



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA/FITOTECNIA

TAMIRIS PEREIRA DA SILVA

**PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS VIA REML/BLUP EM PROGÊNIES S<sub>2</sub> DE  
MAMOEIRO**

FORTALEZA

2015

TAMIRIS PEREIRA DA SILVA

**PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS VIA REML/BLUP EM PROGÊNIES S<sub>2</sub> DE  
MAMOEIRO**

Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre.

Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador: Prof. D.Sc. Júlio César do Vale Silva.

FORTALEZA

2015

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
Universidade Federal do Ceará  
Biblioteca de Pós-Graduação em Engenharia - BPGE

- 
- S584p Silva, Tamiris Pereira da.  
Predição de ganhos genéticos via REML/BLUP em progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro / Tamiris Pereira da Silva. – 2015.  
55 f.: il. color.
- Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Fortaleza, 2015.  
Área de Concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.  
Orientação: Prof. Dr. Júlio César do Vale Silva.  
Coorientação: Prof. Dr. Francisco das Chagas Vidal Neto.

1. Carica papaya L. 2. Parâmetros genéticos. 3. Modelos mistos. I. Título.

TAMIRIS PEREIRA DA SILVA

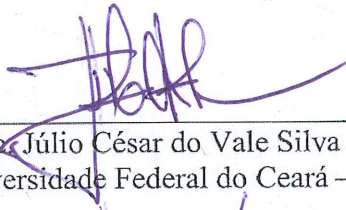
**PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS VIA REML/BLUP EM PROGÊNIES S<sub>2</sub>  
DE MAMOEIRO**

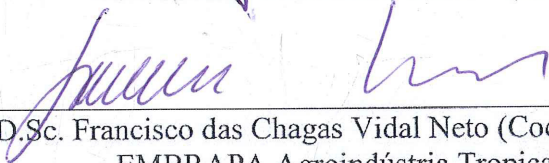
Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial para obtenção do título de Mestre.

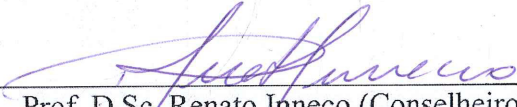
Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

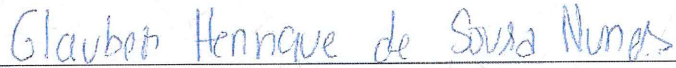
Aprovada em 14 / 07 / 2015

BANCA EXAMINADORA

  
Prof. D.Sc. Júlio César do Vale Silva (Orientador)  
Universidade Federal do Ceará – (UFC)

  
D.Sc. Francisco das Chagas Vidal Neto (Coorientador)  
EMBRAPA Agroindústria Tropical

  
Prof. D.Sc. Renato Inneco (Conselheiro)  
Universidade Federal do Ceará - UFC

  
Prof. D.Sc. Glauber Henrique de Sousa Nunes (Conselheiro)  
Universidade Federal Rural do Semi-Árido - UFERSA

Ao eterno e estimado amigo,  
George Ronan Pereira Pinheiro  
(*in memoriam*).

**DEDICO.**

## AGRADECIMENTOS

À Deus e Nossa Senhora de Fátima, luz em meu caminho, fonte de força nos melhores e piores momentos de minha vida.

À minha mãe Maria do Socorro, a pessoa mais especial que tenho, minha maior fonte de carinho, aquela que se dedicou ao longo desses meus 28 anos pra que hoje eu estivesse aqui, escrevendo essas linhas. Ao meu pai Wilson, que onde quer que esteja, me protege de todo mal.

Aos meus tios Santino Tavares, Waverley Tavares, Zenaide Tavares e Zildene Menezes por tanto amor me dedicar e por sempre me apoiarem em minha jornada acadêmica.

À Ivone P. Sabóia, Julio Sabóia e Zilcélio Menezes que me dedicaram auxílio de verdadeiros pais, estando dispostos sempre que precisei nesses período longe de casa. Não tenho palavras que consigam descrever a importância de vocês nesta fase.

A amiga Laianny Moraes Maia, minha “sister”, que esteve comigo todos os dias dessa jornada, e nesta cidade divide comigo seu lar, alegrias, tristezas, aventuras e desventuras.

A alguns amigos do Cariri, de longas datas e infindável afeto, que sempre me amparam quando o peso da vida faz o desenho do sorriso se esconder. Em especial a Débora Lima, pela fiel amizade, sempre estando disposta a segurar minha mão a qualquer momento.

Às vizinhas Rosenya e Karla, que me abrigaram com internet e amizade em tempos difíceis de escrita.

À família paterna que tanto afeto tem por mim e que nenhuma distância o faz cessar. Especialmente à madrinha, prima e amiga Neide Pereira.

Ao professor Júlio César DoVale, pela orientação e exemplo de compromisso com a docência mesmo diante das dificuldades impostas.

Ao co-orientador Francisco das Chagas Vidal Neto, pela paciência e humildade em repassar seus conhecimentos. Aos membros da banca avaliadora, professores Glauber H. de Sousa Nunes e Renato Inecco, por aceitarem participar e contribuir neste trabalho.

À Universidade Federal do Ceará, em especial ao programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, pela oportunidade de realização do curso, assim como a todo corpo docente que contribuiu pra construção do meu conhecimento. À CAPES, pela concessão da bolsa de estudos. À EMBRAPA Agroindústria Tropical, por propiciar condições para realização deste trabalho.

Ao grupo de pesquisa de melhoramento vegetal, pelos árduos e felizes momentos em que trabalhamos e juntos aprendemos: Renata, Neto, Leane, Marcelo, Kadson, Ingrid e Fernanda.

Aos colegas e amigos que fiz na pós-graduação em Fitotecnia, pra onde quer que eu vá vou sempre levar comigo todo companheirismo e carinho que recebi aqui.

## LISTA DE TABELAS

- Tabela 1. Identificação das progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro e dos híbridos comerciais (testemunhas) usados no estudo. Paraipaba, Ceará, 2015. 25
- Tabela 2. Teste da razão de verossimilhança e valores de F para os efeitos de progênie, contraste entre progênie e testemunha, variação dentro das progênies e populações composta pelas diferentes progênies para os caracteres fenológicos, altura da primeira flor (ALT1<sup>a</sup>FL), altura do primeiro fruto (ALT1<sup>o</sup>FR), altura de planta aos seis meses (ALTPL6M), aos 12 meses (ALTPL12M) e aos 18 meses (ALTPL18M), diâmetro de caule aos seis meses (DIAC6M), aos 12 meses (DIAC12M) e aos 18 meses (DIAC18M), dias após o plantio para floração (DAPFL) e frutificação (DAPFR), em 36 progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro e dois híbridos comerciais (testemunhas). Paraipaba, Ceará, 2015. 31
- Tabela 3. Teste da razão de verossimilhança e valores de F para os efeitos de progênie, contraste entre progênie e testemunha, variação dentro das progênies e populações composta pelas diferentes progênies para os caracteres referentes à produção, número (NFCOM), massa (MFCOM) e massa média de frutos comerciais (MMFCOM), número (NFCAR) e massa (MFCAR) de frutos carpelóides, número (NFPEN) e massa de frutos pentândricos (MFPEN), número (NFBAN) e massa de frutos bananiformes (MFBAN), em 36 progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro e dois híbridos comerciais (testemunhas). Paraipaba, Ceará, 2015. 32
- Tabela 4. Componentes de variância e parâmetros genéticos estimados para os caracteres fenológicos, altura da primeira flor (ALT1<sup>a</sup>FL), altura do primeiro fruto (ALT1<sup>o</sup>FR), altura de planta aos seis meses (ALTPL6M) e aos 12 meses (ALTPL12M), diâmetro de caule aos seis meses (DIAC6M) e aos 18 meses (DIAC18M), dias após o plantio para floração (DAPFL) e frutificação (DAPFR), em 36 progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro e dois híbridos comerciais (testemunhas). Paraipaba, Ceará, 2015. 34
- Tabela 5. Componentes de variância e parâmetros genéticos estimados para os caracteres referentes à produção, número (NFCOM), massa (MFCOM) e massa média de frutos comerciais (MMFCOM), massa de frutos 35



carpelóides (MFCAR), número de frutos pentândricos (NFPEN), número (NFBAN) e massa de frutos bananiformes (MFBAN), em 36 progênes S<sub>2</sub> de mamoeiro e dois híbridos comerciais (testemunhas). Paraipaba, Ceará, 2015.

