias padronizadas das características de interesse promovendo uma seleção eficiente de genótipos superiores (Silva et al., 2008; Ramos et al., 2014).

Diante da necessidade de ampliar a base genética do mamoeiro e identificar genótipos superiores para produção e qualidade de frutos, torna-se fundamental a avaliação das progênies obtidas a partir de populações segregantes. Nesse contexto, esta pesquisa teve como objetivo avaliar a variabilidade genética presente em progênies S_1 e selecionar famílias e indivíduos superiores visando ao avanço do programa de melhoramento genético do mamoeiro.

2. OBJETIVOS

2.1 Geral

Avaliar e selecionar progênies S_1 resultantes da população base utilizada no segundo ciclo de seleção recorrente intrapopulacional em mamoeiro.

2.2 Específicos

- Analisar as progênies S_1 para produção e qualidade de frutos;
- Avaliar a variabilidade genética presente nas progênies S_1 por meio de análises multivariadas entre os genótipos avaliados;
- Estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos associados as características avaliadas;
- Estimar os ganhos genéticos e prever novas médias com a seleção;
- Identificar e selecionar as melhores progênies (seleção entre) e os melhores indivíduos de cada progênie (seleção dentro);
- Autofecundar os indivíduos superiores selecionados, para avanço de geração.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1 Aspectos gerais da cultura

O mamoeiro cultivado comercialmente (*Carica papaya* L.), faz parte da família Caricaceae, composta por seis gêneros: o *Carica* que é originário da América Central e do Noroeste da América do Sul; o *Jacaratia* e *Vasconcellea* são nativos da América do Sul; o *Jarilla* ocorre no México e na Guatemala; o *Horovitzia* no México; e o *Cylicomorpha* na África (Faria et al., 2009).

As plantas do mamoeiro possuem uma morfologia única, com raiz principal pivotante, com ramificações predominantes nos primeiros 30 cm do solo, de coloração branco-cremosa, e alcança profundidades de até um metro, de caule cilíndrico, verde-claro na região apical, tornando-se verde-acinzentado ou grisáceo na base, com três tipos principais de flores: flor pistilada (feminina), flor estaminada (masculina) e flor completa (hermafrodita) (Dantas e Castro Neto, 2000). As flores são geralmente de coloração branco-cremosa inseridas nas axilas das folhas na parte superior, as masculinas ocorrem em pedúnculos longo, enquanto as flores femininas e flores hermafroditas são geralmente isoladas ou agrupadas em pequenos conjuntos em pedicelos curtos. As plantas femininas produzem frutos arredondados de menor valor comercial, devido uma cavidade interna maior e menor espessura polpa e as hermafroditas são preferidas em razão da uniformidade e do volume da polpa (Martins et al., 2024).

A determinação do sexo é por pares de cromossomos sexuais X, Y e Y^h , com dois tipos de cromossomo Y diferindo por pelo menos dois genes: um controla o pedúnculo longo e outro masculinizante, que causa o aborto do carpelo em flores masculinas. Assim, as plantas com as combinações dos cromossomos XX femininas, XY masculinas, XY^h hermafroditas, e YY, YY^h , Y^hY^h são letais (Ming et al., 2007).

É uma espécie diploide com número cromossômico $2n = 18$ ($n = 9$) autógama facultativa com cleistogamia, condição que favorece a autofecundação e permite a obtenção e o cultivo de linhagens e híbridos sem perdas expressivas de vigor, em razão da reduzida depressão por endogamia observada na espécie (Dantas e Lima, 2001; Damasceno Junior et al., 2009a).

As flores hermafroditas do mamoeiro podem apresentar diferentes formas que influenciam diretamente o tipo e a qualidade dos frutos. A alongata produz frutos alongados, periforme-alongados ou oblongo-alargados, com menor cavidade ovariana e maior espessura de polpa sendo preferido em âmbito comercial. A pentândrica semelhante a flor feminina, diferindo por apresentar o órgão masculino com cinco estames curtos, cujos filamentos se inserem em sulcos profundos na parede do ovário, caracterizando os frutos arredondados ou obovados com sulcos longitudinais visíveis na casca. A carpeloide caracterizada por anomalias morfológicas decorrentes da transformação de estames em estruturas semelhantes a carpelos. Além do mais, podem ocorrer flores estéreis que não formam frutos, sua expressão está associada a fatores genéticos influenciado por condições ambientais (Martins et al., 2024).

Seus frutos são climatérios, ou seja, mesmo após a colheita o processo de amadurecimento continua devido ao aumento da taxa respiratória e da produção de etileno (Fabi et al., 2010). Apresentam coloração de polpa em duas principais variações, vermelha e amarela, com segregação mendeliana simples de herança monogênica controlada, principalmente, pelo gene CpCYC-b, sendo amarela dominante sobre a vermelha (Hofmeyr, 1938; Storey, 1969). Assim, genótipos homozigotos dominantes e heterozigotos expressam polpa amarela, enquanto genótipos homozigotos recessivos estão associados a polpa vermelha.

Embora a cor da polpa do mamoeiro seja controlada principalmente por um único gene, a expressão fenotípica dessa característica está associada ao acúmulo de pigmentos carotenoides nos cromoplastos das células dos frutos, incluindo o

licopeno predominante na polpa vermelha, e o β -caroteno na polpa amarela. A concentração desses carotenoides, juntamente com a β -criptoxantina está relacionada à ocorrência de fenótipos intermediários, como a coloração vermelho-alaranjada observada em diferentes genótipos no campo (Blas et al., 2010; Shen et al., 2019).

3.2 Importância econômica da cultura

O mamoeiro produz frutos aromáticos muito consumido, sua polpa contém nutrientes dietéticos de grande importância, como, vitaminas (A, C, E, e do complexo B), minerais (magnésio, cálcio e potássio), proteínas, carboidratos, fibras alimentares e betacaroteno. Não se restringindo ao consumo *in natura* da fruta, tanto os frutos quanto as folhas exsudam látex rico em papaína, usada para amaciar carne vermelha e outras proteínas, na fabricação de cerveja e para o tratamento da pele, verrugas e cicatrizes (Ming et al., 2012; Upadhyay, 2024).

Em 2024, a produção global de mamão alcançou 14,65 milhões de toneladas com a Ásia contribuindo com 54,2% desse total, seguida pelas Américas (35,2%), África (10,4%) e Oceania (0,2%). O país Indiano é o maior produtor mundial com 5,29 milhões de toneladas, na sequência a República Dominicana (1,94 milhão), a Indonésia (1,20 milhão), o Brasil ocupando a quarta posição com aproximadamente 1,15 milhão de toneladas produzidas representando cerca de 7,84%, e o México com 1,14 milhão (FAOSTAT, 2024).

No Brasil, o cultivo do mamoeiro está distribuído em todas as regiões, destacando-se o Nordeste como a principal região produtora, com 607.743 t e rendimento médio de 39,35 t ha⁻¹, correspondendo a 52,9% da produção nacional. Em seguida, a região Sudeste ocupa a segunda posição, com 483.504 t, rendimento médio de 54,41 t ha⁻¹ e participação de 42,1%. As demais regiões apresentam menor contribuição, sendo Norte (4,1%), Centro-Oeste (0,8%) e Sul (0,2%). Entre os estados, o Espírito Santo lidera a produção nacional, com 398.093 t, representando 34,6% da produção brasileira e rendimento médio de 59,14 t ha⁻¹, seguido pela Bahia com 311.678 t e participação de 27,1%. Juntos, esses estados respondem por mais de 60% da produção nacional. Na sequência, destacam-se Ceará (11,1%), Rio Grande do Norte (8,8%) e Minas Gerais (6,0%) (IBGE, 2024).

A exportação mundial de mamão em 2024 totalizou aproximadamente 392,48 mil t, movimentando cerca de US\$ 338,24 milhões. O México destacou-se como o principal exportador mundial, com 206,04 mil t (52,50%). O Brasil consolidou-se como o segundo maior exportador, com 43,99 mil t, representando 11,21% do mercado das exportações gerando aproximadamente US\$ 58,09 milhões. Em seguida, destacaram-se Guatemala, com 29,07 mil t (7,41%), Sri Lanka, com 16,39 mil t (4,18%), e Malásia com 14,94 mil t (3,81%) (FAOSTAT, 2024).

3.3 Melhoramento genético do mamoeiro UENF-CALIMAN

Atualmente, no Brasil, o melhoramento genético do mamoeiro é conduzido por diferentes instituições, entre elas, as principais são: 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 mandioca e fruticultura, e a Universidade Estadual do Mato Grosso – UNEMAT, em parceria com a empresa privada Feltrin/Syngenta.

O programa da UENF/Caliman localizada em Linhares - ES iniciou-se em 1996, visando o desenvolvimento de novos híbridos e variedades de mamoeiro, levando o país a ser independente de importações de sementes de outros países e produção de frutos de boa qualidade para aproveitamento no mercado interno quanto para conquista de novos mercados internacionais para o aumento de exportação no Brasil, garantindo impactos positivos na economia agrícola. É válido evidenciar que o programa vem crescendo simultaneamente, graças à parceria com iniciativa privada que garantiu o crescimento do programa ao longo dos anos (empresa Caliman Agrícola S.A., uma das maiores produtoras e exportadoras de mamão do Brasil) e ao suporte financeiro por agências públicas de fomento à ciência, tecnologia e inovação como CNPq, Capes, Faperj e em especial a Finep que financiou os projetos denominados de “FRUTIMAMÃO I” e “FRUTIMAMÃO II” que contribuíram para expansão do programa (Pereira et al., 2019a).

Resultados desta parceria resultou no registro de 21 cultivares híbridas de mamoeiro no Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento – MAPA, dentre as quais o primeiro híbrido de mamoeiro brasileiro, denominado de ‘UENF/Caliman – 01’, popularmente conhecido como ‘Calimosa’. Híbrido que tem mostrado

superioridade ao híbrido 'Tainung 01' do grupo Formosa, sendo uma alternativa viável para o cultivo do mamoeiro por agricultores de diferentes regiões brasileiras e apresentando potencial para expansão de seu cultivo em outros países (Marin et al., 2006a, 2006b; Luz et al., 2015, 2018a, 2018b, Pereira et al., 2019a, 2019b, 2019c).

O grupo de melhoramento do mamoeiro da UENF desenvolveu diversos trabalhos de melhoramento genético da cultura, pesquisas envolvendo comportamento floral, modo de reprodução, predição do sexo, retrocruzamentos, heterose, capacidade combinatória, *topcross*, dialelo, resistência a doenças, utilizando características morfoagronômicas e ferramentas moleculares (Pereira et al., 2019a).

Silva et al. (2007a), observou a capacidade de expressão sexual em populações de mamoeiro em mudanças de temperaturas, identificaram plantas mais estáveis a flutuações de temperatura no inverno e verão. Damasceno Junior et al. (2008), avaliando o comportamento floral de híbrido de mamoeiro em duas estações do ano, concluíram que fatores ambientais durante o verão influenciam no número de flores hermafroditas, fatores genéticos influenciam no número de flores masculinas em ambas as estações e ao número de flores com anomalias, sendo a estação de primavera apresentando média maior indicando aumento nas taxas de carpeloidia e pentandria durante os meses mais frios do ano.

Para Damasceno Junior et al. (2009b) o foco foi o modo de reprodução preferencial de plantas hermafroditas de mamoeiro e identificaram como espécie autógama facultativa com cleistogamia. Oliveira et al. (2007), utilizou marcadores moleculares na predição do sexo em mamoeiro, identificando o marcador RAPD - BC210, capaz de identificar plantas hermafroditas e femininas.

No trabalho desenvolvido por Vivas et al. (2010) foi verificado resistência da mancha-da-phoma em folhas, causada pelo fungo *Phoma caricae-papayae* (Tarr) Punith., identificando os genótipos Americano, Waimanalo, Sekati, JS-12, Maradol, Maradol GL, Tailândia, Baixinho de Santa Amália e São Mateus, como portadores de alelos responsáveis em contribuir para redução de mancha-de-phoma em híbridos de mamão.

Pinto et al. (2013) e Ramos et al. (2014) utilizaram modelos mistos para avaliar características morfoagronômicas com objetivo de selecionar indivíduos geneticamente superiores, obtiveram resultados satisfatórios comprovando a

eficiência desta técnica para seleções precisas para o desenvolvimento de novos genótipos. Vivas et al. (2014a) testaram a eficiência na seleção de genótipos resistentes a doenças foliares causadas por fungos, por meio de dialelo circulante, e resultou em resultados convincentes com alto potencial.

Cortes et al. (2017) e Santa-Catarina et al. (2018) desenvolveram e validaram metodologias de análise e processamento de imagem digital, voltada a fenotipagem de características morfológicas como altura de planta, altura de inserção do primeiro fruto, diâmetro do caule, número de frutos comerciais, deformados, nós sem frutos, diâmetro do fruto, comprimento e diâmetro da cavidade ovariana, espessura e cor da polpa em frutos de mamoeiro. As aplicações destas metodologias reduziram o tempo de coleta de dados evitando erros e acelerando o processo de obtenção das informações, de baixa custo permitindo ser acessível e eficiente para mensurar características morfológicas aumentando a precisão ao final.

No grupo de pesquisa do programa UENF/Caliman, utilizaram a seleção recorrente no mamoeiro sendo uma estratégia eficaz para o desenvolvimento contínuo de novas cultivares, visando aumentar os ganhos com produção e qualidade de frutos (Santa-Catarina et al., 2020a; 2020b; Pereira e Santa-Catarina, 2021; Silva Junior, 2023), identificar genótipos portadores de resistência a doenças (Moraes et al., 2021), e redução de anomalias florais (Moreira et al., 2019b).

Desta forma, fica evidente a importância deste programa de melhoramento para formação e capacitação de mestres e doutores, no avanço da ciência agrícola em diversas áreas e a competitividade da produção de mamão em cenário global.

3.4 Populações segregantes

Uma das principais formas de explorar a variabilidade genética no mamoeiro é por meio da obtenção de populações segregantes, que constituem a base dos programas de melhoramento genético. Essas populações são originadas da recombinação entre genótipos contrastantes para características agrônômicas de interesse, reunindo ampla diversidade genética. Essa condição possibilita a identificação e a seleção de indivíduos superiores, favorecendo o desenvolvimento de novas cultivares com atributos desejáveis, como maior produtividade, qualidade de frutos e resistência a doenças (Cortes et al., 2019).

Essas populações podem ser estudadas por diferentes métodos de melhoramento de plantas, de acordo com os objetivos do programa. Entre esses métodos, destaca-se a seleção recorrente, proposta por Hull (1945), que visa promover o aumento gradual da frequência de alelos favoráveis para características quantitativas por meio de sucessivos ciclos de seleção, mantendo a variabilidade genética da população. Esse processo compreende três etapas: obtenção, avaliação e recombinação das progênies, no qual são conduzidas de forma cíclica até que se atinjam o nível desejado de frequência de alelos favoráveis na população (Hallauer et al., 2010).

A constituição da população-base é fundamental para o sucesso da seleção recorrente, sendo necessário selecionar genótipos que apresentam características agrônômicas desejáveis e considerável variabilidade genética para avanços nos próximos ciclos (Borém, 2017).

Santa-Catarina et al. (2020a) exploraram a variabilidade genética de uma população segregante de mamoeiro empregando a seleção recorrente, avaliando 224 indivíduos. Os autores concluíram que, embora esse método de melhoramento seja uma estratégia de médio e longo prazo, possibilita a seleção de indivíduos superiores em etapas iniciais do programa, os quais podem ser utilizados no avanço de gerações, na obtenção de novas linhagens e como genitores para a formação de híbridos, favorecendo a obtenção de ganhos genéticos e o progresso do programa de melhoramento.

Santa-Catarina et al. (2020b) caracterizaram morfoagronomicamente 222 indivíduos da população-base de seleção recorrente utilizando abordagem multivariada, verificaram elevada variabilidade genética entre os genótipos, atribuída ao uso de genitores elite e progênies dióicas heterozigotas. Os resultados evidenciaram o potencial dessa população para subsidiar programas de seleção recorrente e o desenvolvimento de genótipos superiores.

Pereira e Santa-Catarina (2021) propuseram uma estratégia eficaz e inédita para o melhoramento do mamoeiro, desenvolvendo uma população-base de seleção recorrente com ampla variabilidade genética. Os autores constataram que, genótipos superiores e variedades dióicas não melhoradas constituem importantes fontes de genes para características de interesse e para a formação de populações segregantes. Posteriormente, avaliaram e recombinaram as progênies S_1 ,

evidenciando o potencial genético desse material para o desenvolvimento de cultivares superiores e a eficiência da seleção recorrente.

3.5 Diversidade genética

A diversidade genética é essencial para o melhoramento e a conservação das culturas, pois representa o grau de variação genética e ambiental existente entre indivíduos dentro de uma mesma espécie ou população, em condições naturais, em bancos de germoplasma e ou materiais oriundos de programas de melhoramento (Estopa, 2006; Assefa et al., 2016). A quantificação dessa variabilidade pode ser realizada por meio da utilização de descritores botânicos, morfológicos, químicos e moleculares, sendo o nível de heterogeneidade estimado com base nas diferenças nos valores fenotípicos mensurados entre os indivíduos avaliados (Cruz et al., 2012).

Esses dados são analisados por técnicas multivariadas, as quais possibilitam avaliações simultâneas de diferentes caracteres nos indivíduos, proporcionando uma interpretação mais abrangente dos genótipos (Cruz et al., 2014). A utilização de análises multivariadas é consolidada nos programas de melhoramento genético de plantas em diferentes espécies, como algodão, arroz, trigo e mamoeiro (Kakar et al., 2019; Liao et al., 2021; Singh et al., 2022; Yadav et al., 2023).

Dentre os métodos multivariados mais utilizados, têm-se a análise de componentes principais (PCA), variáveis canônicas e os métodos aglomerativos. Conforme Cruz et al. (2014), a análise de componentes principais introduzida por Pearson (1901), consiste na geração de novos componentes a partir da combinação linear das variáveis originais, de modo a reter a maior parte da informação associada a variação total dos dados. De forma análoga, a análise de variáveis canônicas também busca preservar essa variabilidade, entretanto, apresenta vantagem em relação à análise de componentes principais, pelo fato de considerar simultaneamente a matriz de covariância residual e a variância fenotípica entre as características avaliadas.