- Tabela 6. Efeito gênico aditivo (a), valor genético aditivo (u+a) e ganho genético acumulado (GA), preditos para 36 progênes (Prg) S<sub>2</sub> de mamoeiro, quanto a altura da primeira flor (ALT1<sup>a</sup>FL), altura do primeiro fruto (ALT1<sup>o</sup>FR), altura de planta aos seis meses (ALTPL6M) e aos 12 meses (ALPPL12M)<sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015. 38
- Tabela 7. Efeito gênico aditivo (a), valor genético aditivo (u+a) e ganho genético acumulado (GA), preditos para 36 progênes (Prg) S<sub>2</sub> de mamoeiro, quanto ao diâmetro do caule aos 6 meses (DIAC6M) e aos 12 meses (DIAC12M), (ALT1<sup>o</sup>FR), dias após o plantio para floração (DAPFL) e frutificação (DAPFR)<sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015. 39
- Tabela 8. Efeito gênico aditivo (a), valor genético aditivo (u+a) e ganho genético acumulado (GA), preditos para 36 progênes (Prg) S<sub>2</sub> de mamoeiro, quanto ao número (NFCOM), massa (MFCOM) e massa média de frutos comerciais (MMFCOM) e massa de frutos carpelóides (MFCAR)<sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015. 40
- Tabela 9. Efeito gênico aditivo (a), valor genético aditivo (u+a) e ganho genético acumulado (GA), preditos para 36 progênes (Prg) S<sub>2</sub> de mamoeiro, quanto ao número de frutos pentândricos (NFPEN), número de frutos (NFBAN) e massa de frutos bananiformes (MFBAN) <sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015. 41
- Tabela 10. Efeito genético aditivo (a), valor genético aditivo individual (u+a) e ganhos genético acumulado (GA, %), preditos com seleção de 10 e 20% dos melhores genótipos (planta) dentro e entre 36 progênes S<sub>2</sub> de mamoeiro, quanto a altura da primeira flor (ALT1<sup>a</sup>FL), altura do primeiro fruto (ALT1<sup>o</sup>FR), altura de planta aos seis meses (ALTPL6M) e aos 12 meses (ALTPL12M)<sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015. 43
- Tabela 11. Efeito genético aditivo (a), valor genético aditivo individual (u+a) e ganho genético acumulado (GA, %), preditos com seleção de 10 e 20% dos melhores genótipos (planta) dentro e entre 36 progênes S<sub>2</sub> de mamoeiro, quanto ao diâmetro do caule aos seis meses (DIAC6M) e aos 18 meses 44

(DIAC18M), dias após o plantio para floração (DAPFL) e frutificação (DAPFR)<sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015.

- Tabela 12 Efeito genético aditivo (a), valor genético aditivo individual (u+a) e ganho genético acumulado (GA, %), preditos com seleção de 10 e 20% dos melhores genótipos (planta) dentro e entre 36 progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro quanto ao número (NFCOM), massa (MFCOM) e massa média de frutos comerciais (MMFCOM), massa de frutos carpelóides (MFCAR)<sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015. 45
- Tabela 13 Efeito genético aditivo (a), valor genético aditivo individual (u+a) e ganho genético acumulado (GA, %), preditos com seleção de 10 e 20% dos melhores genótipos (planta) dentro e entre 36 progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro quanto ao número de frutos pentândricos (NFPEN), número (NFBAN) e massa de frutos bananiformes (MFBAN)<sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015. 46

## RESUMO

O reduzido número de cultivares de mamoeiro registrados, tem feito com que melhoristas acessem a variabilidade genética da espécie, a fim de reunir em um só genótipo o máximo de fenótipos exigidos pelos produtores e consumidores. Dentre os híbridos comerciais, Tainung nº 1 e Calimosa são os mais empregados, onde este primeiro tem suas sementes importadas de Taiwan a altos custos. Tem-se então buscado metodologias mais eficientes de seleção, a fim de aumentar a acurácia seletiva e obter maiores ganhos genéticos. Em razão disto, a adoção de procedimentos genético-estatísticos mais refinados é uma tendência no melhoramento genético de plantas, como a metodologia REML/BLUP. Com base no exposto, objetivou-se com o presente estudo: (i) estimar os principais parâmetros genéticos em progênies de mamoeiro, (ii) prever os ganhos genéticos com a seleção das melhores progênies e (iii) com a seleção dos melhores indivíduos dentro de progênies. O experimento foi conduzido no Campo Experimental do Curu, pertencente à Embrapa Agroindústria Tropical no município de Paraipaba. O material genético foi constituído de progênies 36 progênies S<sub>2</sub> e duas testemunhas, sendo 17 derivadas do híbrido Calimosa e 19 do Tainung nº1, avaliadas no delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições. Os caracteres avaliados foram altura de primeira flor, fruto e planta aos 6, 12 e 18 meses; diâmetro de caule aos 6, 12 e 18 meses; quantidade de dias após plantio para surgimento da primeira flor e fruto; número, massa e massa média de frutos comerciais e número e massa de frutos carpelóides, pentândricos e bananiformes. Para análises dos dados, a metodologia utilizada foi via modelos lineares mistos REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/ Best Linear Unbiased Prediction*), onde foram estimados os parâmetros genéticos e feita a predição dos valores genéticos. As magnitudes dos parâmetros genéticos estimados indicaram que a variabilidade presente para a maioria dos caracteres, possibilita maiores ganhos genéticos se a seleção for praticada a nível de progênies e não por plantas individuais, já que os maiores valores de herdabilidades e acurácias são relativos a média de progênies. Para a seleção entre progênies, PROC-323, PROC-130, PROT-13 e PROC-217, foram as mais promissoras, comportando-se com ganhos genéticos superiores entre maior parte dos caracteres envolvidos. Na seleção entre e dentro de progênies, os indivíduos 1421 e 1422 são os mais potenciais para continuidade da seleção. O aumento da expressividade de caráter foi superior para número de frutos comerciais e a redução da expressividade foi superior para número de frutos pentândricos.

**Palavras-chave:** *Carica papaya* L. Parâmetros genéticos. Modelos mistos. Acurácia seletiva. Caracteres agrônômicos.

## ABSTRACT

The reduced number of registered papaya cultivars has made breeders to access the genetic variability of the species in order to gather in one genotype the maximum phenotypes required by producers and consumers. Among the commercial hybrids, Tainung 1 and Calimosa are the most used, which the first has its seeds imported from Taiwan to high costs. In order to increase the accuracy and to obtain selective genetic gain, more efficient selection methodologies have been explored. For this reason, the adoption of more refined genetic statistical procedures is a trend in plant breeding, such as the REML / BLUP methodology. Based on the above, the aims of the present study are: (i) estimate the main genetic parameters in papaya progenies, (ii) predict genetic gain with selection of the best progenies and (iii) the selection of the best individuals within the progenies. The experiment was conducted at the Experimental Field of Curu, which belongs to Embrapa Agroindústria Tropical in the municipality of Paraipaba. The genetic material consisted of 36 S2 progenies and two witnesses, 17 derived from hybrid Calimosa and 19 Tainung1, all evaluated in a randomized block design with four replicates. The analyzed characters were height of first flower, fruit and plant at 6, 12 and 18 months; stem diameter at 6, 12 and 18 months; number of days after planting to emergence of first flower and fruit; number, mass and average mass of marketable fruits and number and mass of carpelloid, pentandric and bananiformes fruits. For data analysis, the methodology via linear mixed models REML / BLUP (Restricted Maximum Likelihood / Best Linear Unbiased Prediction) was used, by which genetic parameters were estimated and the prediction of breeding values was made. The magnitudes of the genetic parameters indicated that the variability present in most of the characters enables genetic gain if the selection is practiced at the progenies level and not at individual plants, since the greater heritability and accuracies values are relative to the average of the progenies. For the selection of progenies, PROC-323, PROC-130, PROT-13 and PROC-217 were the most promising, bearing greater genetic gains among most of the analyzed characters. Regarding the selection among and within progenies, individuals 1421 and 1422 are the most potential for continuity of selection. Finally, the increase of the character expression was higher in number of marketable fruits and the reduction of expression was higher for pentandric number of fruits.

**Keywords:** *Carica papaya* L. Genetic parameters. Mixed models. Accuracy selective. Agronomic traits.

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b>	12
<b>2</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO</b>	14
2.1	A cultura do mamoeiro	14
2.2	Aspectos florais e genéticos	15
2.3	Considerações econômicas e uso	16
2.4	O melhoramento do mamoeiro	17
2.4.1	Objetivos gerais	17
2.4.2	Programas de melhoramento do mamoeiro no Brasil	18
2.5	Modelos Mistos -REML/BLUP	19
2.6	A importância dos parâmetros genéticos	21
<b>3</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b>	24
3.1	Material genético e condução experimental	24
3.2	Delineamento estatístico	24
3.3	Tratos culturais	25
3.4	Características avaliadas	26
3.5	Análises genético-estatístico	27
<b>4</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO</b>	30
4.1	Análises de deviance (ANADEVs)	30
4.2	Parâmetros genéticos	33
4.3	Valores genotípicos e ganhos com a seleção entre progênes	37
4.4	Valores genotípicos e ganhos com a seleção dentro de progênes	42
<b>5</b>	<b>CONCLUSÕES</b>	49
<b>6</b>	<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b>	50

## 1. INTRODUÇÃO

O mamoeiro é uma das culturas tropicais de maior importância na produção nacional e mundial de frutos. Pertence ao gênero *Carica*, que é composta por apenas uma espécie, *Carica papaya* L. (BADILLO, 2000), herbácea e com centro de origem no Nordeste da América do Sul, mais precisamente na Bacia Amazônica (MEDINA, 1989). A produção mundial é proveniente em maior parte de países como Índia, Brasil, Indonésia, Nigéria e México (FAO, 2013). No Brasil, seu cultivo está concentrado nos estados da Espirito Santo, Bahia, Minas Gerais e Ceará (IBGE, 2013). De acordo com as características do fruto, ele pode ser classificado em dois grupos, Solo e Formosa.

Não obstante o fato do Brasil ser o terceiro maior produtor de mamão, o país ainda é dependente da importação de sementes do grupo Formosa, o que eleva consideravelmente o custo de produção. Dentre as cultivares empregadas, o híbrido Tainung nº 1 é o mais utilizado, cujas sementes são ainda importadas de Taiwan (MARIN *et al.*, 2006). Apesar disto, os programas de melhoramento do Brasil têm contribuído no desenvolvimento de novas cultivares que apresentem tanto qualidades agronômicas superiores, quanto comerciais. Neste sentido, é imprescindível acessar a variabilidade genética desta espécie, a fim de reunir em um só genótipo o máximo de fenótipos exigidos pelos produtores e consumidores.

Embora os melhoristas tenham alcançado resultados satisfatórios nos últimos anos, a superação dos níveis atuais de produtividade apresentados não é tarefa fácil, principalmente por se tratar de um caráter de herança quantitativa. Assim, a busca por metodologias mais eficientes de seleção, talvez seja a alternativa de efeito mais rápido. Isso porque um dos grandes dilemas dos programas de melhoramento ainda é a baixa acurácia seletiva que, por consequência, impacta negativamente sobre os ganhos genéticos. Em razão disto, a adoção de procedimentos genético-estatísticos mais refinados é uma tendência no melhoramento genético de plantas (PIMENTEL *et al.*, 2014).

A metodologia REML/BLUP, denominada por vários pesquisadores de modelos mistos, foi desenvolvida para o melhoramento animal, mas hoje é realidade nos programas de melhoramento de plantas. O BLUP (melhor predição linear não viesada) é um procedimento recomendado na predição de valores genéticos com o uso de componentes de variância estimados via REML (máxima verossimilhança restrita) (RODRIGUES *et al.*, 2013). Mesmo em condições de experimentos desbalanceados, essa abordagem permite a predição acurada e não viciada dos valores genéticos, pois propicia informações adicionais relevantes para a identificação de genótipos superiores (RAMALHO; ARAÚJO, 2011). Além do mais, as

propriedades do BLUP permitem maximização da acurácia seletiva, minimização do erro de predição, maximização dos ganhos genéticos por ciclo de seleção e maximização da probabilidade de seleção dos melhores indivíduos (NETO; RESENDE, 2001). Contudo, aplicações dessa metodologia no melhoramento de mamoeiro são ainda muito escassas.

Com base no exposto, objetivou-se com o presente estudo: (i) estimar os principais parâmetros genéticos em progênies de mamoeiro, (ii) predizer os ganhos genéticos com a seleção das melhores progênies e (iii) com a seleção dos melhores indivíduos dentro de progênies.

## 2. REFERENCIAL TEÓRICO

### 2.1 A cultura do mamoeiro

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) pertence à classe Dicotyledoneae, subclasse Archichlamydeae, ordem Violales, subordem Caricineae, família Caricaceae e gênero *Carica*. A família Caricaceae divide-se em seis gêneros, dos quais cinco são americanos e um africano, com 35 espécies: *Carica* (uma espécie), *Horovitzia* (uma espécie), *Jacaratia* (sete espécies), *Jarilla* (três espécies), *Vasconcellea* (21 espécies) e *Cylicomorpha* (duas espécies). É caracterizada como uma planta tropical, pois seu centro de maior diversidade é a Bacia Amazônica Superior (BADILLO, 1993).

É uma espécie de ciclo rápido, com altura que varia de 3 a 8 m. Seu caule é do tipo herbáceo-lenhoso, suculento e ereto, pode medir até 30 cm de diâmetro e contém um látex de consistência fina e leitosa. No seu ápice as folhas são inseridas densamente de forma alternada. Essas folhas geralmente medem de 20-60 cm e possuem pecíolos fistulosos com 50-70 cm de comprimento. O mamoeiro possui sistema radicular pivotante, com ramificações laterais. O fruto tipo baga contém numerosas sementes que variam de 5 a 7 mm de comprimento (CAMPOS, 2007; LOPES, 2014).