Os métodos aglomerativos têm como finalidade classificar genótipos em grupos de forma que haja maior similaridade dentro dos grupos e maior divergência entre eles. Esse agrupamento baseia-se na estimativa de medidas de

dissimilaridade entre os indivíduos, sendo as mais utilizadas em estudos genéticos a distância euclidiana, o quadrado da distância euclidiana, a distância euclidiana média e a distância generalizada de Mahalanobis. A partir dessas medidas, aplicam-se diferentes critérios de agrupamento para a formação dos grupos destacando-se os métodos do vizinho mais próximo, do vizinho mais distante, o UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*) e o método da variância mínima de Ward (Cruz et al., 2014).

A análise da diversidade genética no mamoeiro utilizando métodos multivariados é fundamental para o melhoramento da cultura, contribuindo para a obtenção de genótipos mais produtivos, com maior qualidade de fruto, resistente a pragas e doenças e adaptados a condições edafoclimáticas adversas. Ara et al. (2016) analisaram a diversidade genética de 14 genótipos de mamoeiro, identificando a formação de quatro grupos distintos (clusters). Os resultados mostraram maior distância entre os grupos do que dentro deles, evidenciando a presença de variabilidade genética entre os genótipos e contribuindo para a indicação de materiais promissores como genitores em cruzamentos, com potencial para gerar novas combinações recombinantes com características de interesse.

Em população segregantes, Ramos et al. (2012) quantificaram a distância genética entre progênes segregantes oriundas de retrocruzamento do genótipo Cariflora e constataram elevada variabilidade genética entre os materiais, com exceção da característica produção. De forma semelhante, Nascimento et al. (2019) observaram que comprimento do fruto, comprimento do pecíolo, altura de inserção do primeiro fruto e massa do fruto foram os caracteres que mais contribuíram para a diversidade genética em uma população F_2 segregante.

Nessa mesma linha, Vettorazzi et al. (2021) estimaram a diversidade genética entre 97 linhagens F_5 recombinantes com base em 16 caracteres morfoagronômicos e de qualidade de frutos. Os autores relataram que o método WARD-MLM apresentou eficiência na discriminação das linhagens endogâmicas, possibilitando a formação consistente de três grupos distintos. As informações obtidas sobre a diversidade genética entre as linhagens avaliadas, permitiram a seleção de genótipos promissores e sua utilização na obtenção de híbridos superiores voltados à qualidade e ao rendimento de frutos.

Silva et al. (2017b) avaliaram a diversidade genética entre 57 acessos de mamoeiro por meio de análise hierárquica aglomerativa utilizando o método

UPGMA. Os autores verificaram diferenças significativas para todas as 17 características avaliadas, indicando a existência de variabilidade genética entre os acessos. Entre os caracteres analisados, massa do fruto, diâmetro do fruto e altura de planta foram os que mais contribuíram para a diversidade genética.

3.6 Parâmetros genéticos

A estimativa de parâmetros genéticos é indispensável em programas de melhoramento genético, pois permite quantificar a variabilidade genética existente na população auxiliando na seleção de genótipos superiores, além de contribuir para o uso mais eficiente dos recursos, a manutenção de uma base genética adequada e a predição de ganhos genéticos (Cruz e Carneiro, 2012; Borém e Miranda, 2013).

Nesse sentido, a avaliação e a seleção de genótipos superiores constituem etapas fundamentais nos programas de melhoramento genético. Em culturas perenes, como o mamoeiro, esse processo tende a ser mais demorado e trabalhoso em função do longo ciclo de cultivo e da necessidade de avaliações ao longo do tempo. Nessas condições, os experimentos conduzidos a campo ficam mais expostos à influência de fatores ambientais, o que pode resultar em dados desbalanceados (Resende, 2007).

A metodologia REML/BLUP permite analisar dados desbalanceados com maior precisão, ao considerar os efeitos aleatórios no modelo estatístico associado aos valores fenotípicos e ajustar esses valores para os efeitos fixos, reduzindo os efeitos ambientais (Santos et al., 2016). Entre os principais parâmetros genéticos comumente estimados, destacam-se a variância genotípica, variância fenotípica e variância ambiental, a herdabilidade e a acurácia de seleção (Bernardo, 2020).

Diversos estudos em mamoeiro têm empregado modelos mistos REML/BLUP para estimar parâmetros genéticos e prever valores genéticos, demonstrando sua eficiência na seleção de genótipos superiores. Pinto et al. (2013) utilizaram essa metodologia em progênies segregantes e relataram sua eficiência na predição de valores genéticos para o avanço de geração.

Moreira et al. (2018), avaliando 19 famílias de meio-irmãos de mamoeiro do grupo Formosa, verificaram a eficiência da metodologia possibilitando a seleção de genótipos superiores para massa e número de frutos, espessura da polpa e teor

de sólidos solúveis. Moreira et al. (2019a) revelaram a aplicabilidade dessa metodologia na caracterização genética de uma população segregante.

Ramos et al. (2014) observaram que o uso de valores genéticos na seleção de genótipos superiores de mamoeiro proporciona maior acurácia no processo de seleção e aumenta a eficiência na obtenção de ganhos genéticos. Silva et al. (2017b), por meio da análise REML/BLUP, verificaram a existência de variabilidade genética em 36 progênes S₂, o que indicou o potencial de seleção da população estudada.

3.7 Índices de seleção

No decorrer do programa de melhoramento genético de mamoeiro, torna-se necessário adotar estratégias que considerem vários caracteres simultâneos observados em um indivíduo, uma vez que o objetivo é obter cultivares mais produtivas, resistentes e com qualidade superior (Silvia e Viana, 2012).

Como os genótipos são avaliados com base em múltiplas características, utilizam-se índices de seleção, que consiste em uma função linear de valores fenotípicos ou genéticos de interesse, ponderados por pesos, com o objetivo de maximizar o ganho genético na seleção, selecionando genótipos que reúnam características atendendo as exigências dos produtores e consumidores (Cruz et al., 2012).

A tese do índice de seleção foi proposta originalmente por Smith (1936) e Hazel (1943), baseando-se na combinação linear de valores genéticos ponderados por pesos econômicos. Moreira et al. (2019a) verificaram que esse índice de seleção, utilizando a padronização das médias fenotípicas, foi o mais eficiente na identificação de indivíduos de mamoeiro com melhores desempenhos para características como teor de sólidos solúveis, peso, comprimento e largura do fruto, altura da planta, altura de inserção do primeiro fruto e espessura da polpa.

Ramos et al. (2014), trabalhando com população de retrocruzamento de mamoeiro, observaram que o índice baseado no valor genético padronizado foi o mais consistente na classificação dos indivíduos, demonstrando maior precisão no processo de seleção. Cortes et al. (2018) recomendaram o índice de seleção combinada GI2 por apresentar consistência na seleção de seis progênes superiores, resultando em ganhos promissores para características como produção de frutos e espessura de polpa.

Pinto et al. (2013), constataram que a integração entre valores genotípicos individuais e índices de seleção mostra-se eficiente na seleção de progênies e indivíduos superiores à média da população original. Silva et al. (2017a) verificaram que a seleção entre e dentro de progênies proporciona maiores ganhos preditos para o aumento do número de frutos comerciais e para a redução do número de frutos pentândricos.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Material genético – 16 progênies de mamoeiro

O programa de seleção recorrente em mamoeiro iniciou-se com o desenvolvimento da população base UCP-C0 (UENF Caliman Population - Cycle 0) com potencial genético para produção e qualidade de frutos, na qual indivíduos S_0 foram fenotipados por meio de imagens digitais e, paralelamente, autofecundados para obtenção das progênies S_1 (Santa-Catarina, 2020a). Essas progênies S_1 foram avaliadas e as superiores selecionadas, foram recombinadas, e as sementes resultantes dessa recombinação, deram origem à população UCP-C1 (UENF Caliman Population - Cycle 1) utilizada no segundo ciclo de seleção recorrente (Silva Junior, 2023).

Entretanto, devido a problemas climáticos ocasionando perdas de materiais genéticos ao longo do programa, foram obtidas apenas 16 progênies S_1 remanescentes da população UCP-C1 que totalizaram 105 indivíduos, os quais constituíram o material genético avaliado no presente estudo visando à obtenção de linhagens *per se* e/ou genitores para novos híbridos.

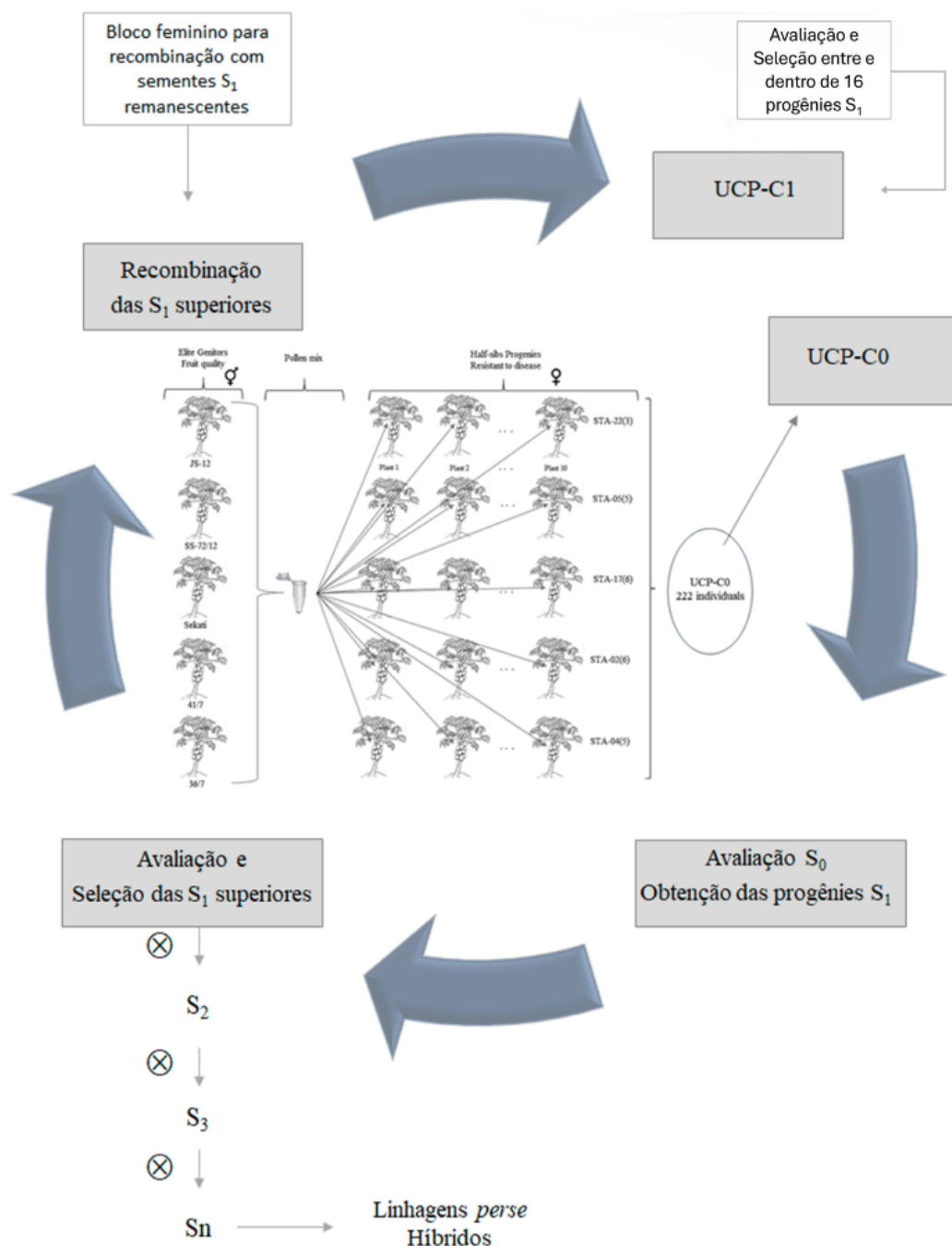


Figura 1. Fluxograma do programa de seleção recorrente intrapopulacional em mamoeiro. Paralelamente à seleção recorrente, ocorre o avanço das linhagens S_1 até as gerações S_n , gerando linhagens superiores e/ou genitores para novos híbridos.

4.2 Localização experimental

Conduzido na Empresa Caliman Agrícola S.A., localizada no Município de Linhares no Estado do Espírito Santo. Com as coordenadas geográfica entre os

paralelos 19° 06' -19° 18' de Latitude Sul e entre os meridianos 39° 45' -40° 19' Oeste. O clima da região segundo a classificação climática de Koppen-Geiger é Aw, sendo um clima do tipo tropical quente úmido com chuvas no verão e inverno seco (Alvares et al., 2013).

4.3 Semeio e plantio das progênes S₁

As sementes das 16 progênes S₁ foram semeadas em casa de vegetação da empresa em julho de 2024, utilizando bandejas plásticas com capacidade para 96 tubetes de 55 cm³. Foram utilizado substrato da marca HT tropstrato hortaliças e adubo de liberação lenta Basacote mini 3M®, fórmula NPK (Mg) 13-06-16 (1,4) com micronutrientes: 0,0; 2,5; 5,0; 7,5; 10,0 e 12,5 kg m⁻³. Aproximadamente 15 dias após a germinação, as mudas foram aclimatizadas e aos 30 dias plantadas na área experimental no campo, seguindo o delineamento estatístico em blocos casualizados com quatro repetições e quatro plantas por parcela.

O espaçamento utilizado para a condução foi de 3,6 m entre fileiras e 1,5 m entre plantas na fileira, totalizando uma área de 1.382,4 m². As adubações, o manejo, o controle de pragas e doenças e os tratos culturais foram os mesmos adotados nos plantios comerciais da empresa Caliman Agrícola S.A.

4.4 Fenotipagem das progênes S₁

As avaliações das características foram analisadas com o auxílio da técnica de fenotipagem digital baseadas na análise e processamento de imagens digitais descritas e validadas por Cortes et al. (2017) e Santa-Catarina et al. (2018). Todas as imagens foram processadas e analisadas com ajuda do *software* ImageJ v1.50c.

Para as avaliações de campo utilizou-se uma câmera digital Sony DSCHX 300, com duas fotografias completas por planta lado A e outra do lado B da planta. Cada planta foi identificada com uma etiqueta fixada ao solo para facilitar a identificação no processo de análise das imagens. Para cada tratamento, foi utilizado um marco de medida conhecida, fixado no solo próximo ao caule das plantas que foram avaliadas aos 180 e 270 dias após o plantio. Além disso, as plantas foram marcadas com uma lã de cor vermelha, para identificar o último fruto avaliado de cada cacho, em cada uma das épocas de avaliação (Cortes et al., 2017).

Utilizando a ferramenta *straight* para altura da inserção do primeiro fruto, altura da planta e diâmetro do colmo, e ferramenta plugin *cell counter* para número de frutos comerciais, número de frutos deformados e nós sem frutos. A produção obtida pela multiplicação do número de frutos comerciais pelo peso médio de frutos por planta.

Para as avaliações de laboratório, realizadas aos 180 e 270 dias após o plantio, os frutos foram colhidos no início da frutificação e apresentavam o mesmo estágio de maturação RST1, no qual atingem seu máximo desenvolvimento físico no momento da colheita (Barragán-Iglesias et al., 2018). Em seguida, os frutos foram pesados em uma balança analítica para obter o peso médio e, em sequência, cortados ao meio ao longo de seu eixo longitudinal, sendo metade escaneada com auxílio de um scanner modelo Optico Pro A320 para obtenção das imagens e posterior avaliação das características morfológicas dos frutos (comprimento e diâmetro do fruto e área da polpa). A outra metade foi utilizada para as mensurações de firmeza do fruto, firmeza da polpa e teor de sólidos solúveis, características que não são mensuráveis por meio da fenotipagem digital (Santa-Catarina et al., 2018).

Utilizou-se a ferramenta *wand* para comprimento do fruto e diâmetro do fruto, a ferramenta *straight* para o comprimento e diâmetro da cavidade ovariana e espessura da polpa. A percentagem de volume de polpa obtida pela diferença entre o volume do fruto e o volume da cavidade ovariana. O teor de sólidos solúveis obtido pelo uso de um refratômetro portátil modelo *Densito 30PX Density meter* marca Mettler Toledo. A firmeza do fruto e da polpa avaliadas pela resistência a penetração, utilizando-se de um Penetrômetro digital de Bancada (*Fruit Pressure Tester, Italy*, Modelo 53205) com adaptador de 3,0 x 3,0 cm (altura x diâmetro). O peso médio dos frutos mensurado com o auxílio de balança analítica.

4.5 Características avaliadas no campo

As seguintes características mensuradas nos ensaios de campo foram:

- i. Altura da inserção do primeiro fruto (AIPF): expressa em centímetros, tomada do nível do solo ao pecíolo do primeiro fruto, aos 180 dias após o plantio;
- ii. Altura da planta (AP): expressa em centímetros, correspondente à distância entre o nível do solo até o ponto de inserção do último par de folhas, localizado no ápice caulinar do mamoeiro;

- iii. Diâmetro do caule (DC): expresso em centímetros, medindo a 20 cm da base do solo;
- iv. Número de frutos comerciais (NFC): determinado pela contagem dos frutos com características comerciais;
- v. Número de frutos deformados (NFD): determinado pela contagem de frutos carpelóides e pentândricos presentes em cada planta;
- vi. Nós sem fruto (NSF): obtido pela contagem dos nós sem frutos;
- vii. Produção (PROD): expressa em $t\ ha^{-1}$, obtida pela multiplicação do número de frutos comerciais pelo peso médio de frutos por planta.