O mamoeiro sobrevive entre 5 a 10 anos, porém em cultivos comerciais, o replantio deve ocorrer a cada 2 ou 3 anos. Isso porque o porte pode acarretar problemas no momento da colheita. A temperatura média adequada é por volta de 25° C, podendo suportar em alguns casos, variações que vão de 21 a 33° C. A umidade relativa do ar deve ser na faixa de 60 a 85% (LOPES, 2014).

Os frutos do mamoeiro são ricos em vitamina A, vitaminas do complexo B (ácido fólico e ácido pantotênico) e têm importante valor nutritivo e digestivo. São fontes de antioxidantes (carotenos, vitaminas C e flavonóides), sais minerais (potássio e magnésio) e fibras (EVANS; BALLEEN, 2012). Em média, o pH do fruto varia de 5,0 a 5,5 e a sua acidez de 0,096 a 0,12g de ácido cítrico/100g de massa fresca, classificando-o como fruto de baixa acidez (GIOVANNINI *et al.*, 2004).

Ao longo da maturação do mamão ocorre o metabolismo da pectina, um carboidrato presente na parede celular que ocasiona uma modificação textural, reduzindo a sua firmeza de polpa. Além disso, a quebra da clorofila junto à biossíntese de pigmentos carotenóides, resulta na perda da cor verde da casca. Ambos os processos permitem que o fruto se adeque a qualidade geralmente preferida pelo consumidor (AZEVEDO, 2006).



A propagação do mamoeiro para formação de cultivos, tanto em pesquisa como em propriedades rurais, ocorre predominantemente por via sexuada, isto é, por sementes. Todavia, a propagação também pode ser feita por meios assexuados, como estaquia ou enxertia (GALVÃO; SILVA, 2007).

## 2.2 Aspectos florais e genéticos

O mamoeiro é uma espécie autógama, diplóide, com  $2n=2x=18$  cromossomos (DAMASCENO JÚNIOR *et al.*, 2009). Possui essencialmente três tipos florais, os quais originam plantas de sexo masculino, feminino e hermafrodita (MARIN; GOMES e ALVES, 1989). As flores masculinas distinguem-se por possuírem pedúnculos longos, que se originam nas axilas das folhas e na porção superior da planta, enquanto que grande quantidade das flores localiza-se bastante distante do talo das folhas. O ovário dessas plantas é rudimentar e estéril, o que impede que frutos sejam produzidos (DANTAS; OLIVEIRA, 2009). Inflorescências de mamoeiros machos podem, em alguns casos, produzir flores femininas férteis ou hermafroditas, conforme condições climáticas. Essas flores se desenvolvem em frutos que são denominados ‘mamões-machos’ ou ‘mamões-de-corda’ e não possuem valor comercial (STOREY, 1941; HOFMEYR, 1941).

Plantas femininas possuem flores em menor quantidade, e se encontram presas às axilas das folhas, por curtos pedúnculos. Apresentam formato popularmente conhecido como ‘chama de vela’ e tem apenas o órgão feminino. Essas flores geram frutos de formato arredondado ou ligeiramente ovalados, que possuem cavidade interna grande (COSTA; PACOVA, 2003).

As flores de plantas hermafroditas, conhecidas como alongatas, são de tamanho menor que as femininas e com pedúnculo também reduzido. Suas pétalas são soldadas na base da flor ou até o local onde se inserem os estames. Essas plantas não precisam de pólen de outras flores, pois se reproduzem por autofecundação. Flores hermafroditas dão origem a diferentes formatos de frutos, na qual alguns deles não possuem valor comercial, como por exemplo, os frutos tidos como carpelóides, pentândricos e bananiformes (COSTA; PACOVA, 2003; JIMÉNEZ; NEWCOMER; GUTIÉRREZ-SOTO, 2014).

As flores hermafroditas que produzem frutos anormais (pentândricos, carpelóides e bananiformes), assim comportam-se por influência principalmente ambiental tais como temperatura e umidade do ar e do solo ou disponibilidade de Nitrogênio em excesso

(MARTELLETO *et al.*, 2011). De acordo com Lassoudière (1968), essas anomalias são resultado de modificações no momento da ontogenia floral da planta.

A esterilidade feminina ou estaminação, também é uma anomalia que acontece em flores hermafroditas e sob as condições dos mesmos fatores ambientais, porém neste caso o fruto não se constitui. Neste fenômeno, as flores hermafroditas podem se transformar em masculinas, apresentando ovário abortado ou rudimentar, motivo da anomalia também ser conhecida como “reversão sexual”, no entanto diferem das flores masculinas por possuírem pedúnculos curtos (ARKLE JUNIOR; NAKASONE, 1984; MARTELLETO *et al.*, 2011).

Já que o mamão pode ser cultivado em todas as épocas do ano, sua produção pode ser contínua desde a primeira frutificação até o final do ciclo, mas na prática, são essas anomalias que causam acentuadas flutuações nesta produção em razão das diferenças ambientais a que estará sujeito em cada período do ano (LUZ, 2014). Dessa forma, sendo a floração fator determinante na produção, estudos como os de Silva *et al.*, (2007) e Damasceno Júnior *et al.*, (2008), devem ser levados em consideração, onde estes autores comprovaram que no verão, há uma brusca queda na produção de flores hermafroditas perfeitas e um aumento considerável de flores estéreis com conseqüente diminuição na frutificação.

O controle sexual do mamoeiro é feito por um único gene com três alelos ( $M^1$ ,  $M^2$  e  $m$ ), de maneira que os genótipos  $M^1m$ ,  $M^2m$  e  $mm$ , são responsáveis por produzir plantas masculinas, hermafroditas e femininas, respectivamente. As combinações dominantes ( $M^1M^1$ ,  $M^1M^2$  e  $M^2M^2$ ) são letais ao zigoto (LOPES, 2014).

Para Ming *et al.* (2008) é necessário plantar nas covas cerca de 3 a 5 plântulas. A identificação da sexualidade das plantas só pode ser feita no início da floração, o que ocorre usualmente em torno do terceiro mês após o plantio. No início da floração deve ser efetuado o *roguing* (retirada das plantas femininas), deixando-se apenas uma planta hermafrodita por cova. Isto é feito no intuito de facilitar os tratamentos culturais e diminuir a competição entre as plantas. A preferência do mercado interno e externo por frutas do tipo alongada e com pequena cavidade interna, é o que determina a seleção de plantas hermafroditas (DANTAS; CASTRO NETO, 2000).

### 2.3 Considerações econômicas e usos

No cenário agrícola, a produção mundial de mamão, em 2013, foi de 14,42 milhões de toneladas, proveniente em maior parte de países como Índia, Brasil, Indonésia, Nigéria e México, classificados como principais produtores (FAO, 2013). Destes, o Brasil foi

responsável por 10,97% da produção mundial, com rendimento médio de 49.474 kg/ha, equivalente a uma produção de 1,58 milhões de toneladas. Este cultivo concentra-se na região Nordeste que detém cerca de 61,80% da produção nacional, seguido da região Sudeste com cerca de 34,36%. A produção nacional é liderada pelos estados do Espírito Santo, Bahia, Minas Gerais e Ceará, com produções de 718,73, 404,72, 126,85 e 118,37 mil toneladas, respectivamente, que corresponderam a 86,7% da produção brasileira em 2013 (IBGE, 2013).