4.6 Características avaliadas em laboratório

As características físico-químicas avaliadas em laboratório foram:

- i. Comprimento do fruto (CF): expresso em centímetros, determinado pela média da medida longitudinal de cinco frutos;
- ii. Diâmetro do fruto (DF): expresso em centímetros, obtido através da média da circunferência de cinco frutos;
- iii. Comprimento da cavidade ovariana (CCO): expresso em cm, obtido pela mensuração do comprimento da cavidade ovariana;
- iv. Diâmetro da cavidade ovariana (DCO): expresso em cm, obtido pela mensuração do diâmetro da cavidade ovariana;
- v. Espessura da polpa (EP): expressa em cm, obtida pela mensuração da espessura da polpa em cada fruto;
- vi. Percentagem de volume de polpa (%VP): expressa em percentagem, foi determinada pelo cálculo do volume da cavidade ovariana (VCO), volume do fruto (VF) e volume de polpa (VP). O VCO e VF foram calculados utilizando as mensurações dos comprimentos, diâmetros do fruto e da cavidade ovariana seguindo a fórmula $V_e = \pi(L \times D^2/6)$, em que V_e é o volume estimado, L é o comprimento e D o diâmetro, conforme descrito por Santa-Catarina et al. (2018) adaptado de Koc (2007);
- vii. Teor de sólidos solúveis (TSS): expresso em °Brix, obtido por meio de suco extraído por prensa de mão de uma amostra da polpa de três pontos da região mediana dos frutos;

- viii. Firmeza do fruto (FF): expressa em N, foi mensurada realizando perfurações em três pontos equidistantes na região equatorial do fruto;
- ix. Firmeza da polpa (FP): expressa em N, foi mesurado cortando-se o fruto em duas faces iguais, no sentido transversal com perfuração de três pontos equidistantes na polpa do fruto;
- x. Peso médio do fruto (PMF): expresso em gramas, obtido através da média de cinco frutos mensurados.

4.7 Análise de dados

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

A análise de deviance foi realizada de acordo com Viana e Resende (2014), utilizando o seguinte modelo:

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

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

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

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

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

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

Para a análise das observações, as características foram analisadas utilizando a metodologia dos modelos mistos, mediante o procedimento REML (máxima verossimilhança restrita) para estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos e pelo BLUP (melhor preditor linear não viciado) para estimar

os valores genotípicos permanentes; considerando o delineamento em blocos casualizados com informação de plantas dentro de parcelas.

A avaliação genética foi realizada utilizando o modelo 107 do *software* Selegen-REML/BLUP, recomendado para famílias endogâmicas (Resende, 2016):

$$y = Xr + Za + Wp + e$$

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

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

- V_g : variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação;
- V_{parc} : variância ambiental entre parcelas;
- V_e : variância residual;
- V_f : variância fenotípica individual;
- $h^2_a = h^2$: herdabilidade individual total (usando 3/2 da variância genética aditiva no numerador, quando $S = 0$) no sentido restrito;
- $c^2_{\text{parc}} = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;
- h^2_{mp} : herdabilidade da média de progênes, assumindo sobrevivência completa;
- A_{cprog} : acurácia da seleção de progênes, assumindo sobrevivência completa;
- h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela (usando 1/2 da variância genética aditiva no numerador, quando $S = 0$);
- Média geral do experimento.

Os valores genéticos de cada progênie serão obtidos pela soma de cada efeito genético predito (a) à média geral do experimento (u). O ganho genético equivale à média dos vetores dos efeitos genéticos preditos para as progênes

selecionadas. A média geral somada ao ganho genético resulta na nova média predita.

4.7.2 Análise descritiva e de diversidade genética dos dados

Para todas as características fenotipadas, foram estimados a média, os valores de máximo e mínimo, o desvio padrão (DP) e o coeficiente de variação (CV%). As características AP, DC, NFC, NFD, NSF, PMF, FF, FP, TSS, CF, DF, CCO, DCO e EP foram obtidas pela soma e média nas duas épocas de avaliação. A característica AIPF foi avaliada apenas na primeira avaliação aos 180 dias, quando teve seu primeiro fruto. A característica PROD estimada pelo produto entre NFC e PMF, e a característica %VP obtida pela razão entre o volume de polpa e o volume do fruto, multiplicada por 100.

As relações entre os acessos foram determinadas usando a análise de componentes principais (PCA), para estimar a variabilidade genética utilizando as médias fenotípicas das 17 características avaliadas. Foi estimado o coeficiente de correlação cofenético e obtida a matriz de dissimilaridade genética pela distância euclidiana média.

O dendrograma foi obtido pelo método de ligação média entre os grupos UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average*). Para o estabelecimento dos grupos, foi utilizado o método de mojena (Mojena, 1977), assumindo o valor da constante k igual ao valor do coeficiente de correlação cofenético. Este método recorre a um critério estatístico e propõe um procedimento de cálculo com base no tamanho relativo dos níveis de fusões ou distâncias no dendrograma. Este método consiste em selecionar o número de grupos no estágio j que, primeiramente, satisfizer à inequação $\alpha_j > \theta_k$, em que α_j é o valor de distâncias dos níveis de fusão correspondentes ao estágio j ($j = 1, 2, \dots, n$) e θ_k é o valor referencial de corte, expresso por $\theta_k = \bar{\alpha} + k\sigma_{\alpha}$, em que $\bar{\alpha}$ e σ_{α} são, respectivamente, as estimativas não viesadas da média e do desvio padrão dos valores de α e k é uma constante. Dessa forma, o método não necessita do conhecimento prévio da conformação dos grupos.

A análise estatística foi feita no *software* R, utilizando os pacotes factoeextra, FactoMineR, ggplot2, ggcorrplot, psych, ape, cluster, dendextend, circlize e magrittr (R Development Core Team, 2018).

4.7.3 Índice de seleção combinada – ISC

A seleção das progênies S_1 superiores, considerando 17 características avaliadas, foi realizada por meio do índice de seleção combinada (ISC) desenvolvido para selecionar genótipos de mamoeiro. Este índice foi proposto por Silva et al. (2008) e retificado por Ramos et al. (2014). O estimador do índice foi expresso pela seguinte equação:

$$ISC = \sum_{i=1}^n (VG_i \times p_i)$$

Em que: VG_i é o valor genético aditivo padronizado da característica i , p é o peso agrônomo atribuído a característica i , podendo ser positivo ou negativo de acordo com a direção da seleção. O VG_i obtido pela seguinte equação:

$$VG_i = \frac{(X_{gi} - \mu_{gi})}{\sigma_{gi}}$$

Em que: X_{gi} é o valor mensurado no indivíduo para a característica i , μ_{gi} é a média geral da característica i , e σ_{gi} é o desvio padrão.

A seleção combinada das características foi efetuada estabelecendo-se pesos agrônomicos associados às médias padronizadas das características, como descritos a seguir: AIPF (-5), AP (5), DC (5), NFC (150), NFD (-20), NSF (-20), PMF (1), PROD (100), FF (100), FP (50), TSS (100), CF (1), DF (1), CCO (-1), DCO (-1), EP (70) e %VP (70).

Alguns desses pesos foram estabelecidos experimentalmente baseados na importância das características avaliadas a nível agrônomo, assim como sugere Silva et al. (2008) e Santa-Catarina et al. (2020a), enquanto outros, foram estabelecidos com base na importância agrônoma de cada característica, de acordo com o conhecimento dos melhoristas do programa de melhoramento do mamoeiro – UENF/CALIMAN.

Como na população estudada cada planta é um indivíduo diferente, foram atribuídos pesos maiores (100) às características de maior importância relacionadas à qualidade do fruto e produção (NFC, PROD, FF e TSS). Com a obtenção do valor referente à multiplicação do peso com o valor padronizado de cada indivíduo para cada característica, foi realizada a soma dos valores de todas as características avaliadas, obtendo-se, um valor final para cada.

Para os processos de construção do índice de seleção combinada foram realizadas com o auxílio do programa *Microsoft Office Excel* 2019. Posteriormente, foi praticado a seleção das progênes utilizando uma intensidade de seleção de 31,25% para indicar as melhores famílias e de 25% para a seleção dos indivíduos superiores dentro das progênes selecionadas.

4.8 Autofecundação e obtenção de sementes S₂

Paralelamente às avaliações fenotípicas, as progênes S₁ pertencentes à população UCP-C1 do programa de seleção recorrente em mamoeiro foram autofecundadas, visando à obtenção de sementes da geração S₂.

Para as autofecundações, as flores foram protegidas com saco de papel assegurando o controle da polinização, identificadas e datadas com etiquetas com informações de bloco, tratamento e indivíduo.

Os frutos foram acompanhados até a maturação fisiológica e, posteriormente, colhidos para extração das sementes. Estas foram obtidas manualmente, lavadas para remoção da mucilagem e submetidas à secagem em condições ambiente à sombra. Após a secagem, as sementes foram armazenadas adequadamente para utilização nas etapas subsequentes do programa de melhoramento.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Análise de deviance, componentes de variância e parâmetros genéticos

Efeitos significativos para genótipo foram observados pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) para a maioria das características avaliadas em progênies S_1 de mamoeiro (Tabela 1). Houve diferenças significativas a 1% de probabilidade para altura da planta (AP), diâmetro do colmo (DC), número de frutos deformados (NFD), peso médio do fruto (PMF), comprimento do fruto (CF), diâmetro do fruto (DF), comprimento da cavidade ovariana (CCO) e espessura da polpa (EP).

A 5% de probabilidade, observaram-se efeitos significativos para número de frutos comerciais (NFC), nós sem frutos (NSF), firmeza do fruto (FF), teor de sólidos solúveis (TSS), diâmetro da cavidade ovariana (DCO) e percentagem de volume de polpa (%VP). Entretanto, não foram observadas diferenças significativas entre genótipos para altura da inserção do primeiro fruto (AIPF), produção (PROD) e firmeza da polpa (FP).

Tabela 1. Análise de Deviance (ANADEV) para 17 características morfoagronômicas avaliadas em 16 progênies S₁ de mamoeiro.

Efeito	AIPF		AP		DC	
	DEV	LRT (X ²)	DEV	LRT (X ²)	DEV	LRT (X ²)
Genótipo	753,27	3,47 ^{ns}	815,44	37,74 **	227,68	11,28 **
Parcela	749,84	0,04 ^{ns}	777,70	0,00 ^{ns}	216,56	0,16 ^{ns}
Modelo	749,80		777,70		216,40	
Efeito	NFC		NFD		NSF	
	DEV	LRT (X ²)	DEV	LRT (X ²)	DEV	LRT (X ²)
Genótipo	667,64	4,17 *	763,10	20,39 **	607,89	5,72 *
Parcela	671,33	7,86 **	743,68	0,97 ^{ns}	602,21	0,04 ^{ns}
Modelo	663,47		742,71		602,17	
Efeito	PMF		PROD		FF	
	DEV	LRT (X ²)	DEV	LRT (X ²)	DEV	LRT (X ²)
Genótipo	1253,31	9,62 **	756,41	2,99 ^{ns}	521,36	4,45 *
Parcela	1243,70	0,01 ^{ns}	757,42	4,00 *	516,91	0,00 ^{ns}
Modelo	1243,69		753,42		516,91	
Efeito	FP		TSS		CF	
	DEV	LRT (X ²)	DEV	LRT (X ²)	DEV	LRT (X ²)
Genótipo	516,04	2,67 ^{ns}	184,46	4,10 *	315,05	9,24 **
Parcela	514,48	1,11 ^{ns}	180,37	0,01 ^{ns}	305,81	0,00 ^{ns}
Modelo	513,37		180,36		305,81	
Efeito	DF		CCO		DCO	
	DEV	LRT (X ²)	DEV	LRT (X ²)	DEV	LRT (X ²)
Genótipo	174,15	7,90 **	287,50	9,22 **	123,16	4,03 *
Parcela	166,26	0,01 ^{ns}	278,28	0,00 ^{ns}	119,64	0,51 ^{ns}
Modelo	166,25		278,28		119,13	
Efeito	EP		%VP			
	DEV	LRT (X ²)	DEV	LRT (X ²)		
Genótipo	-97,17	12,85 **	449,27		4,86 *	
Parcela	-110,01	0,01 ^{ns}	444,64		0,23 ^{ns}	
Modelo	-110,02		444,41			

DEV: Deviance do modelo; AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); AP: altura da planta (cm); DC: diâmetro do colmo (cm); NFC: número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem frutos; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: produção (t ha⁻¹); 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); %VP: porcentagem de volume de polpa; 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 ausência de diferenças genéticas significativas para esses caracteres pode estar associada à baixa variabilidade genética existente na população avaliada. A população UCP-C1 é resultado de ciclos anteriores de seleção recorrente, nos quais a seleção contínua de indivíduos superiores pode ter contribuído para o aumento da frequência de alelos favoráveis e, conseqüentemente, reduzido a variabilidade genética disponível para esses caracteres. Além disso, são características de natureza quantitativa controladas por múltiplos genes e sujeitas a maior influência ambiental, limitando a detecção de diferenças significativas pelo teste da razão de verossimilhança.

Para o efeito de parcela, observou-se significância apenas para produção (PROD) a 5% de probabilidade e para número de frutos comerciais (NFC) a 1% (Tabela 1), indicando heterogeneidade experimental sobre essas características, o que sugere variações micro ambientais entre as unidades experimentais.

Em termos estatísticos, quanto maiores valores do LRT, maior é a diferença entre a deviance do modelo sem o efeito a ser testado e a deviance do modelo completo. Esses resultados revelam a existência de variabilidade genética entre os materiais avaliados, condição essencial para o sucesso em programas de melhoramento, por possibilitar ganhos com a seleção.

Para os efeitos ambientais de parcela, foram estimados a variância ambiental entre parcelas (V_{parcela}) e o coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_{parcela}), o qual expressa a proporção da variação fenotípica atribuída às diferenças ambientais entre as unidades experimentais, permitindo quantificar a influência do ambiente sobre a expressão das características avaliadas (Resende, 2002). A maioria das características avaliadas apresentaram $c^2_{\text{parcela}} < 0,10$, indicando baixa influência dos efeitos ambientais entre parcelas sobre a expressão fenotípica (Tabela 2).

Em contrapartida, maiores magnitudes de c^2_{parcela} foram observadas para NFC (0,29) e PROD (0,26), e V_{parcela} de 82,54 e 173,29, respectivamente. Esses resultados indicam que características relacionadas à produção e frutificação foram mais sensíveis às variações ambientais locais entre parcelas. Destaca-se ainda que para algumas variáveis como PMF, apesar do valor absoluto relativamente elevado da variância ambiental de parcela (883,16), o reduzido coeficiente de determinação de efeito de parcela (0,01) indica baixa contribuição proporcional dos efeitos ambientais na variação fenotípica total.

Tabela 2. Estimativa dos componentes via REML e dos parâmetros genéticos associados às 17 características morfoagronômicas avaliadas em 16 genótipos de mamoeiro.

	AIPF	AP	DC	NFC	NFD	NSF	PMF	PROD
V_g	92,37	706,21	1,01	5,82	322,72	26,38	23903,59	116,72
V_{parc}	19,43	5,91	0,19	82,54	69,67	3,59	883,16	173,29
V_e	464,65	505,26	2,15	139,97	332,47	106,39	59004,69	364,78
V_f	576,46	1217,38	3,29	280,75	724,87	136,37	83791,36	654,78
h^2_a	$0,240 \pm 0,166$	$0,870 \pm 0,315$	$0,460 \pm 0,229$	$0,311 \pm 0,187$	$0,668 \pm 0,276$	$0,290 \pm 0,182$	$0,428 \pm 0,221$	$0,267 \pm 0,175$
c^2_{parc}	0,033	0,005	0,039	0,294	0,096	0,026	0,011	0,265
h^2_{mp}	0,73	0,96	0,86	0,67	0,89	0,78	0,86	0,64
A_{cprog}	0,85	0,98	0,93	0,82	0,95	0,88	0,93	0,80
h^2_{ad}	0,10	0,70	0,23	0,21	0,49	0,12	0,20	0,16
CV_g	9,16	10,49	8,83	10,36	34,75	13,25	19,04	31,18
CV_e	20,55	8,87	12,88	50,84	35,28	26,62	29,91	55,14
IV	0,45	1,18	0,68	0,20	0,98	0,50	0,64	0,56
Média	104,90	253,43	11,38	23,27	51,69	38,75	812,04	34,64

AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); AP: altura da planta (cm); DC: diâmetro do colmo (cm); NFC: número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem frutos; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: produção (t ha^{-1}); V_g : variância genética; V_{parc} : variância ambiental entre parcelas; V_e : variância residual; V_f : variância fenotípica individual; $h^2_a = h^2$: herdabilidade individual total no sentido restrito; $c^2_{\text{parc}} = c^2$: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h^2_{mp} : herdabilidade da média de progênies; A_{cprog} : acurácia da seleção de progênies; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; CV_g : coeficiente de variação genético; CV_e : coeficiente de variação residual; IV: índice de variação; Média geral do experimento.

Tabela 2, Cont.

	FF	FP	TSS	CF	DF	CCO	DCO	EP	%VP
V _g	8,68	9,28	0,30	2,08	0,43	1,55	0,18	0,04	5,04
V _{parc}	0,25	8,90	0,01	0,03	0,02	0,03	0,08	0,001	1,43
V _e	48,05	39,14	1,71	5,56	1,42	4,24	0,86	0,09	21,95
V _f	56,98	57,31	2,03	7,67	1,87	5,82	1,13	0,13	28,43
h ² _a	0,229 ± 0,162	0,249 ± 0,167	0,224 ± 0,160	0,406 ± 0,215	0,346 ± 0,199	0,399 ± 0,214	0,243 ± 0,167	0,440 ± 0,224	0,266 ± 0,174
c ² _{parc}	0,004	0,155	0,007	0,004	0,010	0,006	0,073	0,005	0,050
h ² _{mp}	0,74	0,67	0,73	0,85	0,82	0,85	0,71	0,87	0,74
A _{cprog}	0,86	0,82	0,86	0,92	0,91	0,92	0,84	0,93	0,86
h ² _{ad}	0,09	0,12	0,09	0,19	0,15	0,18	0,11	0,21	0,11
CV _g	2,37	3,56	6,09	7,59	7,04	8,63	8,50	9,13	2,85
CV _e	5,58	7,30	14,53	12,42	12,80	14,25	18,58	13,70	5,96
IV	0,42	0,49	0,42	0,61	0,55	0,61	0,46	0,66	0,48
Média	124,09	85,65	9,00	18,99	9,31	14,45	4,99	2,19	78,67

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); %VP: porcentagem de volume de polpa; V_g: variância genética; V_{parc}: variância ambiental entre parcelas; V_e: variância residual; V_f: variância fenotípica individual; h²_a=h²: herdabilidade individual total no sentido restrito; c²_{parc}= c²: coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h²_{mp}: herdabilidade da média de progênies; A_{cprog}: acurácia da seleção de progênies; h²_{ad}: herdabilidade aditiva dentro de parcela CV_g: coeficiente de variação genético; CV_e: coeficiente de variação residual; IV: índice de variação; Média geral do experimento.