Atualmente as cultivares de mamoeiro mais cultivados no país pertencem aos grupos Solo e Formosa. As cultivares do grupo Solo são as mais exploradas no mundo, por conter características inerentes a exportação, como frutos piriformes ou arredondados, tamanho pequeno, massa que varia entre 300 a 650g e polpa avermelhada. Os principais são Sunrise Solo, Improved Sunrise Solo 72/12, Baixinho de Santa Amália e Golden. Por outro lado, as cultivares do grupo Formosa são representados por híbridos comerciais e possuem polpa de coloração laranja-avermelhada e tamanho médio que varia entre 1000 a 1300g (DIAS; OLIVEIRA; DANTAS, 2011; DANTAS; OLIVEIRA, 2009). Dentre as cultivares desse grupo, os híbridos mais empregados são Tainung nº 1, Tainung nº 2 e Caliman 01, conhecido popularmente como Calimosa (SANTOS FILHO *et al.*, 2010). Este último constitui o primeiro híbrido de mamão obtido no Brasil e foi desenvolvido pela Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF) em parceria com a Empresa Caliman Agrícola S/A.

## **2.4 O melhoramento do mamoeiro**

### **2.4.1 Objetivos gerais**

Por meio da diversidade existente na espécie, programas de melhoramento podem contribuir com o desenvolvimento de linhagens, variedades ou híbridos. Para isso, torna-se necessário o conhecimento do germoplasma disponível (DANTAS; OLIVEIRA, 2009). Uma vez constatado o potencial do germoplasma, deve-se associá-lo a métodos de melhoramento eficazes para serem obtidos genótipos com alto rendimento, resistentes a doenças e pragas (DANTAS *et al.*, 1999).

Os fenótipos que constituem os objetivos centrais do melhoramento incluem altura de planta reduzida e maior diâmetro de caule. Com relação ao florescimento, ausência ou ocorrência reduzida de flores hermafroditas carpelóides, estéreis e pentândricas. Quanto a frutificação, que ela seja precoce e abundante, iniciando preferencialmente abaixo do nível de 90 cm de altura. Em relação aos frutos, que tenham massa que variem de 800 a 1100 g (grupo

Formosa) e de 350 a 600 g (grupo Solo). Além disso, apresentem casca lisa e sem manchas, polpa vermelho alaranjada, cavidade interna reduzida e em formato de estrela, polpa com espessura superior a 20 mm e maior duração pós-colheita (DANTAS; OLIVEIRA, 2009).

#### **2.4.2 Programas de melhoramento do mamoeiro no Brasil**

Entre 1972 e 1973 foram introduzidos do Havaí – EUA no Brasil, sementes da cultivar Sunrise Solo, iniciando com isso os programas de melhoramento no País. Esse cultivar já detinha bastante aceitação no mercado internacional e, a partir daí, também ganhou espaço no nacional (RUGGIERO; MARIN; DURIGAN, 2011). Neste mesmo período, sementes de genótipos do grupo Formosa, originárias de Taiwan, também começaram a ser importadas (SERRANO; CATTANEO, 2010).

Para muitos pesquisadores, essa importação constitui um entrave à produção da cultura no país, devido ao alto preço da semente importada (SANTOS *et al.*, 2009). Além disso, tornou essa espécie mais vulnerável, em razão da baixa variabilidade genética introduzida (uniformidade genética). Contudo, em 1982, a partir de importações desses genótipos, o Brasil deu importante passo em trabalhos de melhoramento. Foram desenvolvidas cultivares do grupo Solo, com o intuito de contribuir com a demanda do mercado nacional e internacional (RUGGIERO; MARIN; DURIGAN, 2011).

Nas décadas de 80 e 90 algumas instituições públicas de pesquisa iniciaram seus trabalhos de melhoramento com a intenção de gerar cultivares superiores aos que haviam na época. Porém, sem êxito, a grande maioria encerrou suas atividades. Atualmente existem no Brasil três instituições ativas com esse propósito, O Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER), a Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF) em parceria com a Caliman Agrícola S.A., e a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), por intermédio do Centro Nacional de Pesquisa de Mandioca e Fruticultura Tropical.

O INCAPER iniciou seus trabalhos em 1970, direcionado à obtenção, principalmente, de populações segregantes do grupo Formosa, para gerar novas cultivares (variedades, híbridos simples, duplos e triplos) de mamoeiros deste grupo. Assim, no início dos anos 80, o genótipo Improved Sunrise Solo - Line 72-12, do grupo Solo, foi selecionado e lançado como cultivar por esta instituição. O mesmo teve grande aceitação nas regiões produtoras do Espírito Santo (DANTAS *et al.*, 2011).

A UENF junto a Empresa Caliman Agrícola S.A. tem direcionado seu programa para a obtenção de híbridos e variedades de mamoeiro baseados em procedimentos clássicos e biotecnológicos (PEREIRA, 2009). Por meio dessa parceria, desenvolveram o primeiro híbrido de mamoeiro, denominado de Caliman/UENF01, popularmente conhecido como Calimosa, lançado em 2003. O híbrido foi obtido a partir do cruzamento envolvendo linhagens dos tipos Solo e Formosa (PEREIRA, 2003; FERREGUETI, 2003) e, ainda hoje, é amplamente utilizado por agricultores de diversas regiões do país bem como de outras nacionalidades. Esse programa atualmente tem diversas ações em andamento, como o retrocruzamento em mamoeiro para a incorporação da tolerância à mancha fisiológica no híbrido Caliman/UENF01, avaliação da capacidade combinatória de linhagens a partir de testadores relacionados e não relacionados, e desenvolvimento de mutantes poliplóides, entre outros (DANTAS *et al.*, 2011).

A EMBRAPA Mandioca e Fruticultura Tropical desenvolve suas atividades desde 1995 com a variabilidade genética do Banco Ativo de Germoplasma de Mamão (BAG-Mamão). Linhagens são cruzadas com o propósito de gerar híbridos que diminuam o dispêndio com a importação de sementes (DANTAS *et al.*, 2011). Atualmente algumas pesquisas desta instituição estão sendo realizadas em parceria com outros programas de melhoramento como da UENF/Caliman e Incaper, abordando o uso de ferramentas moleculares associadas aos métodos clássicos de melhoramento. Como a região do Vale do Jaguaribe é uma das principais produtoras de mamão do país, a EMBRAPA Agroindústria Tropical, foi engajada nesse processo a fim de selecionar, nas populações segregantes, genótipos com potencial produtivo para essas condições.

## **2.5 Modelos mistos – REML/BLUP**

Em geral, experimentos de campo são suscetíveis a diversas situações desfavoráveis durante sua execução a qual implicam em desbalanceamento dos seus dados finais e imprecisão de informações. Tais situações podem envolver perda de plantas e parcelas, sementes ou mudas em quantidades inferiores ao necessário, variação no número de repetições dentro de um experimento, entre outros (RESENDE, 2004). Para análises desses dados, a metodologia mais indicada é via modelos lineares mistos REML/BLUP (*Restricted Maximum Likelihood/ Best Linear Unbiased Prediction*).

A predição dos valores genéticos pelo BLUP (melhor predição linear não viciada) pode ser feita por efeitos aleatórios em concordância aos efeitos fixos, assim como com

desajuste de informações nas parcelas. Isso porque são embasadas em modelos lineares compostos por matrizes de incidência tanto de efeitos fixos como de aleatórios. Assim, inviabilizam que a inversão da matriz de estimativas forneça infinitas soluções. Além disso, este procedimento minimiza os efeitos de dados desbalanceados, ponderando-os pela quantidade disponível para cada genótipo, fazendo o BLUP mais eficiente que as estimativas obtidas via método dos mínimos quadrados.