O coeficiente de variação residual (CV_e) variou de 5,58% (FF) a 55,14% (PROD), evidenciando diferenças na magnitude da variabilidade residual entre as características avaliadas (Tabela 2). Os maiores valores foram observados para PROD, NFC e NFD, enquanto FF, %VP e FP apresentaram os menores coeficientes de variação experimental. Ramos et al. (2014) e Cortes et al. (2017), com avaliações em linhagens de mamoeiro em campo, relataram valores de CV_e moderados e altos para NFC, PROD e NFD.

O CV_e é um importante indicador da precisão experimental e da influência dos fatores não genéticos sobre a expressão fenotípica, especialmente em caracteres quantitativos, cuja expressão é controlada por múltiplos genes e fortemente influenciada pelo ambiente (Cortes et al., 2019; Moreira et al., 2019b). Assim, os maiores valores de CV_e observados para algumas características podem estar associados a maior sensibilidade às condições ambientais, bem como experimentos com culturas perenes, incluindo variações edafoclimáticas e a ocorrência de pragas e doenças (Ferrão et al., 2008).

Para que um programa de melhoramento genético populacional seja eficiente, é indispensável a existência de variabilidade genética na população. O coeficiente de variação genética (CV_g) permite quantificar essa variabilidade em relação à média do caráter, auxiliando na identificação de genótipos superiores (Resende, 2002; Melo et al., 2016). Observou-se menores magnitudes de CV_g para FF (2,37%), %VP (2,85%) e FP (3,56%), enquanto os maiores valores foram verificados para NFD (34,75%), PROD (31,18%) e PMF (19,04%) (Tabela 2). As diferenças observadas entre as magnitudes do CV_g evidenciam a existência de variabilidade genética entre os caracteres avaliados, indicando potencial distinto de exploração no programa de melhoramento, cuja eficiência depende da análise conjunta dos demais parâmetros genéticos estimados.

Em concordância com esta pesquisa, Rodrigues (2025), ao avaliar híbridos de mamoeiro, verificou-se maiores estimativas de coeficiente de variação genética para PMF, PROD e NFD, e menores valores para características associadas à qualidade de fruto (FF e FP).

Embora a característica produção (PROD) tenha apresentado elevado coeficiente de variação genética (31,18%), o efeito de genótipo não foi significativo. Esse resultado não representa uma inconsistência entre os parâmetros, mas evidencia que a magnitude da variabilidade genética foi insuficiente para superar a

elevada variabilidade ambiental observada no experimento. O coeficiente de variação residual (55,14%) e a variância entre parcelas superior à variância genética indicam forte influência do ambiente sobre a expressão fenotípica da produção.

Outro parâmetro importante para avaliar o potencial de resposta à seleção é o índice de variação (IV), obtido pela razão entre o CV_g e o CV_e . Valores superiores a 1 indicam predominância da variabilidade genética em relação à variabilidade ambiental (Resende e Duarte, 2007; Cruz et al., 2014). Os valores de IV variaram de 0,42 a 1,18, sendo que apenas a característica AP apresentou índice superior à unidade com maior contribuição da variação genética (Tabela 2). Contudo, Ferreira et al. (2016) apontam que valores de IV superiores a 0,50 são considerados favoráveis a seleção, os quais podem proporcionar ganhos genéticos satisfatórios. Sob esse critério, além de AP, destacaram-se as características NFD, DC, EP, PMF, CF, CCO, PROD, DF e NSF.

As estimativas de herdabilidade individual no sentido restrito ($h^2_a = h^2$) apresentaram magnitudes variáveis entre as características avaliadas, refletindo diferenças na proporção da variância fenotípica atribuída aos efeitos genéticos aditivos. As maiores h^2_a foram observadas para AP (0,87) e NFD (0,66), sendo considerado de alta magnitude (Tabela 2). Esses resultados demonstram maior controle genético sobre essas características, garantido maior eficiência de seleção e potencial de ganhos genéticos.

Segundo Resende (2002), as herdabilidades podem ser classificadas como baixa ($h^2 < 0,15$), mediana ($0,15 < h^2 < 0,50$) e alta ($h^2 > 0,50$). Para as demais características, foram observadas h^2_a de magnitudes mediana, incluindo DC, PMF, EP, CF, CCO, DF, NFC, NSF, PROD, %VP, AIPF, FP, DCO, FF e TSS, com valores variando entre 0,22 e 0,46. Herdabilidades mediana indicam influência conjunta de fatores genéticos e ambientais sobre a expressão fenotípica permitindo ganhos genéticos por seleção, embora em menor magnitudes quando comparados às características de altas herdabilidades. Neste estudo, não foram observadas características com h^2_a baixa, evidenciando potencial genético favorável para a seleção nas progênies S_1 avaliadas.

A herdabilidade é um parâmetro de grande relevância no melhoramento genético, por expressar a proporção da variância fenotípica atribuída à variância genética, indicando o potencial de transmissão dos caracteres entre gerações

futuras (Resende e Duarte, 2007; Barros et al., 2017; Bernardo, 2020). Para a herdabilidade da média de progênies (h^2_{mp}), apresentou-se magnitudes superiores às estimativas h^2_a para todas as características avaliadas (Tabela 2). Essa resposta é esperada, uma vez que a herdabilidade baseada na média de progênies reduz a influência da variância ambiental e residual, aumentando a precisão na discriminação entre genótipos.

Os valores de h^2_{mp} variaram entre 0,64 para produção (PROD) e 0,96 para altura da planta (AP), sendo todos superiores a 0,50, o que indica alta confiabilidade na seleção entre as progênies. As estimativas obtidas demonstram condição favorável para a seleção, sugerindo elevado potencial de identificação de progênies superiores capazes de contribuir para o desenvolvimento de genótipos promissores de mamoeiro.

A herdabilidade aditiva dentro de parcela (h^2_{ad}) apresentou magnitude alta para AP (0,69) e magnitudes medianas variando de 0,15 a 0,48 para NFD, DC, NFC, PMF, EP, CF, CCO, PROD e DF. Resultado favorável à seleção de indivíduos dentro de progênies, possibilitando ganhos genéticos especialmente para caracteres com maiores magnitudes de h^2_{ad} . Para valores de baixas magnitudes observou-se para NSF, FP, %VP, DCO, AIPF, TSS e FF com valores variando entre (0,09 a 0,12), com menor contribuição dos efeitos genéticos aditivos para a expressão desses caracteres (Tabela 2).

As estimativas de h^2_{ad} foram inferiores a h^2_{mp} , o que sugere maior variabilidade genética entre as progênies do que dentro de progênies. Conduta prevista em progênies segregantes, sendo que a autofecundação promove aumento da homozigose e redução da variabilidade genética intrafamiliar, favorecendo a discriminação genética entre progênies e aumentando a eficiência da seleção entre famílias.

Resultados semelhantes foram reportados por Silva Junior (2023), ao avaliar 40 progênies S_1 de mamoeiro observando magnitudes de h^2_{ad} variando entre 0,04 e 0,98 e de h^2_{mp} entre 0,57 e 0,94 em características morfoagronômicas. O autor verificou que, para os caracteres (NFC, NFD, NSF, AP, DC, CF, DF, PROD, FF, FP, TSS e EP), as estimativas de herdabilidade da média de progênies foram consideravelmente superiores aos da herdabilidade aditiva, destacando-se a importância de se fazer seleção com base na média das progênies.

Para a acurácia da seleção de progênies (A_{cprog}), parâmetro importante que mede a confiabilidade dos valores genéticos referindo-se à correlação de valores genotípicos verdadeiros e os preditos obtidos a partir dos dados do experimento. Quanto mais próximo de 1, maior é a correlação, resultando em menores desvios entre os valores genotípicos verdadeiros e estimados (Resende e Duarte, 2007; Pimentel et al., 2014). Todas as características avaliadas apresentaram $A_{cprog} \geq 0,80$, considerado de alta magnitude (Tabela 2). Valores altos de acurácia indicam elevada precisão na seleção, delineamento experimental adequado e confiabilidade das estimativas obtidas, conferindo maior segurança à identificação de genótipos superiores.

5.2 Análise descritiva das progênies

Os valores máximos e mínimos, para as 17 características morfoagronômicas mensuradas nas 16 progênies S_1 de mamoeiro evidenciam ampla variabilidade fenotípica entre as progênies avaliadas (Tabela 3).

Os maiores coeficientes de variação (CV%) foram observados, para produção (PROD 70,73%), número de frutos comerciais (NFC 70,10%), número de frutos deformados (NFD 54,00%), peso médio de fruto (PMF 34,78%) e nós sem frutos (NSF 29,70%) (Tabela 3). Características com elevados CV% apontam maior heterogeneidade fenotípica entre os materiais avaliados, refletindo uma faixa de seleção mais ampla para essas características. Essa variação pode estar relacionada tanto às diferenças genéticas entre os genótipos quanto à influência do ambiente, em razão das características decorrerem de controle genético poligênico (Maia et al., 2006).

Com base na comparação entre diferentes classificações de CV% para a cultura do mamoeiro, Ferreira et al. (2016a) recomendaram a utilização da metodologia proposta por Costa et al. (2002), avaliando a AP, DC, NFC, NSF, NFD, PMF, PROD, TSS, CF, DF, DCO, CCO e EP exibiram CV% maiores que 14%, sendo considerado médio a elevado nível de variação entre os indivíduos. Em análises descritivas com genótipos de mamoeiro, Santa-Catarina et al. (2020b) e

Rodrigues (2025) encontraram valores altos de CV% para PROD, PMF, NFC, NFD e NSF.

Com duas épocas de avaliação, considerando as características produtivas do mamoeiro, observou-se média de 23,78 para NFC, com variação de 1,00 a 89,00 frutos. Para PMF, a média observada foi de 825,72 g, variando entre pesos de 220,00 g a 2040,00 g, evidenciando elevada discrepância entre as progênes quanto ao potencial produtivo. Essa variação refletiu diretamente na PROD, cuja média foi de 35,60 t ha⁻¹, o que sugerem a existência de materiais genéticos promissores para seleção (Tabela 3). Tal resultado é relevante, uma vez que a produtividade constitui um dos principais critérios considerados pelos produtores na escolha de cultivares para implantação de lavouras de mamoeiro.

Para NFD e NSF, observaram-se variações de 9,00 a 161,00 e 16,00 a 73,00, respectivamente, com médias de 49,89 para NFD e 39,29 para NSF (Tabela 3). Essas características são fortemente influenciadas pelas condições ambientais. As progênes S₁ avaliadas, por apresentarem segregação genética, exibem respostas diferenciadas às variações ambientais, uma vez que a heterogeneidade entre os indivíduos resulta em diferentes níveis de adaptação e estabilidade fenotípica.

Segundo Moreira et al. (2019b) nos meses mais frios (inverno) do ano ocorre aumento do número de frutos deformados (carpeloides e pentândricos) e acréscimo na taxa de esterilidade nos meses mais quentes (verão). De forma semelhante, Martelleto et al. (2011) relataram que a esterilidade sexual ou reversão sexual tende a ser intensificada sob condições de temperaturas elevadas associadas ao estresse hídrico.

As médias observadas para as características morfológicas da planta foram de 254,09 cm para AP, 104,99 cm para AIPF e 11,38 cm para DC, com variações 145,45 a 317,27 cm, 52,71 a 190,38 e 7,64 a 17,32 cm, respectivamente (Tabela 3). A análise dos valores máximos e mínimos mostram que existem variabilidade genética, sendo essencial para a seleção de genótipos mais adequados ao cultivo comercial.

No melhoramento do mamoeiro plantas de menor altura são consideradas desejáveis, pois facilita a colheita dos frutos, e maior diâmetro de caule apresentam

maior sustentação e menor propensão ao acamamento e tendem a suportar maior número de frutos, podendo contribuir para incrementos na produtividade (Silva et al., 2007b; Ide et al., 2009). Resultados semelhantes foram observados para estas características vegetativas, nos estudos de Cortes et al. (2017) e Nascimento et al. (2019) avaliando genótipos de mamoeiro.

Foi verificado médias e CV% para FF (124,33 N e 6,48%), FP (85,71 N e 8,79%) e TSS (9,02 °Brix e 15,74%) (Tabela 3). Os baixos coeficientes de variação observados para FF e FP indicam maior uniformidade entre as progênes, e para o TSS variabilidade moderada. 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. Nesse contexto, destacaram-se indivíduos para essas características, P41-22-3 que apresentou 11,60 °Brix para TSS, P16-52-2 com 89,35 N para FP, e P87-32-2 com 128,22 N para FF, valores semelhantes ao padrão de cultivares registradas.

Dentre os atributos de qualidade de fruto, o tamanho também é importante sendo influenciado por características, como CF, DF, CCO, DCO, EP e %VP, cujas médias foram de 19,11 cm, 9,35 cm, 14,52 cm, 4,94 cm, 2,21 cm e 78,69% e CVs% de 14,23%, 14,55%, 16,12%, 21,26%, 16,29% e 6,72%, respectivamente (Tabela 3). As características apresentaram variabilidade de médio nível entre as progênes, ressaltado pelas amplitudes observadas entre os valores mínimos e máximos, que variaram de 13,69 a 27,36 cm para CF, 5,49 a 13,87 cm para DF, 9,27 a 20,93 cm para CCO, 2,82 a 8,03 cm para DCO e 1,31 a 3,37 cm para EP.

Em contrapartida %VP apresentou menor CV%, apesar da amplitude entre 61,33% e 90,33%, indicando menor dispersão entre as progênes para essa característica (Tabela 3). A média observada para espessura de polpa foi superior a 2,0 cm, valor considerado desejável, pois essa característica está diretamente associada ao volume de polpa e redução da cavidade ovariana, consequentemente, maior rendimento de polpa (Reis et al., 2015; Nascimento et al., 2019).

Tabela 3. Estatística descritiva para 17 características morfoagronômicas avaliadas em 16 progênies S₁ de mamoeiro.

Características	Mínimo	Máximo	Média	DP	CV%
AIPF	52,71	190,38	104,99	24,20	23,05
AP	145,45	317,27	254,09	34,31	13,50
DC	7,64	17,32	11,38	1,85	16,26
NFC	1,00	89,00	23,78	16,67	70,10
NFD	9,00	161,00	49,89	26,94	54,00
NSF	16,00	73,00	39,29	11,67	29,70
PMF	220,00	2040,00	825,72	287,15	34,78
PROD	0,84	116,92	35,60	25,18	70,73
FF	107,47	148,02	124,33	8,06	6,48
FP	62,10	100,05	85,71	7,53	8,79
TSS	5,60	12,28	9,02	1,42	15,74
CF	13,69	27,36	19,11	2,72	14,23
DF	5,49	13,87	9,35	1,36	14,55
CCO	9,27	20,93	14,52	2,34	16,12
DCO	2,82	8,03	4,94	1,05	21,26
EP	1,31	3,37	2,21	0,36	16,29
%VP	61,33	90,33	78,69	5,29	6,72

DP: desvio padrão; CV(%): coeficiente de variação em porcentagem; AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); AP: altura da planta (cm); DC: diâmetro do colmo (cm); NFC: número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem frutos; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: produção (t ha⁻¹); 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); %VP: porcentagem de volume de polpa.

5.3 Análise dos principais componentes – PCA

No presente estudo, sete componentes principais contribuíram para 84,11% da variabilidade acumulada entre os 105 genótipos S₁ de mamoeiro avaliados para 17 características relacionadas à produção e à qualidade dos frutos (Tabela 4). Apenas os componentes principais com *eigen values* superior a um foram significativos, constituído 7 PC.

O primeiro componente principal (PC1) foi o que mais contribuiu para a variabilidade (24,10%). Os valores de *loadings* das características nos componentes principais representam os pesos que expressam a contribuição de cada variável na formação de cada componente. Destacaram-se valores positivos para peso médio do fruto (0,93), diâmetro do fruto (0,88), diâmetro da cavidade ovariana (0,75), comprimento do fruto (0,69), comprimento da cavidade ovariana (0,68) e espessura da polpa (0,57) explicando a variação máxima no PC1 (Tabela 4). Esses resultados sugerem que o PC1 está relacionado ao tamanho do fruto e suas respectivas conformações.

O segundo componente principal (PC2), com 14,65% da variância total, apresentou maiores contribuições para as características percentagem de volume de polpa (0,63) e altura da inserção do primeiro fruto (-0,60), indicando associação com atributos relacionados à rendimento de polpa e altura da frutificação. Os dois primeiros componentes principais, em conjunto, explicaram 38,75% da variabilidade total observada (Tabela 4). O terceiro componente principal (PC3), explicou 13,13% da variância total e esteve associado, principalmente, ao número de frutos comerciais (0,71), altura da planta (0,70), produção (0,70) e diâmetro do colmo (0,51), indicando variação relacionada ao vigor vegetativo associado à produtividade dos genótipos avaliados.

O quarto componente principal (PC4), responsável por 9,37% da variância total, apresentou maior contribuição para percentagem de volume de polpa (0,68), sendo associado a atributos de qualidade de fruto e, em menor intensidade, à espessura de polpa (0,49) e nós sem frutos (0,43). O quinto componente principal (PC5), explicou 8,75% da variância total e foi caracterizado, principalmente, pela firmeza do fruto (0,75) e firmeza da polpa (0,61), evidenciando o componente relacionado à textura e resistência dos frutos.

O sexto componente principal (PC6), com 7,37% da variância explicada, apresentou valores moderados para firmeza da polpa (0,43) e teor de sólidos solúveis (0,43), indicando contribuição secundária dessas variáveis em qualidade interna do fruto. O sétimo componente principal (PC7), explicou 6,74% da variância total, foi caracterizado, principalmente, pelo número de frutos deformados (-0,49), refletindo uma parcela complementar da variabilidade fenotípica associada à qualidade comercial dos frutos (Tabela 4).

Tabela 4. *Eigen value* (EV), porcentagem da variância explicada (PVE), variância explicada acumulada (VEA) e *loading* das características para sete componentes principais.

Descrição	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7
EV	4,097	2,491	2,233	1,593	1,487	1,253	1,146
PVE	24,10	14,65	13,13	9,37	8,75	7,37	6,74
VEA	24,10	38,75	51,88	61,26	70,00	77,37	84,11
AIPF	0,20	-0,60	0,25	0,40	0,11	0,02	0,30
AP	0,04	-0,48	0,70	0,20	0,09	0,11	0,02
DC	-0,10	-0,34	0,51	0,26	0,10	0,37	0,07
NFC	-0,11	0,49	0,71	-0,28	-0,01	-0,13	0,35
NFD	-0,45	-0,14	0,35	0,21	-0,38	0,36	-0,49
NSF	0,28	-0,38	-0,21	0,43	0,38	-0,31	0,37
PMF	0,93	0,04	0,08	0,02	-0,08	-0,01	-0,13
PROD	0,28	0,50	0,70	-0,24	-0,09	-0,15	0,27
FF	0,27	0,24	0,01	-0,11	0,75	0,27	-0,14
FP	0,19	0,41	-0,01	-0,02	0,61	0,43	-0,13
TSS	-0,11	-0,17	0,08	-0,24	-0,07	0,43	0,16
CF	0,69	0,23	-0,27	0,20	-0,31	0,36	0,29
DF	0,88	-0,14	0,20	-0,04	-0,03	-0,18	-0,33
CCO	0,68	0,16	-0,27	0,06	-0,34	0,42	0,28
DCO	0,75	-0,46	0,10	-0,38	0,00	-0,11	-0,22
EP	0,57	0,42	0,23	0,49	-0,07	-0,19	-0,30
%VP	-0,30	0,63	0,05	0,68	0,00	-0,08	-0,04

PC_i: principal componente; AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); AP: altura da planta (cm); DC: diâmetro do colmo (cm); NFC: número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem frutos; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: produção (t ha⁻¹); 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); %VP: porcentagem de volume de polpa.

Dessa forma, os componentes principais permitiram a síntese da variabilidade observada, evidenciando ampla diversidade fenotípica entre os genótipos avaliados. Segundo Pereira et al. (1992) em análises de componentes principais, a variância explicada pelos primeiros componentes tende a ser maior quando são avaliadas menos características ou quando estas estão associadas a diferentes partes da planta, o que reduz a dispersão da variabilidade entre múltiplos componentes.

Resultados semelhantes têm sido relatados em estudos com genótipos de mamoeiro, nos quais a análise de componentes principais permitiu sintetizar a variabilidade fenotípica e discriminar os genótipos avaliados, sendo os primeiros componentes aqueles que concentraram as maiores contribuições das características avaliadas (Costa et al., 2023; Santana et al., 2023).

O gráfico de dispersão bidimensional foi construído a partir dos dois primeiros componentes principais, os quais explicaram conjuntamente 38,8% da variação total observada entre as progênies S₁, sendo 24,1% atribuídos ao PC1 e 14,7% ao PC2 (Figura 2). Esses componentes possibilitaram a visualização da ampla variabilidade fenotípica morfoagronômica entre as progênies avaliadas, permitindo identificar padrões de associação entre os grupos heteróticos e as características agronômicas mensuradas.

O primeiro componente principal (PC1) contribuiu para a separação parcial dos grupos Solo e Formosa, refletindo, principalmente, em diferenças relacionadas ao desempenho produtivo, ao tamanho e o formato do fruto (Figura 2). Santa-Catarina et al. (2020b), ao avaliarem progênies provenientes da população-base do primeiro ciclo de seleção recorrente em mamoeiro por meio da análise de componentes principais, verificaram que as características relacionadas ao tamanho dos frutos concentraram a maior parte da variabilidade fenotípica entre os genótipos.

Para a interpretação das associações entre as características, foi baseada na orientação e magnitude dos vetores em que ângulos agudos ($< 90^\circ$), retos ($= 90^\circ$) e obtusos ($> 90^\circ$) indicam correlações positivas, nulas e negativas, respectivamente (Yan e Frégeau-Reid, 2018).

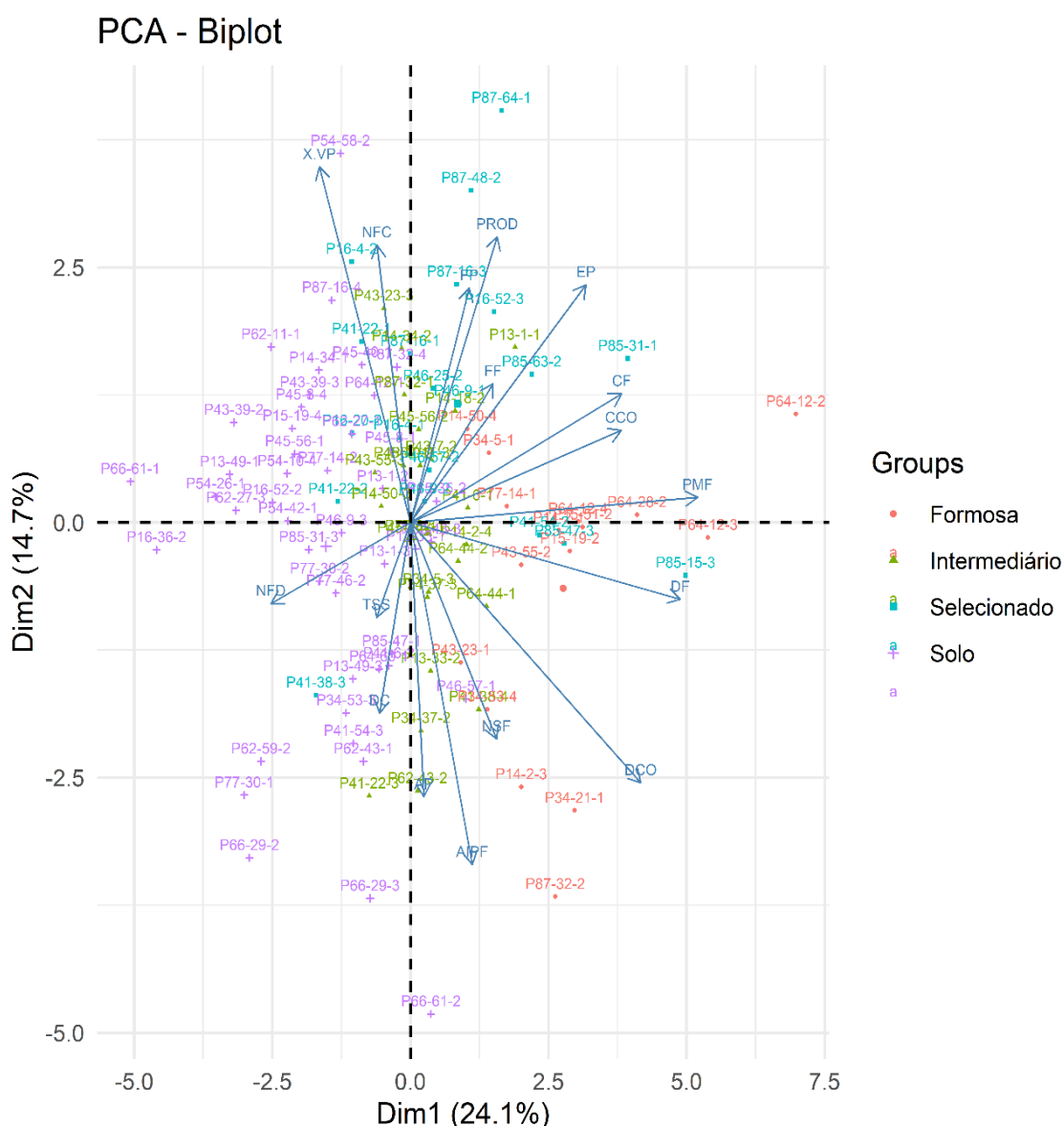


Figura 2. Gráfico bidimensional para dois principais componentes. AP: altura da planta do caule. AIPF: altura da inserção do primeiro fruto. DC: diâmetro do caule. NFC: número de frutos comerciais. NSF: nós sem frutos. NFD: número de frutos deformados. PMF: peso médio dos frutos. PROD: Produção. FF: firmeza do fruto. FP: firmeza da polpa. TSS: teor de sólidos solúveis. CF: comprimento do fruto. DF: diâmetro do fruto. CCO: comprimento da cavidade ovariana. DCO: diâmetro da cavidade ovariana. EP: espessura da polpa. %VP: porcentagem de volume de polpa.

No primeiro quadrante, observou-se predominância de genótipos do grupo Formosa, além de parte dos indivíduos intermediários e progênies selecionadas, associados às variáveis PROD, PMF, CF, CCO, EP, FF e FP. A reduzida angulação e a direção semelhante dos vetores evidenciaram correlação positiva entre essas características, indicando que progênies com maior desempenho produtivo tendem

a estar relacionadas a frutos de maior tamanho, maior espessura de polpa e maior firmeza.

Entre os indivíduos mais próximos desse conjunto, destacaram-se P64-12-2, P16-52-3, P85-63-2, P85-31-1, P13-1-1, P87-16-3 e P87-48-2, sugerindo potencial para seleção de genótipos superiores quanto aos atributos produtivos e de qualidade dos frutos. A concentração predominante de materiais do grupo Formosa nessa região reforça a associação desse grupo heterótico com frutos de maior tamanho e maior desempenho produtivo.

Resultados semelhantes foram descritos por Oliveira et al. (2010), que observaram correlações positivas entre comprimento, diâmetro e espessura da polpa dos frutos. Da mesma forma, Silva et al. (2016b) verificam que a massa dos frutos apresentou correlação positiva com as demais características morfológicas do fruto, corroborando a associação observada entre PMF, CF, DF e EP no presente estudo.

Em oposição a esse conjunto, no segundo quadrante, concentraram-se as variáveis %VP e NFC, vinculadas, principalmente, a genótipos do grupo Solo, e parte dos indivíduos intermediários e progênies selecionadas. A proximidade e mesma direção dos vetores de %VP e NFC demonstraram associação positiva, de modo que progênies com maior número de frutos comerciais apresentam maior proporção de polpa nos frutos. Os genótipos mais associados a esses atributos foram P54-58-2, P16-4-2, P87-16-4 e P62-11-1. A maior concentração de materiais Solo nessa região sugere associação desse grupo com características ligadas à produção de frutos comerciais e ao maior aproveitamento de polpa, embora tenha sido observada variabilidade fenotípica dentro do próprio grupo.

Por outro lado, no terceiro quadrante, o número de frutos deformados (NFD) apresentou orientação oposta às variáveis relacionadas ao desempenho produtivo e à qualidade dos frutos (PROD, PMF, EP, FF, FP, CF e CCO), indicando correlação negativa entre si. Essa disposição vetorial sugere que progênies com maior incidência de NFD estão associadas a menor produtividade e qualidade de fruto. Os genótipos localizados mais próximos dessa variável foram P77-30-2 e P77-46-2, predominantemente pertencentes ao grupo Solo, evidenciando a existência de variabilidade fenotípica entre os materiais desse grupo heterótico.

Os indivíduos classificados como intermediários apresentaram distribuição mais ampla no espaço bidimensional entre os diferentes conjuntos de características observados no PC1 (Figura 2). Parte desses genótipos posicionou-se mais próxima das características ligadas ao desempenho produtivo, tamanho e firmezas dos frutos, enquanto outros se localizaram próximos ao número de frutos

comerciais e porcentagem de volume de polpa. Esse comportamento reforça o caráter transicional entre os grupos heteróticos Solo e Formosa, reunindo diferentes combinações de características morfoagronômicas.

O segundo componente principal (PC2) esteve relacionado, principalmente, às diferenças entre os genótipos quanto à arquitetura da planta, presença de nós sem frutos e atributos morfológicos dos frutos (Figura 2). No quarto quadrante, as variáveis DF e DCO exibiram vetores próximos e orientação semelhante, revelando correlação positiva entre si, indicando incremento simultâneo dessas características. Assim, progênies com frutos de maior diâmetro tendem a apresentar cavidades ovarianas mais amplas. Os indivíduos P85-15-3, P34-21-1 e P64-12-3 mostraram maior proximidade com esse conjunto de atributos.

As variáveis AP, AIPF e NSF apresentaram orientação semelhante, demonstrando associação positiva. Esse comportamento sugere que plantas mais altas tendem a manifestar maior inserção do primeiro fruto e maior número de nós sem frutos. Os indivíduos mais relacionados a essas características que se destacaram: P62-43-2, P34-53-4, P14-2-3 e P87-32-2.

O TSS localizado no terceiro quadrante, apresentou posicionamento relativamente isolado em relação ao conjunto de variáveis associadas ao desempenho produtivo e orientação oposta ao vetor de PMF, indicando tendência de correlação negativa entre essa característica. Esse padrão reflete a dificuldade de reunir, em um mesmo genótipo, elevado desempenho produtivo e maiores teores de açúcar no fruto. Esse resultado está de acordo com o de Reis et al. (2015), que verificaram correlação negativa entre TSS e PMF.

O diâmetro do caule (DC), representado por um vetor de reduzida magnitude e próximo à origem do gráfico, apresentou baixa contribuição para a discriminação fenotípica das progênies nos dois primeiros componentes principais. De acordo com Yan (2014), vetores curtos implicam que a variável em questão apresenta fraca associação com as demais variáveis.

As progênies selecionadas ocuparam diferentes quadrantes do gráfico, concentrando-se, principalmente, próximo ao conjunto de características relacionadas ao desempenho produtivo, qualidade dos frutos e rendimento de polpa (Figura 2). Esse padrão sugere que o processo de seleção permitiu identificar progênies superiores com diferentes combinações de atributos, independentemente do grupo heterótico de origem, evidenciando potencial para utilização em estratégias futuras de melhoramento genético.

A análise de agrupamento baseada no método UPGMA, permitiu a formação de sete grupos distintos entre si, a uma distância de Mojena igual a

187,97, considerando conjuntamente as dezessete características morfoagronômicas avaliadas, evidenciando diferentes níveis de similaridade entre os 105 indivíduos S₁ da população UCP-C1 (Figura 3).

O grupo I (cor vermelha), foi composto por um único indivíduo; V (cor azul), VI (cor preta) e VII (cor roxa) foram constituídos por três, sete e doze indivíduos, respectivamente, associados ao padrão Formosa. Os grupos II (cor amarela) formado com um genótipo e o III (cor verde) reuniu 32 indivíduos compatíveis com o padrão Solo, enquanto o grupo IV (cor vinho) concentrou o maior número de indivíduos, totalizando 49 genótipos Intermediários (entre Solo e Formosa).

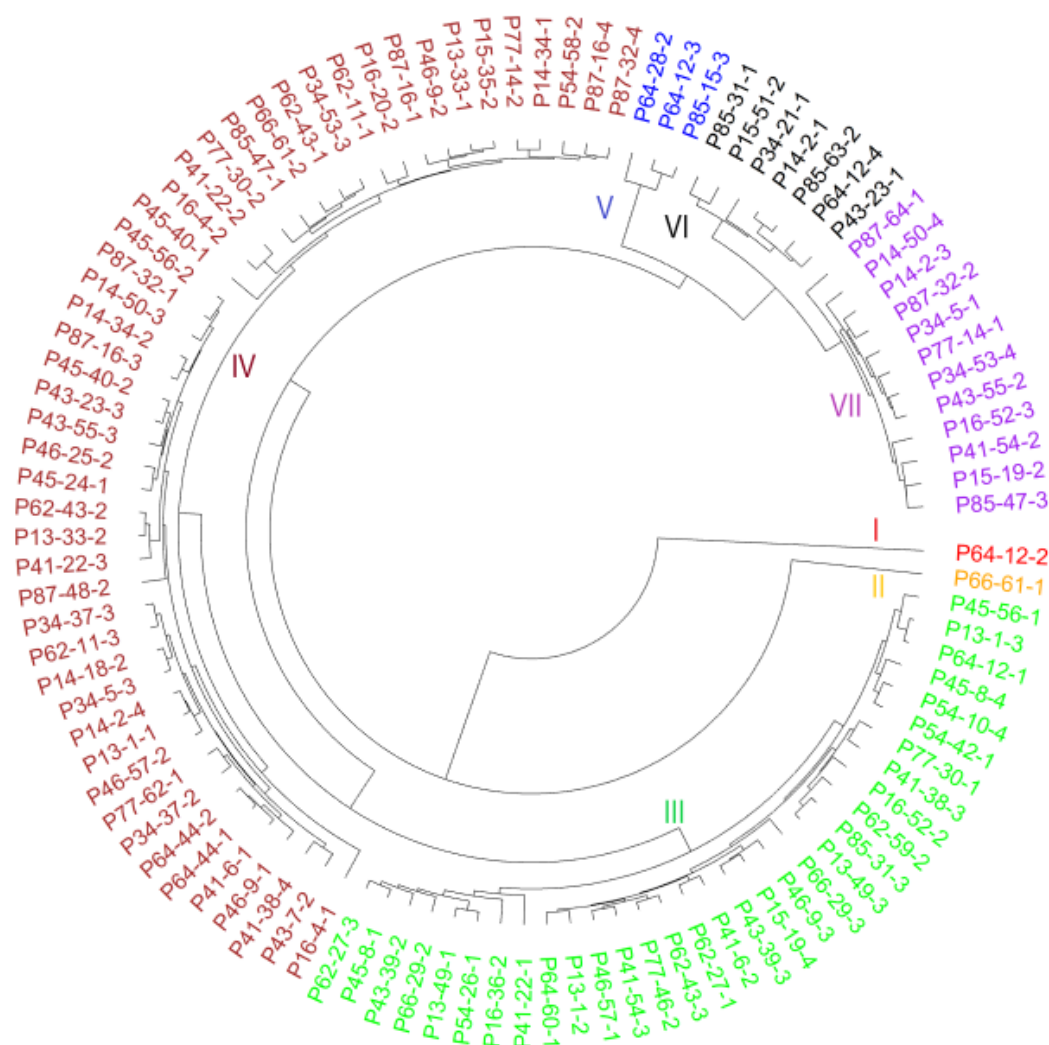


Figura 3. Dendrograma obtido pelo método da ligação média entre grupos (UPGMA), com base na análise de 105 genótipos S₁ de mamoeiro, usando a distância média euclidiana padronizada para a análise de 17 características. K = coeficiente de correlação cofenética (0,64). distância mínima = 21,55. distância máxima = 1822,03. distância média = 330,20. distância de mojena = 187,97.