O conhecimento dos verdadeiros valores das variâncias e covariâncias dos efeitos aleatórios é requerido no BLUP. Porém, na prática, os verdadeiros valores das variâncias genéticas e não genéticas são desconhecidos. Melhoristas de plantas geralmente não estimam a parte da variância genética devida aos cruzamentos, pois é necessário conhecimento prévio. Assim, a metodologia BLUP permite estimar, de forma aproximada, as variâncias genéticas, maximizando a correlação entre valores genéticos preditos e verdadeiros a partir dos dados gerados rotineiramente nos programas de melhoramento (RESENDE 2000; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). O procedimento padrão de estimação de componentes de variância é o da máxima verossimilhança restrita (REML), desenvolvido por Patterson e Thompson (1971). Os resultados gerados por esta análise, geralmente evitam a realização de cruzamentos desnecessários bem como a avaliação de indivíduos sem potencial.

O procedimento REML/BLUP consiste em estimar os componentes a partir de um modelo estatístico. Como na maioria das vezes não é possível mensurar todos os indivíduos de uma população, a informação inicial ficará restrita a uma amostra representativa. O método busca estimar os componentes a partir de valores iniciais, de forma a maximizar a probabilidade de confiança dos dados amostrados, conforme o modelo assumido. Portanto, baseia-se fortemente em métodos numéricos, notadamente em álgebra linear numérica visando a obtenção da solução iterativa das equações de modelo misto (obtenção do BLUP) e no cálculo numérico para a maximização/minimização de funções de várias variáveis visando a obtenção das estimativas REML (RESENDE, 2004).

Para Resende (2002a) a metodologia que dá suporte aos modelos mistos, nada mais é que uma generalização da metodologia proposta pela análise de variância (ANOVA), em que os modelos que demonstram a variação nos caracteres são de natureza inteiramente fixa ou aleatória. A ANOVA, mais usual no melhoramento genético, se ajusta eficientemente a dados balanceados, porém, para uso da seleção genética em dados desbalanceados as estimativas fornecidas não são fidedignas e se mostram tendenciosas perante o erro.

Na ANOVA os efeitos do modelo são testados via teste F, já na análise de modelos mistos os testes de significância são feitos pela razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio*

*Test – LRT*) (STURION; RESENDE, 2010). De forma análoga à ANOVA, o teste LRT gera uma tabela denominada de análise de deviance (ANADEV) em que são expressos valores que representam a qualidade do ajuste entre os dados observados e os gerados pelo modelo (RESENDE, 2007). No LRT, as significâncias dos efeitos são testadas via qui-quadrado associado a 0,5 ou 1 grau de liberdade.

A fim de garantir maior confiabilidade em processos seletivos, a metodologia de modelos mistos vem sendo utilizada cada vez mais no melhoramento de espécies florestais e culturas perenes (PIEPHO *et al.*, 2008). Na cultura do mamoeiro, seu uso ainda é pouco explorado, porém encontra-se na literatura trabalhos que envolva estimação de parâmetros genéticos e valores genotípicos em populações segregantes visando a seleção de indivíduos de mamoeiro para os caracteres comprimento e peso do fruto, sólidos solúveis totais e firmeza do fruto (OLIVEIRA *et al.*, 2012; PINTO *et al.*, 2013), cor de casca (OLIVEIRA, 2014) redução da mancha- fisiológica (PINTO *et al.*, 2013), resistência a mancha-de-phoma (VIVAS *et al.*, 2014).

## **2.6 A importância dos parâmetros genéticos**

Os parâmetros genéticos são importantes ferramentas que permitem um conhecimento mais amplo dos caracteres estudados nos programas de melhoramento. A partir dessas informações, o melhorista pode melhor direcionar suas estratégias a serem aplicadas (GAYA; MOURÃO; FERRAZ, 2006). A importância da sua exploração deve-se ao fato de permitir a identificação da natureza da ação gênica no domínio dos caracteres quantitativos e avaliar a eficácia da metodologia de melhoramento para fins de ganhos genéticos e manutenção da base genética (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A estimação desses parâmetros se dá a partir dos valores dos componentes de variância das populações. Os fenótipos de cada indivíduo numa população estão sujeitos a variações ligadas ao caráter genético ou fenotípico com influência ambiental. A variância genética é então o componente a qual se inclui as divergências genéticas entre os indivíduos de determinada população. A dispersão entre os fenótipos na população é considerada a variância fenotípica, enquanto a variância ambiental trata-se de uma medida das fontes de variação não controladas (BORÉM, 2001).

Para complemento das informações de variabilidade genética existem os coeficientes de variação genética e relativa. O coeficiente de variação genética expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter, ou seja, ele estima em porcentagem da média

geral, a quantidade de variação genética existente em uma população para um caráter avaliado (RESENDE, 2002). O coeficiente de variação relativa, por sua vez, poder obtido pela relação entre os coeficientes de variação genética e experimental, não sendo influenciado, portanto, pela média do caráter. Segundo Vencovsky (1987), quando essa relação é igual ou maior que 1,0 a condição é altamente favorável no que diz respeito à seleção.

Um dos parâmetros genéticos mais relevantes é a herdabilidade. Para Falconer (1981), a herdabilidade é a porção da variância fenotípica equivalente à origem genética, onde fenótipo e genótipo são relacionados. Esse parâmetro deduz a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do verdadeiro valor genotípico. A partir disso, analisa-se se as diferenças detectadas são de natureza genética e, posteriormente, uma inferência a respeito dos ganhos com a seleção é realizada.

O coeficiente de herdabilidade pode variar de 0 (zero) a 1 (um). Quando o valor é próximo ou igual a um, mostra que o fenótipo é inteiramente determinado pelo genótipo sem ocorrer influências ambientais. Em situações como esta, o melhorista não tem dificuldades para melhorar o caráter em questão. Por outro lado, quando o valor é 0, indica que a variabilidade do caráter é de origem não genética, ou seja, há correlação nula entre o valor fenotípico e genotípico (ALLARD, 1971). Quanto mais próximo a 0, mais fraca é a correlação entre fenótipo e genótipo e, em condições como esta, geralmente o trabalho do melhorista é dificultado.

Quando se emprega a autofecundação, uma herdabilidade alta em gerações iniciais remete à eficiência na seleção. Porém, baixos valores indicam que a seleção só será eficiente se realizada em gerações mais avançadas de forma a aumentar a homozigose, própria da herdabilidade no sentido restrito (FALCONER; MACKAY; FRANKHN, 1996; FEHR, 1987).

Outro parâmetro importante e que deve ser considerado para avaliação da qualidade experimental é a acurácia seletiva. A precisão experimental é geralmente avaliada por meio do coeficiente de variação ambiental. Porém, esse retrata apenas uma perspectiva puramente estatística. No contexto genético, a acurácia seletiva demonstra a eficácia da inferência acerca dos valores genotípicos (BORGES *et al.*, 2009). Por este motivo, deve ser usado como uma medida adicional ao coeficiente de variação ambiental.

O conhecimento dos parâmetros genéticos possibilita conhecer a natureza do caráter e ter noção do quanto de trabalho será demandado para melhorá-lo. Além disso, possibilita que o melhorista constate se a estratégia delineada foi adequada. Isso porque quando os ganhos genéticos são iguais ou superior àqueles estabelecidos significa dizer que a estratégia empregada foi adequada. No entanto, quando estes são inferiores aos almejados, alguma



decisão foi tomada de forma equivocada, devendo ser revisto todo o plano de elaboração e execução do programa.