No mamoeiro, o tamanho do fruto constitui um dos critérios empregados para distinguir os grupos heteróticos, considerando a massa individual dos frutos (Luz et al., 2015). Os frutos do grupo Solo apresentam menor peso, variando entre 300 e 650 g, característica associada a maior aceitação comercial e ao mercado de exportação em razão do tamanho reduzido dos frutos. Diferentemente, os frutos do grupo Formosa apresentam maior massa, variando entre 1000 e 1300 g, podendo ultrapassar 2000 g, sendo formados predominantemente por híbridos comerciais, embora possam incluir linhagens (Dias et al., 2011; Oliveira et al., 2012).

A identificação de genótipos com base na distância genética tem se revelado uma importante ferramenta em programas de melhoramento, pois permite a avaliação da diversidade entre os grupos formados e a identificação de genótipos divergentes capazes de fornecer linhagens promissoras para cruzamentos direcionados. Essa estratégia contribui para a ampliação da base genética e, consequentemente, para o aumento da variabilidade disponível (Santana et al., 2023).

A distinção entre os grupos em relação ao tamanho dos frutos foi confirmada pelas médias de PMF. O grupo I apresentou os maiores valores, com frutos superiores a 2000 g, os grupos V, VI e VII reuniram genótipos com médias acima de 1000 g (Formosa). Em contraste, o grupo II apresentou os menores médias (<300 g), o grupo III média de 553 g, compatíveis com o padrão Solo e o grupo IV com média superior a 800 g, reforçando sua classificação intermediário (Figura 4a).

Para os frutos comerciais, observou-se variação entre os grupos formados com o IV apresentando a maior média (27 frutos), seguido do grupo VII (25 frutos). Os grupos I, II, III e VI apresentaram médias semelhantes, variando em torno de 19 a 21 frutos, enquanto o grupo V apresentou os menores valores médios (12 frutos) (Figura 4b). Esses padrões observados em PMF e NFC refletem diretamente o desempenho produtivo dos grupos, uma vez que a produção resulta do produto entre as duas características. Assim, os maiores valores produtivos foram verificados para os grupos I, VII e VI (76 a 45 t ha⁻¹, respectivamente) associados aos maiores pesos médios. Em contraste, menor produção para os grupos II 9 t ha⁻¹ e III 22 t ha⁻¹, diretamente influenciado ao menor peso (Figura 4c).

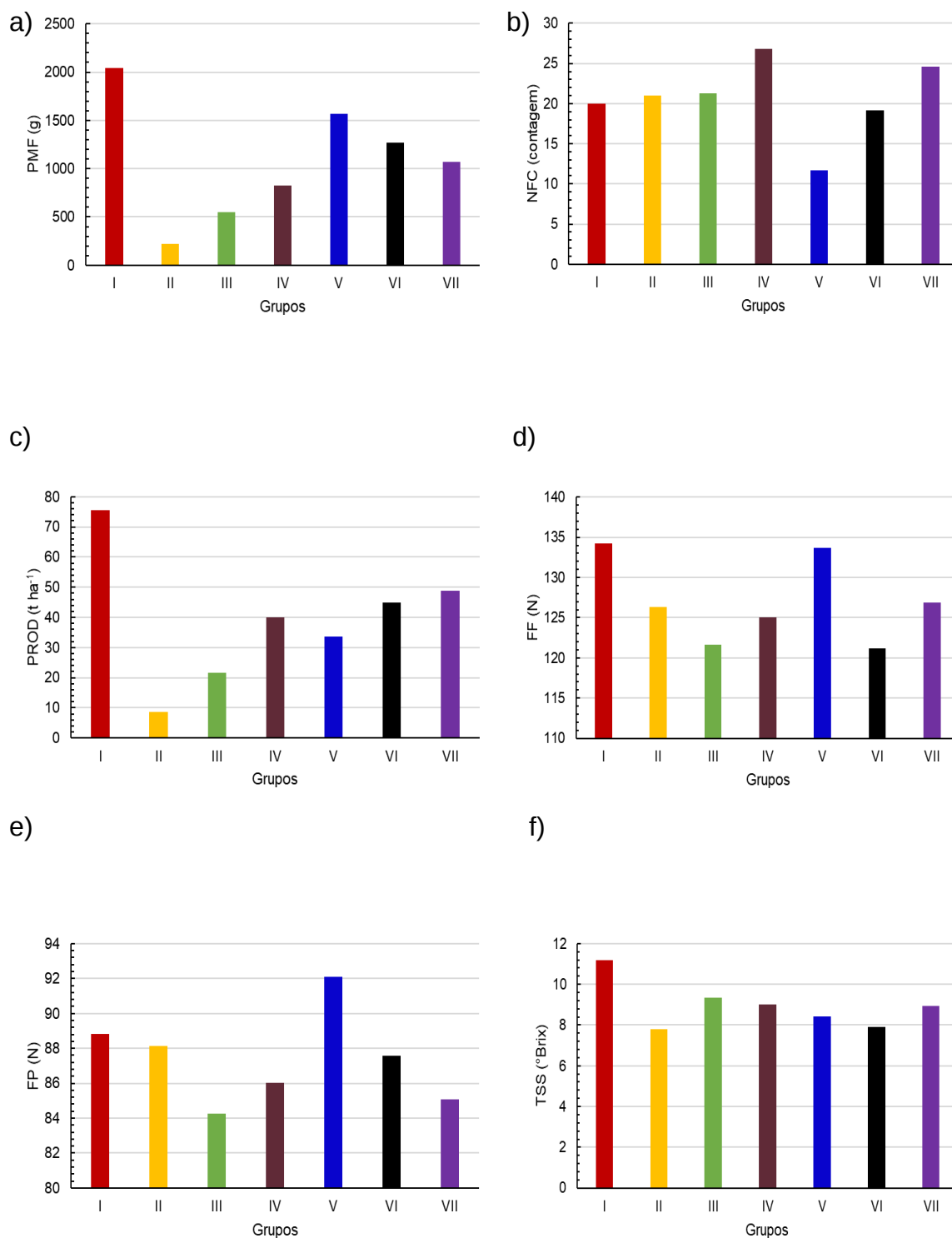


Figura 4. Representação gráfica das médias de sete grupos para seis características importantes agronomicamente para a cultura do mamoeiro, avaliados na população UCP-C1 do segundo ciclo de seleção recorrente. a) PMF – Peso médio de fruto. b) NFC – Número de frutos comerciais. c) PROD – Produção. d) FF – Firmeza do fruto. e) FP – Firmeza da polpa. f) TSS – Teor de sólidos solúveis.

Em relação as médias das firmezas, a FF verificou-se variação entre os grupos com valores maiores para os grupos I e V (134 N), seguidos pelo grupo VII (127 N), enquanto as menores médias ocorreram nos grupos VI (121 N) e III (122 N) (Figura 4d), e para a FP as médias variaram entre os grupos V e III de 92 a 84 N, respectivamente (Figura 4e). Entre a característica de TSS observou médias variando de 11 a 8 °Brix, com destaque para o grupo I (11 °Brix); III, IV e VII (9 °Brix) e de menores amplitudes grupos II, V e VI (8 °Brix) (Figura 4f).

Com os resultados desta caracterização, foi evidenciado ampla variabilidade para as características relacionadas à produção e à qualidade dos frutos, fornecendo subsídios para a seleção de genitores e o planejamento de cruzamentos em etapas subsequentes do programa de melhoramento.

A exploração de cruzamentos entre e dentro dos grupos Solo e Formosa tem demonstrado potencial para obtenção de híbridos com grandes variações no tamanho dos frutos e elevado desempenho agrônomo, ressaltando a importância da caracterização dos grupos para direcionamento de estratégias de melhoramento (Cardoso et al., 2014).

Considerando que os grupos I e II apresentaram características contrastantes em relação ao peso médio, produção, firmeza de fruto e teor de sólidos solúveis, estes podem constituir alternativas promissoras para direcionamento de cruzamento intergrupo (Solo x Formosa), visando à recombinação para diferentes segmentos do mercado consumidor nacional e internacional. O rendimento produtivo tende a ser priorizados em sistemas comerciais devido ao impacto direto sobre a rentabilidade da cultura enquanto atributos relacionados à FF, FP e ao TSS possuem importância para a conservação pós-colheita, resistência ao transporte e aceitação do fruto pelo consumidor. Nesse contexto, a ocorrência de grupos divergentes é de grande importância para o melhoramento genético do mamoeiro, visto que características agrônomicas de interesse nem sempre estão associadas a um mesmo indivíduo.

Os grupos referentes ao padrão Solo, II e III, possuem médias favoráveis para firmezas de polpa e fruto, teor de sólidos solúveis e frutos comerciais o que possibilita a seleção de materiais voltados ao desenvolvimento de linhas puras superiores direcionado em cruzamento intragrupo (Solo x Solo) à obtenção de frutos de tamanho menor e de maior aceitação comercial. Outra perspectiva é a

incorporação do grupo IV (Intermediário), tratando-se de indivíduos com maior NFC, PMF e PROD, resultando em frutos com características intermediárias.

De forma distinta, os grupos I, V, VI e VII reúnem genótipos com alta heterogeneidade resultando em subgrupos dentro do padrão Formosa para as características de peso médio, frutos comerciais, firmezas de polpa e fruto e teores de sólidos solúveis, podendo ser utilizado em cruzamento intragrupo (Formosa x Formosa) para seleção de linhagens de maior uniformidade dentro do grupo heterótico, assim como seleção de linhagens heterogêneas entre si, levando a obtenção de híbridos com características agronômicas superiores para produtividade e qualidade de fruto.

5.4 Seleção combinada entre e dentro de progênes S₁

Entre as dezesseis progênes avaliadas, foram selecionadas cinco famílias S₁ superiores por meio do índice de seleção combinada (ISC), utilizando os valores genéticos preditos e pesos agronômicos padronizados, conforme proposto por Ramos et al. (2014) (Tabela 5). A seleção foi realizada no desempenho conjunto das 17 características morfoagronômicas relacionadas à produtividade e qualidade de fruto.

Verificou-se que os maiores ganhos percentuais foram observados para NFC (35,90%) e PROD (30,38%) (Tabela 5). Esses resultados refletem os elevados pesos atribuídos a essas características no índice de seleção, priorizando genótipos com maiores valores genéticos preditos. Embora o efeito genotípico para PROD não tenha sido significativo, o ganho genético estimado decorre da predição dos valores genéticos pelo método REML/BLUP, devendo sua magnitude ser interpretada com cautela devido à limitada variabilidade genética detectada para essa característica. As novas médias preditas de 31,63 frutos comerciais e 45,17 t ha⁻¹ demonstram o potencial das famílias selecionadas para avanço de gerações e utilização no programa de melhoramento.

Pinto et al. (2013), ao utilizarem modelos mistos associados ao ISC em progênes segregantes de mamoeiro, verificaram ganhos genéticos ligado diretamente a produtividade. Cortes et al. (2019) avaliaram linhagens superiores de mamoeiro utilizando o ISC e os valores genéticos preditos, observaram ganhos variando de 3,07% a 26,61% PROD e de 15,02% a 29,78% para NFC, colaborando com os resultados do presente estudo.

Apesar da seleção visar redução para o NFD e NSF, os ganhos obtidos para essas características foram positivos (20,89% e 8,74%, respectivamente), indicando aumento dessas variáveis nas famílias selecionadas (Tabela 5). Esse comportamento pode ser explicado pela associação entre o potencial produtivo e o número de frutos deformados, uma vez que plantas com maior produção tendem a apresentar maior número absoluto de frutos, incluindo aqueles deformados. Além disso, a média populacional de NFD foi aproximadamente o dobro da observada para NFC, favorecendo a obtenção de ganhos positivos para essa característica, mesmo com a atribuição de peso negativo no índice de seleção.

Dentre as progênies selecionadas, as famílias 16 e 41 contribuíram de forma mais expressiva para os ganhos em NFD e NSF, respectivamente. A família 16 apresentou elevado incremento para NFD ($G_S = 35,89$ e $NM = 87,57$), porém destacou-se pelo ganho para NFC (13,29), resultando em nova média de 36,56 frutos comerciais, maior produtividade ($G_S = 15,66 \text{ t ha}^{-1}$; $NM = 50,30 \text{ t ha}^{-1}$) e maior firmeza do fruto ($G_S = 3,09 \text{ N}$; $NM = 127,17 \text{ N}$), além das maiores médias previstas para EP (2,45 cm) e %VP (81,89%). De forma semelhante, a família 41 observou-se maior incremento para NSF ($G_S = 7,62$ e $NM = 46,37$), mas destacou-se para PROD ($G_S = 13,48 \text{ t ha}^{-1}$; $NM = 48,12 \text{ t ha}^{-1}$), e maior TSS ($G_S 0,40$ °Brix e NM de 9,40 °Brix) e elevado NFC ($G_S = 12,22$; $NM = 35,49$).

Resultados semelhantes foram observados por Cortes et al. (2018), que, ao empregarem seleção combinada em linhagens de mamoeiro, verificaram ganhos positivos para NFD em alguns genótipos selecionados, atribuindo ao fato de que plantas mais produtivas também apresentavam maior número de frutos deformados, elevando a média dessa característica.

Assim, os ganhos positivos para NFD e NSF podem ser interpretados como consequência da compensação entre as características que compõem o ISC. Contudo, essas variáveis receberam pesos negativos e o elevado desempenho das progênies para NFC, PROD, FF, TSS, EP e %VP aliado aos maiores pesos atribuídos a essas características no índice de seleção, foi determinante para a seleção dessas famílias, superando o efeito desfavorável do aumento em NFD e NSF.

Tabela 5. Ganhos genéticos e novas médias preditas para 17 características morfoagronômicas avaliadas em progênes S₁ de mamoeiro obtidas por seleção entre famílias via ISC.

Famílias	AIPF		AP		DC		NFC		NFD		NSF		PMF		PROD	
	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM
16	5,36	110,26	38,56	291,99	1,28	12,66	13,29	36,56	35,89	87, 57	0,40	39,16	57,49	869,53	15,66	50,30
41	9,27	114,18	29,30	282,73	1,37	12,75	12,22	35,49	4,23	55,92	7,62	46,37	101,83	913,87	13,48	48,12
46	5,91	110,81	15,43	268,86	0,42	11,80	5,47	28,74	1,79	53,48	3,89	42,64	70,75	882,79	5,99	40,63
85	4,51	109,41	17,01	270,44	1,10	12,48	0,94	24,21	9,11	60,80	2,92	41,67	238,56	1050,60	5,23	39,87
87	1,07	105,98	3,12	256,55	0,00	11,38	9,85	33,12	2,97	54,66	2,10	40,85	123,08	935,12	12,26	46,90
Média	5,22	110,13	20,68	274,11	0,83	12,22	8,36	31,63	10,80	62,49	3,39	42,14	118,34	930,38	10,53	45,17
G _S %	4,98		8,16		7,34		35,90		20,89		8,74		14,57		30,38	

Famílias	FF		FP		TSS		CF		DF		CCO		DCO		EP		%VP	
	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM
16	3,09	127,17	2,49	88,13	0,22	9,22	0,00	18,99	0,46	9,77	0,00	14,45	0,03	4,95	0,26	2,45	3,21	81,89
41	0,25	124,34	1,48	87,13	0,40	9,40	0,83	19,82	0,24	9,55	0,81	15,26	0,32	5,23	0,02	2,21	0,19	78,86
46	3,76	127,84	2,97	88,62	0,30	9,30	0,72	19,71	0,34	9,65	0,73	15,18	0,24	5,16	0,08	2,28	0,71	79,38
85	3,40	127,49	3,55	89,20	0,33	9,34	1,80	20,79	0,98	10,29	1,67	16,12	0,50	5,41	0,23	2,42	0,98	79,66
87	0,93	125,02	0,60	86,25	0,24	9,25	1,49	20,49	0,53	9,84	1,29	15,74	0,18	5,10	0,20	2,39	1,85	80,53
Média	2,29	126,37	2,22	87,87	0,30	9,30	0,97	19,96	0,51	9,82	0,90	15,35	0,25	5,17	0,16	2,35	1,39	80,06
G _S %	1,84		2,59		3,31		5,09		5,49		6,23		5,14		7,10		1,77	

AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); AP: altura da planta (cm); DC: diâmetro do colmo (cm); NFC: número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem frutos; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: produção (t/ha⁻¹); 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); %VP: percentagem de volume de polpa; G_s: Ganho com a seleção; NM: nova média predita das famílias selecionadas; G_s%: ganho com a seleção em percentagem.

Para as características relacionadas ao porte da planta e tamanho do fruto, observaram-se ganhos percentuais de 4,98% para AIPF, 8,16% para AP, 7,34% para DC e 14,57% para PMF, resultando em novas médias preditas de 110,13 cm, 274,11 cm, 12,22 cm e 930,38 g, respectivamente (Tabela 5). Os incrementos observados para AP e AIPF indicam aumento na arquitetura das progênes selecionadas, sugerindo resposta correlacionada à seleção via ISC, considerando que essas características receberam menor peso agrônômico no índice em comparação aos caracteres produtivos e de qualidade dos frutos.

Para DC, o ganho observado sugere genótipos com maior vigor estrutural, característica potencialmente favorável. Em relação ao PMF, caracteriza-se a indivíduos pertencentes aos grupos Intermediários e Formosa, evidenciando potencial para obtenção de frutos com maior massa.

Com as características físico-químicas do fruto, observou-se ganhos genéticos positivos, porém de menor magnitude quando comparados às características produtivas. Para as firmezas, verificaram-se ganhos médios de seleção de 2,29 N com a FF e 2,22 N para FP, correspondendo a $G_S\%$ de 1,84% e 2,59%, respectivamente. Esses ganhos resultaram em novas médias preditas de 126,37 N para FF e 87,87 N para FP, indicando incremento na resistência mecânica dos frutos e da polpa. Essas características são prioritárias em programas de melhoramento do mamoeiro, especialmente pela contribuição para a resistência pós-colheita, conservação, transporte e aceitação comercial.

Santa-Catarina et al. (2019), ao avaliarem genótipos de mamoeiro provenientes das etapas de retrocruzamento até a conversão sexual, relataram médias de 112,12 N para FF e 85,48 N para FP. Em relação às médias reportadas pelos autores, as famílias selecionadas neste estudo apresentaram valores superiores para ambas as características, indicando a eficiência da seleção na obtenção de materiais com maior resistência mecânica dos frutos e da polpa.

O TSS, observou-se ganhos médios de 0,30 °Brix, equivalente ao ganho percentual de 3,31%, resultando em nova média predita de 9,30 °Brix, demonstrando aumento no teor de açúcares presentes na polpa. Esses resultados consoam com os de Cortes et al. (2019) que não constatarem ganhos significativos para características relacionadas à qualidade dos frutos, como FF, FP e TSS, ao avaliarem linhagens superiores de mamoeiro via índice de seleção combinada. De acordo com Miranda et al. (2022), a utilização de pesos agrônômicos equivalentes

em índices de seleção favorece ganhos genéticos positivos para FF, FP e TSS, mesmo sob correlação negativa e baixa variabilidade genotípica.

Para as variáveis comprimento e diâmetro do fruto e da cavidade ovariana, foram observados médias do ganho com a seleção de 0,97 cm para CF, 0,51 cm para diâmetro do fruto DF, 0,90 cm para CCO e 0,25 cm para DCO, correspondendo a $G_S\%$ de 5,09%, 5,49%, 6,23% e 5,14%, respectivamente (tabela 5). O comprimento e o diâmetro do fruto constituem importantes atributos de qualidade comercial, uma vez que influenciam a padronização, a classificação e o acondicionamento dos frutos durante o armazenamento e o transporte. Por sua vez, as dimensões da cavidade ovariana estão diretamente relacionadas à espessura da polpa do fruto, sendo desejáveis cavidades proporcionais ao tamanho do fruto obtendo maior aproveitamento comercial.

Para EP, foram observados os maiores ganhos com a seleção ($G_S = 7,10\%$), resultando em média de 2,35 cm, enquanto para %VP o ganho estimado foi de 1,77%, elevando a média para 80,06% (Tabela 5). Pereira e Santa-Catarina (2021), ao avaliarem genótipos da população base UCP-C0, relataram média de 2,14 cm para EP, valor semelhante ao observado nas progênes selecionadas neste trabalho. Esse resultado evidencia a eficiência da seleção em promover ganhos genéticos para a espessura da polpa, característica de grande importância comercial por estar diretamente relacionada ao rendimento da porção comestível e à qualidade dos frutos destinados ao consumo *in natura*.

Após a seleção das famílias superiores, realizou-se a seleção dentro dessas progênes, visando explorar a variabilidade intrafamiliar e maximizar os ganhos genéticos para os caracteres de interesse. Com intensidade de seleção de 25%, foram identificados 20 indivíduos com desempenho superior considerando as 17 características morfoagronômicas avaliadas, totalizando quatro genótipos por progênie selecionada (Tabela 6).

Tabela 6. Ganhos genéticos e novas médias preditas para 17 características morfoagronômicas avaliadas em genótipos S₁ de mamoeiro obtidos por seleção dentro de progênie superiores via ISC.

B	F	I	AIPF		AP		DC		NFC		NFD		NSF		PMF		PROD	
			G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM
4	16	3	7,71	112,61	49,29	302,72	1,59	12,98	17,57	40,84	31,92	83,61	1,48	40,23	130,72	942,76	23,96	58,60
1	16	2	5,51	110,42	42,49	295,92	1,79	13,17	17,24	40,51	32,75	84,44	0,88	39,63	48,25	860,29	20,67	55,31
1	16	1	6,79	111,70	54,94	308,37	1,67	13,06	16,92	40,19	56,32	108,00	0,95	39,70	77,32	889,37	22,11	56,75
2	16	2	4,34	109,24	36,43	289,85	1,47	12,85	16,36	39,63	45,64	97,32	0,54	39,29	75,24	887,28	18,50	53,14
2	41	1	8,35	113,25	34,57	288,00	1,71	13,09	18,17	41,44	11,32	63,01	7,51	46,27	55,71	867,76	17,98	52,62
2	41	2	9,17	114,07	27,90	281,32	1,85	13,23	17,35	40,63	1,77	53,46	8,43	47,18	83,87	895,92	19,38	54,02
4	41	2	10,51	115,41	32,90	286,32	2,13	13,51	14,96	38,23	8,23	59,92	8,79	47,54	148,91	960,96	18,89	53,53
3	41	3	9,66	114,56	43,98	297,40	2,01	13,39	15,22	38,49	6,26	57,95	9,48	48,23	69,14	881,18	16,21	50,85
2	46	2	5,42	110,33	21,81	275,24	0,65	12,03	7,62	30,89	6,53	58,21	3,14	41,89	108,68	920,72	7,69	42,33
4	46	2	5,60	110,51	14,67	268,10	0,59	11,97	6,18	29,46	1,50	53,18	5,17	43,92	127,78	939,82	7,03	41,67
1	46	1	6,16	111,06	22,17	275,60	0,30	11,68	5,79	29,06	2,04	53,73	5,06	43,81	106,05	918,09	6,78	41,42
1	46	2	7,35	112,25	22,55	275,97	0,58	11,96	8,00	31,27	6,00	57,69	3,66	42,41	81,63	893,67	7,16	41,80
3	85	3	6,06	110,96	33,31	286,74	1,20	12,58	2,41	25,68	11,64	63,33	4,08	42,83	306,75	1118,80	7,82	42,46
2	85	1	5,08	109,99	17,66	271,09	1,04	12,42	2,56	25,83	2,57	54,25	4,44	43,19	347,22	1159,26	9,27	43,91
4	85	2	5,00	109,90	23,65	277,07	1,24	12,62	2,49	25,76	5,74	57,43	2,11	40,87	324,55	1136,59	8,24	42,88
1	85	3	8,63	113,53	15,49	268,92	1,33	12,72	1,23	24,50	3,06	54,75	6,23	44,98	363,73	1175,78	5,39	40,03
4	87	1	1,54	106,44	7,10	260,53	0,05	11,43	13,46	36,73	7,07	58,76	2,17	40,92	174,49	986,53	19,88	54,52
3	87	2	1,24	106,15	4,29	257,72	0,23	11,61	13,08	36,35	2,32	54,00	2,67	41,42	168,15	980,20	17,54	52,18
1	87	1	1,82	106,72	8,16	261,59	0,19	11,58	10,45	33,73	9,11	60,80	3,51	42,26	133,62	945,66	13,55	48,19
1	87	3	2,10	107,00	6,58	260,01	0,14	11,52	11,95	35,22	5,00	56,68	4,25	43,00	145,77	957,82	15,48	50,13
MG				104,90		253,43		11,38		23,27		51,69		38,75		812,04		34,64
MS				5,90		110,81		26,00		279,42		1,09		12,47		10,95		34,22
G _S %				5,63		10,26		9,56		47,05		24,84		10,91		18,95		40,93

AIPF: altura da inserção do primeiro fruto (cm); AP: altura da planta (cm); DC: diâmetro do colmo (cm); NFC: número de frutos comerciais; NFD: número de frutos deformados; NSF: nós sem frutos; PMF: peso médio dos frutos (g); PROD: produção (t ha⁻¹); B: bloco; F: família; I: indivíduo; G_S: Ganho com a seleção; NM: nova média predita dos genótipos selecionados; MG: média geral da população; MS: média dos selecionados; G_S%: ganho com a seleção em percentagem.

Tabela 6, Cont.

B	F	I	FF		FP		TSS		CF		DF		CCO		DCO		EP		%VP	
			G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM	G _S	NM
4	16	3	3,52	127,60	3,17	88,82	0,24	9,24	0,28	19,28	0,74	10,06	0,15	14,60	0,10	5,02	0,41	2,60	3,95	82,62
1	16	2	4,02	128,10	3,02	88,66	0,31	9,31	0,14	19,13	0,47	9,78	0,08	14,53	0,07	4,99	0,27	2,47	3,72	82,40
1	16	1	3,29	127,37	2,80	88,45	0,34	9,34	0,24	19,23	0,66	9,97	0,19	14,64	0,14	5,06	0,28	2,48	3,41	82,08
2	16	2	3,81	127,90	2,69	88,34	0,23	9,23	0,19	19,18	0,64	9,95	0,10	14,56	0,11	5,03	0,32	2,51	3,60	82,27
2	41	1	0,56	124,64	2,51	88,16	0,40	9,40	0,91	19,90	0,34	9,65	0,86	15,31	0,40	5,31	0,05	2,24	0,51	79,19
2	41	2	0,39	124,47	1,45	87,10	0,46	9,47	0,67	19,66	0,24	9,55	0,83	15,28	0,37	5,29	0,01	2,21	0,12	78,79
4	41	2	0,49	124,58	1,91	87,56	0,44	9,44	1,24	20,23	0,42	9,73	1,39	15,84	0,43	5,35	0,08	2,27	0,35	79,03
3	41	3	0,35	124,44	1,49	87,14	0,57	9,57	0,92	19,92	0,23	9,54	1,08	15,53	0,33	5,25	0,03	2,22	0,32	78,99
2	46	2	5,00	129,08	3,81	89,46	0,33	9,33	0,83	19,82	0,45	9,76	0,95	15,40	0,32	5,24	0,14	2,33	0,89	79,57
4	46	2	4,88	128,97	3,68	89,33	0,29	9,30	0,56	19,55	0,46	9,77	0,70	15,15	0,34	5,26	0,13	2,32	0,78	79,45
1	46	1	4,69	128,78	3,28	88,92	0,36	9,36	0,72	19,71	0,40	9,72	0,90	15,35	0,30	5,21	0,14	2,34	0,92	79,59
1	46	2	4,33	128,41	3,07	88,71	0,32	9,32	0,76	19,75	0,38	9,69	1,01	15,46	0,32	5,23	0,10	2,29	0,73	79,40
3	85	3	3,68	127,76	4,07	89,72	0,32	9,32	2,04	21,03	1,36	10,68	2,17	16,62	0,63	5,55	0,37	2,57	1,03	79,70
2	85	1	3,94	128,03	4,00	89,65	0,28	9,29	3,01	22,00	1,26	10,57	2,56	17,01	0,59	5,51	0,25	2,44	1,10	79,77
4	85	2	3,63	127,72	3,93	89,58	0,31	9,31	2,53	21,52	1,13	10,44	2,33	16,78	0,54	5,46	0,25	2,45	1,17	79,85
1	85	3	4,19	128,28	4,09	89,74	0,36	9,37	2,63	21,63	1,31	10,63	2,24	16,69	0,62	5,54	0,29	2,49	1,25	79,92
4	87	1	1,28	125,37	1,25	86,90	0,28	9,28	1,99	20,99	0,71	10,02	1,76	16,21	0,25	5,17	0,27	2,47	2,40	81,08
3	87	2	0,75	124,84	0,89	86,53	0,34	9,34	2,09	21,09	0,73	10,04	1,91	16,37	0,24	5,16	0,29	2,48	2,52	81,20
1	87	1	2,54	126,63	0,92	86,57	0,35	9,35	1,51	20,51	0,62	9,93	1,29	15,75	0,24	5,15	0,24	2,43	2,26	80,94
1	87	3	1,94	126,03	1,06	86,71	0,24	9,25	1,69	20,68	0,59	9,90	1,56	16,01	0,22	5,14	0,23	2,43	2,20	80,88
MG			124,09		85,65		9,00		18,99		9,31		14,45		4,99		2,19		78,67	
MS			2,86	126,95	2,65	88,30	0,34	9,34	1,25	20,24	0,66	9,97	1,20	15,65	0,33	5,25	0,21	2,40	1,66	80,34
G _S %			2,31		3,10		3,75		6,57		7,06		8,32		6,66		9,45		2,11	

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); %VP: porcentagem de volume de polpa; B: bloco; F: família; I: indivíduo; G_S: Ganho com a seleção; NM: nova média predita dos genótipos selecionados; MG: média geral da população; MS: média dos selecionados; G_S%; ganho com a seleção em porcentagem.

Entre os caracteres avaliados, destacaram-se NFC (47,05%) e PROD (40,93%) com altos ganhos, revelando forte resposta à seleção para produtividade. Ganhos estes acompanhados pelo incremento no PMF (153,88 g), com $G_S\%$ de 18,95%, evidenciando que a seleção favoreceu, simultaneamente, plantas com maior número de frutos comerciais e maior peso médio de frutos. Para o NFC, o resultado obtido corrobora com o de Silva et al. (2017a) ao avaliarem progênies S_2 de mamoeiro utilizando a metodologia REML/BLUP, verificaram maiores ganhos de seleção dentro para essa característica.

Em contrapartida, características consideradas agronomicamente indesejáveis, como NFD e NSF, apresentaram ganhos positivos de 24,84% e 10,91%, respectivamente, apesar dos pesos negativos atribuídos no índice de seleção. Os resultados desta seleção dentro refletiram o desempenho previamente observado nas famílias selecionadas, visto que os indivíduos superiores foram obtidos dessas progênies. Em decorrência disso, os indivíduos selecionados apresentaram desempenho compatível com o mérito genético das famílias de origem para as principais características agrônômicas.

Entre os caracteres vegetativos, AP apresentou ganho de 10,26%, com nova média de 279,42 cm, enquanto AIPF apresentou $G_S\%$ de 5,63%, resultando em nova média de 110,81 cm, e DC ganho de 9,56%, com incremento para 12,47 cm (Tabela 6). Embora acréscimos em altura da planta e altura de inserção do primeiro fruto nem sempre sejam desejáveis, uma vez que genótipos de menor porte podem facilitar a colheita e menor inserção do primeiro fruto a precocidade no início da frutificação, esses incrementos podem estar relacionados à resposta indireta da seleção para características produtivas e de qualidade de frutos.

Observou-se entre os indivíduos ranqueados como superiores, predominância de genótipos mais altos associados a maiores valores de produção, número de frutos comerciais e atributos de qualidade, sugerindo que a priorização desses caracteres no índice possa ter favorecido, indiretamente, incrementos em AP e AIPF. No entanto, o aumento no diâmetro do colmo pode ser considerado favorável, caules mais lenhosos requeridos para maior sustentação, especialmente em genótipos de maior potencial produtivo.

Para as características relacionadas a qualidade de frutos, verificaram-se maiores ganhos percentuais para EP com 9,45% com acréscimos médios de 2,40 cm após a seleção dos indivíduos, o que refletiu diretamente a %VP cujas médias

preditas variaram de 78,79% a 82,60% entre os genótipos selecionados (Tabela 6). Tais incrementos são agronomicamente desejáveis, dado que frutos com maior espessura de polpa apresentam maior rendimento e aproveitamento comercial, constituindo um dos principais atributos de interesse econômico na cultura do mamoeiro.

Para comprimento da cavidade ovariana (CCO), diâmetro do fruto (DF), diâmetro da cavidade ovariana (DCO) e comprimento do fruto (CF), os ganhos obtidos (8,32%, 7,06%, 6,66% e 6,57%, respectivamente) indicam alterações morfológicas relacionadas ao tamanho e conformação dos frutos. Embora tenham sido observados incrementos para cavidade ovariana, característica quando excessiva pode comprometer a proporção de polpa, as modificações sugerem que não comprometeram significativamente o rendimento de polpa dos frutos selecionados.

As firmezas de fruto e polpa e teor de sólidos solúveis resultaram em $G_S\%$ variando de 2,31% a 3,75%, com novas médias preditas superiores a 126 N, 88 N e 9 °Brix, respectivamente (Tabela 6). Apesar da menor magnitude dos ganhos quando comparados às demais características, os resultados são considerados favoráveis, por promoverem incrementos positivos em atributos diretamente relacionados a aspectos logístico, durabilidade, e qualidade sensorial dos frutos. Ademais, o uso do índice de seleção combinada possibilitou ganhos simultâneos em produtividade e qualidade, evitando que a forte priorização de caracteres produtivos resultasse em reduções expressivas nos atributos de qualidade dos frutos.

Levando em consideração que a seleção combinada permite a avaliação simultânea de características favoráveis e desfavoráveis para a cultura do mamoeiro. O índice mostrou-se eficiente na seleção entre e dentro das progênes S_1 , possibilitando a identificação de famílias e indivíduos superiores. Este método de seleção adotado proporcionou ganhos expressivos para número de frutos comerciais, produção e peso médio de fruto, aliados a incrementos em importantes atributos de qualidade de fruto.

Pirovani et al. (2022) ao avaliarem genitores de importantes híbridos comerciais de mamoeiro, observaram que o emprego do índice de seleção combinada possibilitou a seleção de genótipos com diferenciais de seleção positivos para NFC, PROD, FF, FP, TSS e EP.

6. CONCLUSÃO

As progênes S_1 de mamoeiro avaliadas e selecionadas reúnem alelos favoráveis para caracteres relacionados a produtividade e qualidade de fruto, revelando-se fontes promissora de variabilidade genética para utilização no melhoramento genético do mamoeiro.

A estimativa dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos constataram a existência de variabilidade genética explorável entre os genótipos avaliados, enquanto a predição dos ganhos genéticos e das novas médias demonstraram o progresso genético para as características de interesse.

A análise de diversidade genética contribuiu para a formação de sete grupos distintos entre os genótipos avaliados, possibilitando a identificação de materiais contrastantes e a exploração de estratégias de cruzamentos inter e intragrupo, ampliando as possibilidades de seleção de genótipos aos padrões Formosa, Solo e Intermediário.