Vivas *et al.*, (2012), após quantificar sintomas de pinta-preta em progênies de mamoeiro, estimou parâmetros genéticos que refletiram a variabilidade genética da população em estudo quanto a resistência à doença. Isso permitiu que o autor escolhesse um método de melhoramento mais indicado para futuras seleções em função desta característica. Dias *et al.*, (2012), promovendo a caracterização morfoagronômica de 27 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Mamão da Embrapa Mandioca e Fruticultura, estimou parâmetros genéticos para diversos descritores quantitativos em sua avaliação e verificou que mesmo após diversos ciclos de seleção e melhoramento, os genótipos possuem ampla variabilidade para os descritores avaliados.

Em estudos no mamoeiro, parâmetros genéticos relacionados a variáveis morfoagronômicas e fitossanitárias, podem evidenciar a potencialidade com a seleção em populações segregantes, em razão de ampla variabilidade genotípica e altos valores de herdabilidade (SILVA *et al.*, 2008), no entanto, ainda são raros estudos dessa natureza na cultura do mamoeiro.

### **3. MATERIAL E MÉTODOS**

#### **3.1 Material genético e condução experimental**

O experimento foi conduzido no Campo Experimental do Curu, pertencente à Embrapa Agroindústria Tropical, localizado a 3°28'47" S, 39°09'47" W e 31 metros de altitude. O campo experimental está situado na região Norte do estado do Ceará, no município de Paraipaba, no trecho final da bacia do Rio Curu. De acordo com o critério de classificação climática de Köppen (1918), Paraipaba apresenta clima do tipo Aw, classificado como tropical chuvoso, clima de savana, e se caracteriza por apresentar o máximo de chuvas no outono, e período seco, no inverno. A precipitação média anual é de 1050 mm e a temperatura máxima de 32,9 °C. O solo do local apresenta relevo plano e, segundo o novo Sistema Brasileiro de Classificação de Solos, apresenta solo do tipo Neossolo Quartzarênico (EMBRAPA SOLOS, 1999).

O material genético utilizado no trabalho foi obtido a partir da coleta de sementes autofecundadas de plantas F<sub>1</sub> dos híbridos Tainung n° 1 e Calimosa, oriundas de campos comerciais, no extremo Sul da Bahia. As duas populações S<sub>1</sub> resultantes, constaram de 304 plantas de Tainung n° 1 e 342 de Calimosa e foram plantadas em 2009 e avaliadas no período de 2009 a 2011. Nestas populações foram selecionados e autofecundados os melhores indivíduos, em relação aos caracteres agronômicos e de qualidade do fruto, que passaram a compor as progênies S<sub>2</sub>, usadas neste trabalho. Essas progênies, por sua vez, foram avaliadas no período de maio de 2013 a outubro de 2014.

#### **3.2 Delineamento estatístico**

Por meio da seleção entre e dentro, foram identificadas 36 progênies de maior potencial agronômico e comercial. Destas, 17 foram derivadas do híbrido Calimosa e 19 do Tainung n° 1 (Tabela 1). Essas 36 progênies S<sub>2</sub> mais os dois híbridos que deram origem as mesmas, foram avaliadas no delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições. A parcela experimental foi constituída por cinco plantas. O espaçamento utilizado foi de 2,5 m entre linhas e 2,0 m entre plantas.

**Tabela 1** – Identificação das progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro e dos híbridos comerciais (testemunhas) usados no estudo. Paraipaba, Ceará, 2015.

População 1		População 2		População 3	
Número	Progênie/ Procedência	Número	Progênie/ Procedência	Número	Progênie/ Procedência
1	PROC-59	18	PROT-13	37	Calimosa
2	PROC-74	19	PROT-20	38	Tainung
3	PROC-76	20	PROT-22	-	-
4	PROC-84	21	PROT-23	-	-
5	PROC-100	22	PROT-24	-	-
6	PROC-106	23	PROT-52	-	-
7	PROC-107	24	PROT-53	-	-
8	PROC-115	25	PROT-54	-	-
9	PROC-122	26	PROT-55	-	-
10	PROC-130	27	PROT-68	-	-
11	PROC-161	28	PROT-74	-	-
12	PROC-179	29	PROT-76	-	-
13	PROC-215	30	PROT-135	-	-
14	PROC-217	31	PROT-181	-	-
15	PROC-222	32	PROT-188	-	-
16	PROC-206	33	PROT-234	-	-
17	PROC-323	34	PROT-242	-	-
-	-	35	PROT-266	-	-
-	-	36	PROT-268	-	-

### 3.3 Tratos culturais

Foram utilizadas no plantio, três mudas por cova, para garantir a presença de pelo menos uma planta hermafrodita. As práticas culturais e os tratamentos fitossanitários foram aqueles preconizados para a cultura, conforme Martins e Costa (2003). A calagem e adubação foram realizadas em conformidade com os resultados indicados pela análise de fertilidade do solo. O controle de plantas daninhas foi feito com capinas manuais ao redor das covas.

A identificação do sexo das plantas foi realizada por inspeção no início da floração. Foi então realizado o desbaste (sexagem), deixando-se apenas uma planta (hermafrodita) por cova. Brotações laterais que ocorreram normalmente nas plantas foram eliminadas quando ainda pequenas.

### 3.4 Características avaliadas

Na avaliação das progêneses S<sub>2</sub> foram considerados os principais caracteres agronômicos/fenológicos (relacionados a arquitetura da planta e produtividade) e comerciais (tamanho e massa dos frutos).

Com relação aos caracteres fenológicos, foram avaliados:

- Altura da primeira flor (ALT1ªFL): avaliada por ocasião da ocorrência da primeira flor hermafrodita elongata. Mediu-se, com o auxílio de uma trena, a distância da superfície do solo, contígua ao colo da planta, até o ponto de inserção da primeira flor. Esse caráter foi expresso em centímetros.;
- Altura do primeiro fruto (ALT1ºFR): avaliada por ocasião do vingamento dos primeiros frutos. Mediu-se, com o auxílio de uma trena, a distância da superfície do solo, contígua ao colo da planta, até o ponto de inserção do primeiro fruto. Esse caráter foi expresso em centímetros.
- Altura da planta (ALTPL6M), (ALTPL12M) e (ALTPL18M): avaliada aos seis, doze e dezoito meses, respectivamente. Mediu-se, com auxílio de uma trena, a distância da superfície do solo, contígua ao colo da planta até a inserção da folha mais nova. Esse caráter foi expresso em centímetros.
- Diâmetro do caule (DIAC6M), (DIAC12M) e (DIAC18M): avaliada aos seis, doze e dezoito meses, respectivamente. Mediu-se, com auxílio de um paquímetro de madeira com régua graduada em centímetros.
- Dias após o plantio para floração (DAPFL): avaliado mediante indicação da data de aparecimento da primeira flor.
- Dias após plantio para frutificação (DAPFR): avaliada mediante indicação da data da primeira colheita de frutos. O período do plantio à primeira colheita orientou a seleção de plantas com frutificação mais precoces.

Com relação à produtividade da planta, foram avaliados os seguintes caracteres, a nível de indivíduo (planta):

- Número e massa de frutos comerciais por planta (NFCOM) e (MFCOM): avaliado por meio da contagem de frutos comerciais colhidos em cada planta e pesagem. Os frutos foram colhidos no estágio de maturação 1/4 maduro, identificados com aproximadamente 25% da casca amarela.