A utilização do índice de seleção combinada permitiu a identificação de 5 progênes superiores (16, 85, 46, 41, 87) e a seleção dentro de 20 indivíduos que apresentaram desempenho agrônômico superior. Esses genótipos apresentam potencial genético para o avanço de geração por meio de autofecundações sucessivas para o desenvolvimento de novas linhagens *per se* e/ou genitoras de novos híbridos no programa de melhoramento genético do mamoeiro UENF/CALIMAN.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alvares, C.A., Stape, J.L., Sentelhas, P.C., Gonçalves, J.L.M., Sparovek, G. (2013) Koppen's climate classification map for Brazil. *Meteorologische Zeitschrift*, 22:711-728.
- Ara, N., Moniruzzaman, M., Begum, F., Khatoon, R. (2016). Genetic divergence analysis in papaya (*Carica papaya* L.) genotypes. *Bangladesh Journal of Agricultural Research*, 41(4), 647-656.
- 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.
- Barragán-Iglesias, J., Méndez-Lagunas, L. L., Rodríguez-Ramírez, J. (2018) Ripeness indexes and physicochemical changes of papaya (*Carica papaya* L.cv. Maradol) during ripening on-tree. *Sci Horti* 236:272–278.
- Barros, G. B. A., Aredes, F. A. S., Ramos, H. C. C., Santa-Catarina, R., Pereira, M.G. (2017) Capacidade combinatória de linhagens recombinadas de mamoeiro oriundas de retrocruzamento para conversão sexual. *Revista Ciência Agronômica* 48(1): 166-174.
- Bernardo, R. (2020). *Breeding for Quantitative Traits in Plants*. 3^a ed. Stemma Press, Woodbury, Minnesota. 422 p.

- Blas, A. L., Ming, R., Liu, Z., Veatch, O. J., Paull, R. E., Moore, P. H., Yu, Q. (2010) Cloning of the Papaya Chromoplast-Specific Lycopene β -Cyclase, CpCYC-b, Controlling Fruit Flesh Color Reveals Conserved Microsynteny and a Recombination Hot Spot^{1[W][OA]}. *Plant Physiology* 152:2013–2022.
- Borém A., Miranda, G. V., Fritsche-Neto, R. (2017) *Melhoramento de plantas*. Editora UFV, Viçosa, 7e. 543p.
- Borém, A., Miranda, G. V. (2013) *Melhoramento de plantas*. 6ª ed. rev. e ampl. Viçosa, MG: Ed. UFV, 523p.
- 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.
- Chiorato, A. F., Carbonell, S. A. M., Dias, L. A. D. S., & Resende, M. D. V. (2008). Prediction of genotypic values and estimation of genetic parameters in common bean. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 51(3):465-472
- Cortes, D. F. M., Santa-Catarina, R., Barros, G. B. A., Arêdes, F. A. S., Silveira, S. F., Ferregueti, G. A., Ramos, H. C. C., Viana, A. P., Pereira, M. G. (2017) Model-assisted phenotyping by digital images in papaya breeding program. *Scientia Agricola* 74:294-302.
- Cortes, D. F. M., Santa-Catarina, R., Azevedo, A. O. N., Poltronieri, T. P. S., Vettorazzi, J. C. F., Moreira, N. F., Ferregueti, G. A., Ramos, H. C. C., Viana, A. P., Pereira, M. G. (2018) Papaya recombinant inbred lines selection by image-based phenotyping, *Scientia Agricola* 75: 208–215.
- 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, N. H. A. D., Seraphin, J. C., Zimmermann, F. J. P. (2002) Novo método de classificação de coeficientes de variação para a cultura do arroz de terras altas. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 37:243-249.

- Costa, T. F., Lopes, B. G., Faria, G. A., Ribeiro, O. A. P. S., Soares-Rocha, P., Lima, J. F., Felizardo, L. M., Furlani Junior, E. (2023). Selection of desirable characters for papaya genetic improvement programs associated with hydric and thermal stress. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, 27(5): 422-428.
- Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S. (2012) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Editora UFV, v. 2, 514 p.
- Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S., Regazzi, A. J. (2014) *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 668 p.
- Damasceno Junior, P. C., Pereira, T. N. S., Silva, F. F., Viana, A. P., Pereira, M. G. (2008) Comportamento floral de híbridos de mamoeiro (*Carica papaya* L.) avaliados no verão e na primavera. *Revista Ceres*, 55: 310-316.
- Damasceno Junior, P. C., Costa, F. R., Pereira, T. N. S., Neto, M. F., Pereira, M. G. (2009a) Karyotype determination in three Caricaceae species emphasizing the cultivated form (*Carica papaya* L.). *Caryologia*, 62: 10-15.
- Damasceno Junior, P. C., Pereira, T. N. S., Pereira, M. G., Silva, F. F., Souza, M. M., Nicoli, R. G. (2009b) Preferential reproduction mode of hermaphrodite papaya plant (*Carica papaya* L.; Caricaceae). *Revista Brasileira de Fruticultura*, 31: 182-189.
- Dantas, J. L. L., Castro Neto, M. T. (2000) Aspectos botânicos e fisiológicos. In: Trindade, A. V. (org.) *Mamão: produção, aspectos técnicos*. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, p. 11–14.
- Dantas, J. L. L., Lima, J. F. (2001) Seleção e recomendação de variedades de mamoeiro: avaliação de linhagens e híbridos. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal, 23: 617–621.
- Dias, P. N. L., Oliveira, E. J., Dantas, J. L. (2011) Avaliação de genótipos de mamoeiro com uso de descritores agronômicos e estimativa de parâmetros genéticos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 46(11): 1471-1479.
- 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.

- 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.
- FAOSTAT. (2024) Food and Agriculture Organization of the United Nations. Disponível em: <<https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>>. Acesso em: 11 abr. 2026.
- Faria, A. R. N., et al. (2009) *A cultura do mamão*. Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, 3. ed. rev. ampl. Brasília – DF: Embrapa Informação Tecnológica, 130 p.
- 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, J. P., Schmildt, E. R., Schmildt, O., Cattaneo, L. F., Alexandre, R. S., Cruz, C. D. (2016) Comparison of methods for classification of the coefficient of variation in papaya. *Revista Ceres*, 63(2):138-144.
- Freitas Júnior, S. P., Amaral Júnior, A. T., Rangel, R. M., Viana, A. P. (2009) Genetic gain prediction on UNB-2U popcorn population under recurrent selection by using different selection indexes. *Semina: Ciências Agrárias*, 30:803-814.
- Hallauer, A. R., Miranda Filho, J. B., Carena, M. J. (2010) *Quantitative genetics in maize breeding*. Springer, New York, 663 p.
- Hazel, L. N. (1943) The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28:476-490.
- Hofmeyr, J. D. J. (1938) Genetical studies of *Carica papaya* L. *African Dept. Agric. For. Sci. Bull.*, 187:1-46.
- Hull, F. H. (1945) Recurrent selection for specific combining ability in corn. *Journal of the American Society of Agronomy*, 37:134-145.
- IBGE. (2024) Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: <<https://www.ibge.gov.br/>>. Acesso em: 11 abr. 2026.

- Ide, C. D., Pereira, M. G., Viana, A. P., Pereria, T. N. S. (2009) Use of testers for combining ability and selection of papaya hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 1:60-66.
- Kakar, N., Jumaa, S. H., Redoña, E. D., Warburton, M. L., Reddy, K. R. (2019) Evaluating rice for salinity using pot-culture provides a systematic tolerance assessment at the seedling stage. *Rice*, 12(1):1-14.
- Koc, A. B. (2007) Determination of watermelon volume using ellipsoid approximation and image processing. *Postharvest Biology Technology* 45: 366-371.
- Koul, B., Pudhuvai, B., Sharma, C., Kumar, A., Sharma, V., Yadav, D., Jin, J. (2022) *Carica papaya* L.: A Tropical Fruit with Benefits beyond the Tropics. *Diversity*, 14(8):683.
- Liao, Z., Zhang, X., Zhang, S., Lin, Z., Zhang, X., Ming, R. (2021) Structural variations in papaya genomes. *BMC Genomics*, 22(1):1-13.
- Lucena, C. C. (2016) *Polos de produção de mamão no Brasil*. Cruz das Almas – BA: Embrapa, Ed. 01, p. 54.
- Lucena, C. C., Gerum, A. F. A. A., Santana, M. A., Souza, J. S. (2021) *A cultura do Mamoeiro: Aspectos Socioeconômicos*. Embrapa, Ed. 01, Cap. 1, p. 32.
- Luz, L. N., Pereira, M. G., Barros, F. R., Barros, G. D. B., Ferreguetti, 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. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 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 unimultivariado. *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., Pereira, M. G., Amaral Junior, A. T., Marteletto, L. A. P., Ide, C. D. (2006b) Partial diallel to evaluate the combining ability for economically important traits of papaya. *Scientia Agricola*, 6:540-546.
- Martins, D. S., Ventura, J. A., Fereguetti, G. A., Marin, S. L. D. (2024) *Recomendações técnicas para o cultivo do mamoeiro*. Vitória – ES: Editora Incaper, 198 p.
- Melo, C. A. F., Souza, M. M., Viana, A. P., Santos, E. A., Souza, V. O., Corrêa, R. X. (2016) Morphological characterization and genetic parameter estimation in backcrossed progenies of *Passiflora* L. for ornamental use. *Scientia Horticulturae*, 212:91-103.
- Ming, R., Yu, Q., Moore, P. H. (2007) Sex determination in papaya. *Seminars in Cell & Developmental Biology*, 18(3):401-408.
- Ming, R., Yu, Q., Moore, P. H. (2012) Papaya genome and genomics. In: *Genomics of Tree Crops*. Schnell, R. J., Priyadarshan, P. M. (eds.). New York, NY: Springer, 241–259.
- 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. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 68:1473–1486.
- Mojena, R. (1977) Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. *The Computer Journal*, 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., Moitinho, A. C. R. (2018) Intrapopulation recurrent selection by mixed models in papaya of the Formosa group. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 40(3).

Moreira, S. O., Kuhlcamp, K. T., Barros, F. L. S., Zucoloto, M., Godinho, T. O. (2019a) Selection index based on phenotypic and genotypic values predicted by REML/BLUP in papaya. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 41.

Moreira, N. F., Pereira, T. N. S., Santa Catarina, R., Cortes, D. F. M., Vettorazzi, J. C. F., Ramos, H. C. C., Viana, A. P., Pereira, M. G. (2019b) Quantification of floral abnormalities in a population generated from sexual polymorphism aiming at recurrent selection in papaya. *Bragantia*, 78(2):158-165.

Nascimento, A. L., Schmildt, O., Ferregueti, G. A., Krause, W., Schmildt, 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*, 18(2).

Oliveira, E. J., Dantas, J. L. L., Castellen, M. S., Lima, I. D. S., Barbosa, H. S., Motta, T. B. N. (2007) Marcadores moleculares na predição do sexo em plantas de mamoeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 42:1747-1754.

Oliveira, E. J., Lima, D. S., Lucema, R. S., Motta, T. B. N., Dantas, J. L. J. (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.

Pearson, K. (1901) Principal components analysis. *The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science*, 6(2):559.

Pereira, A.V., Vencovsky, R., Cruz, C.D. (1992) Selection of botanical and agronomical descriptors for the characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm. *Revista Brasileira de Genética* 15:115–124.

- Pereira, M. G., Poltronieri, T. P. S., Pereira, T. N. S., Ramos, H. C. C., Santa-Catarina, R., Vettorazzi, J. C. F., Aredes, F. A. Z., 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., Ferreguetti, G. A. (2019a) Twenty-two-year papaya breeding program: from breeding strategy establishment to cultivar development. *Functional Plant Breeding Journal*, 1(2):9-27.
- Pereira, M. G., Luz, L. N., Santa-Catarina, R., Ramos, H. C. C., Pereira, T. N. S., Barros, G. B. A., Ferreguetti, 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. (2019b) UC10: a new early Formosa papaya cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19:131-134.
- Pereira, M. G., Luz, L. N., Santa-Catarina, R., Ramos, H. C. C., Pereira, T. N. S., Barros, G. B. A., Ferreguetti, 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) 'UC14': a new papaya cultivar with intermediate fruit size. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 19:226-229.
- Pereira, M. G., Santa-Catarina, R. (2021) Recurrent selection in papaya: An effective strategy for the continuous development of new cultivars. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 21(S): e381321S7.
- Pimentel, A. J. B., Guimarães, J. F. R., Souza, M. A., Resende, M. D. V., Moura, L. M., Rocha, J. R. A. S. C., Ribeiro, G. (2014) Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 49:882-890.
- Pinto, F. O., Luz, L. N., Pereira, M. G., Cardoso, D. L., Ramos, H. C. C. (2013) Metodologia dos modelos mistos para seleção combinada em progênies segregantes de mamoeiro. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, 8:211-217.
- R Core Team (2018) *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Available online at <https://www.r-project.org/>.
- 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.

Ramos, H. C. C., Pereira, M. G., Viana, A. P., Luz, L. N., Cardoso, D. L., Ferreguetti, G. A. (2014) Combined Selection in Backcross Population of Papaya (*Carica papaya* L.) by the Mixed Model Methodology. *American Journal of Plant Sciences*, 05:2973-2983.

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) *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. 975p.

Resende, M. D. V., 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. (2016) Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16:330-339.

Rodrigues, A. S. (2025) *Avaliação e seleção de novos híbridos de mamoeiro*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 76 p.

Santa-Catarina, R., Cortes, D. F. M., Vettorazzi, J. C. F., Ramos, H. C. C., Ferreguetti, G. A., Pereira, M. G. (2018) Image-based phenotyping of morpho-agronomic traits in papaya fruits (*Carica papaya* L. THB var.). *Australian Journal of Crop Science*, 12(11):1750-1756.

Santa-Catarina R., Cortes, D. F. M., Vettorazzi, J. C. F., Poltronieri, T. P. S., Barros, G. B. A., Arêdes, F. A. S., Azevedo, A. O. N., Ramos, H. C. C., Pereira M. G. (2019) Combining ability for fruit yield and quality in papaya recombinant inbred lines from the sexual conversion backcrossing. *Euphytica* 215: 54-164.

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. (2020a) 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. S., Poltronieri, T. P. S., Miranda, D. P., Pirovani, A. A. V., Moreira, N. F., Vivas, M., Pereira, M. G. (2020b) Phenotypic characterization of recurrent selection S₁ Papaya (*Carica papaya* L.) families by multivariate approach. *Euphytica*, 216:117-2020.
- 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. S., Duarte, R. P., Pereira, M. G. (2023) Exploring genetic diversity in inbred papaya lines for fruit quality in advanced stage of improvement. *Scientific Reports*, 13:13431.
- Santos, A. D., Ceccon, G., Teodoro, P., Correa, A., Alvarez, R., Da Silva, J. F., Alves, V. (2016) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão-caupi ereto via REML/BLUP e GGE Biplot. *Bragantia*, 75:299-306.
- Shen, Y. H., Yang, F. Y., Lu, B. G., Zhao, W. W., Jiang, T., Feng, L., Chen, X. J., Ming, R. (2019) Exploring the differential mechanisms of carotenoid biosynthesis in the yellow peel and red flesh of papaya. *BMC Genomics*, 20:49.
- 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., Viana, A. P., Daher, R. F., Ferregueti, G. A. (2008) Estimation of genetic parameters related to morphoagronomic and fruit quality traits of papaya. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 8:65-73.

- Silva, M. G. M., Viana, A. P. (2012) Alternativas de seleção em população de Maracujazeiro-Azedo sob Seleção Recorrente Intrapopulacional. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 34:525-531.
- Silva, C. A., Schmildt, E. R., Schmildt, O., Alexandre, R. S., Cattaneo, L. F., Ferreira, J. P., Nascimento, A. L. (2016) Correlações fenotípicas e análise de trilha em caracteres morfoagronômicos de mamoeiro. *Revista Agroambiente*, 10(3):217-227.
- Silva, T. P., Vidal Neto, F. C., Vale, J. C. (2017a) Prediction of genetic gains with selection between and within S₂ progenies of papaya using the REML/Blup analysis. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 52(12):1167–1177.
- Silva, C. A., Nascimento, A. L., Ferreira, J. P., Schmildt, O., Malikouski, R. G., Alexandre, R. S., Ferreguetti, G. A., Schmildt, E. R. (2017b) Genetic diversity among papaya accessions. *African Journal of Agricultural Research*, 12(23):2041-2048.
- Silva Junior, I. R. (2023) *Seleção recorrente intrapopulacional em mamoeiro: seleção de progênies superiores*. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Campos dos Goytacazes – RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, 121 p.
- Singh, H. P., Raigar, O. P., Chahota, R. K. (2022) Estimation of genetic diversity and its exploitation in plant breeding. *The Botanical Review*, 1-23.
- Smith, H. F. (1936) A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7:240-250.
- Storey, W. B. (1969) Papaya. In: Ferwerda, F. P., Wit, F., Veenman, H., Zoen, N. V. (eds.) *Outlines of perennial crop breeding in the tropics*. The Netherlands: Wageningen, 389–408.
- Upadhyay, R. K. (2024) Nutritional, therapeutical, and pharmaceutical uses of papaya: a review. *International Journal of Green Pharmacy*, 18(1):12.
- Vettorazzi, J. C. F., Santa-Catarina, R., Poltronieri, T. P. de S., Marmolejo, D. F., Cortes, A. O. N. A., Miranda, D. P., Santana, Silva, J. G., Cancela, H. C., Ramos,

- Pereira, M. G. (2021) Combining ability of recombined F4 papaya lines: a strategy to select hybrid combination. *Sci. Agric.*, 78.
- Viana, A. P., Resende, M. D. V. (2014) *Genética quantitativa no melhoramento de fruteiras*. 1. ed. Rio de Janeiro: Interciência, 282 p.
- Vivas, M., Silveira, S. F., Terra, C. E. P. S., Pereira, M. G. (2010) Reação de germoplasma e híbridos de mamoeiro à mancha-de-phoma (*Phoma caricae-papayae*) em condições de campo. *Tropical Plant Pathology*, 35:323-328.
- Vivas, M., Silveira, S. F., Viana, A. P., Amaral Junior, A. T., Cardoso, D. L., Pereira, M. G. (2014) Efficiency of circulant diallels via mixed models in the selection of papaya genotypes resistant to foliar fungal diseases. *Genetics and Molecular Research*, 13:4797-4804.
- Yadav, P. K., Sikarwar, R. S., Rathore, M. S., Tiwari, S. (2023) Studies on genetic divergence (D2) for yields and its attributing traits in wheat (*Tritium aestivum* L.). *The Pharma Innovation Journal*, 12(3):5344-534.
- Yan, W. (2014) *Crop Variety Trials: Data Management and Analysis*. John Wiley & Sons, Hoboken, NJ. 360 p.
- Yan, W., Frégeau-Reid, J. (2018) Genotype by Yield*Trait (GYT) biplot: A novel approach for genotype selection based on multiple traits. *Scientific Reports*, 8:1–10.