- Massa média de frutos comerciais (MMFCOM): obtido pela razão entre NFCOM e MFCOM.
- Número e massa de frutos carpelóides por planta (NFCAR) e (MFCAR): avaliado por meio da contagem e pesagem de frutos carpelóides presentes em cada planta.
- Número e massa de frutos pentândricos por planta (NFPEN) e (MFPEN): avaliado por meio da contagem e pesagem de frutos pentândricos presentes em cada planta.
- Número e massa de frutos bananiformes por planta (NFBAN) e (MFBAN): avaliado por meio da contagem e pesagem de frutos bananiformes presentes em cada planta.

### 3.5 Análises genético-estatístico

Na análise de modelos mistos, os efeitos do modelo não são testados via teste  $F$ , assim como se faz no método da análise de variância. Nesse caso, para os efeitos aleatórios, o recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LRT), em que, um quadro similar ao da análise de variância é elaborado e denominado por Análise de Deviance (ANADEV), estabelecida pelos seguintes passos (FRITSCHÉ-NETO, 2011): i) obter o ponto de máximo do logaritmo da função de verossimilhança residual (Log L) para modelos com e sem o efeito a ser testado; ii) obter a deviance  $D = -2 \text{ Log L}$  para modelos com e sem o efeito a ser testado; iii) obter a diferença entre as deviances para modelos com e sem o efeito a ser testado, obtendo a razão de verossimilhança (LR); iv) testar, via LRT, a significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 ou 0,5 graus de liberdade, pois estas estimativas tendem a ter este tipo de distribuição.

Para a obtenção dos componentes de variância e das estimativas dos parâmetros genéticos, submeteram-se os dados às análises por meio do modelo 61 do Software Selegen REML/BLUP conforme descrito por Resende (2002), que adota o seguinte modelo estatístico:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xr} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wp} + \mathbf{Tb} + \mathbf{e}$$

em que,  $\mathbf{y}$  é o vetor de médias fenotípicas;  $\mathbf{r}$  é o vetor de progênies e testemunhas, (considerados como de efeitos aleatórios);  $\mathbf{a}$  é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);  $\mathbf{p}$  é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatório);  $\mathbf{b}$  é o vetor dos efeitos de blocos (fixos);  $\mathbf{e}$  é o vetor de erros (aleatórios); e  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$ ,  $\mathbf{W}$ ,  $\mathbf{T}$  são matrizes de incidência para os efeitos  $\mathbf{r}$ ,  $\mathbf{a}$ ,  $\mathbf{p}$ ,  $\mathbf{b}$ , respectivamente.

Na distribuição e estrutura de médias e variâncias, consideram-se as seguintes condições:  $\mathbf{y} | \mathbf{r}, \mathbf{V} \sim \mathbf{N}(\mathbf{Xr}, \mathbf{V})$ ;  $\mathbf{a} | \sigma_a^2 \sim \mathbf{N}(0, \mathbf{I}\sigma_a^2)$ ;  $\mathbf{p} | \sigma_p^2 \sim \mathbf{N}(0, \mathbf{I}\sigma_p^2)$ ;  $\mathbf{b} | \sigma_b^2 \sim \mathbf{N}(0, \mathbf{I}\sigma_b^2)$ ;

$e \mid \sigma_e^2 \sim N(0, I\sigma_e^2)$ ;  $Cov = (a, p') = 0$ ;  $Cov = (a, b') = 0$ ;  $Cov = (a, e') = 0$ ;  $Cov = (p, b') = 0$ ;  
 $Cov = (p, e') = 0$ ;  $Cov = (b, e') = 0$

ou seja:

$$E \begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{b} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{Xr} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix} \quad e \quad Var \begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{b} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{V} & \mathbf{ZG} & \mathbf{WP} & \mathbf{TB} & \mathbf{R} \\ \mathbf{GZ}' & \mathbf{G} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{PW}' & \mathbf{0} & \mathbf{P} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{BT}' & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{B} & \mathbf{0} \\ \mathbf{R} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{R} \end{bmatrix}$$

sendo,  $\mathbf{G} = I\sigma_a^2$ ;  $\mathbf{R} = I\sigma_e^2$ ;  $\mathbf{P} = I\sigma_p^2$ ;  $\mathbf{B} = I\sigma_b^2$ ;  $\mathbf{V} = \mathbf{Z}I\sigma_a^2\mathbf{Z}' + \mathbf{W}I\sigma_p^2\mathbf{W}' + \mathbf{T}I\sigma_b^2\mathbf{T}' + I\sigma_e^2$

As equações de modelo misto para a predição BLUP dos valores genéticos individuais equivalem a:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} & \mathbf{X}'\mathbf{W} & \mathbf{X}'\mathbf{T} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \mathbf{I}\lambda_1 & \mathbf{Z}'\mathbf{W} & \mathbf{Z}'\mathbf{T} \\ \mathbf{W}'\mathbf{X} & \mathbf{W}'\mathbf{Z} & \mathbf{W}'\mathbf{W} + \mathbf{I}\lambda_2 & \mathbf{W}'\mathbf{T} \\ \mathbf{T}'\mathbf{X} & \mathbf{T}'\mathbf{Z} & \mathbf{T}'\mathbf{W} & \mathbf{T}'\mathbf{T} + \mathbf{I}\lambda_3 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} \hat{\mathbf{r}} \\ \tilde{\mathbf{a}} \\ \tilde{\mathbf{p}} \\ \tilde{\mathbf{b}} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \\ \mathbf{W}'\mathbf{y} \\ \mathbf{T}'\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2} = \frac{1 - h^2 - C_p^2 - C_b^2}{h^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2} = \frac{1 - h^2 - C_p^2 - C_b^2}{C_p^2}; \quad \lambda_3 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} = \frac{1 - h^2 - C_p^2 - C_b^2}{C_b^2};$$

$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2}$  é a herdabilidade individual no sentido restrito;

$C_p^2 = \frac{\sigma_p^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2}$  é a correlação, em razão do ambiente comum da parcela; e

$C_b^2 = \frac{\sigma_b^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_b^2 + \sigma_e^2}$  é a correlação em razão do ambiente comum do bloco.

Os estimadores iterativos dos componentes de variância foram obtidos por REML, via algoritmo EM:

$$\sigma_e^2 = \left[ \mathbf{y}'\mathbf{y} - \hat{\mathbf{r}}\mathbf{X}'\mathbf{y} - \tilde{\mathbf{a}}\mathbf{Z}'\mathbf{y} - \tilde{\mathbf{p}}\mathbf{W}'\mathbf{y} - \tilde{\mathbf{b}}\mathbf{T}'\mathbf{y} \right] / [N - r(x)];$$

$$\sigma_a^2 = \left[ \tilde{\mathbf{a}}'\tilde{\mathbf{a}} + \sigma_e^2 \text{tr} \mathbf{C}^{22} \right] / q;$$

$$\sigma_p^2 = \left[ \tilde{\mathbf{p}}'\tilde{\mathbf{p}} + \sigma_e^2 \text{tr} \mathbf{C}^{33} \right] / s;$$

$\sigma_b^2 = [\tilde{b}'\tilde{b} + \sigma_e^2 \text{tr}C^{44}] / \eta$ ; e  $C^{22}$ ,  $C^{33}$  e  $C^{44}$ , advém de:

$$C^{-1} = \begin{bmatrix} C^{11} & C^{12} & C^{13} & C^{14} \\ C^{21} & C^{22} & C^{23} & C^{24} \\ C^{31} & C^{32} & C^{33} & C^{34} \\ C^{41} & C^{42} & C^{43} & C^{44} \end{bmatrix}$$

em que,  $C$  é a matriz dos coeficientes das equações de modelos mistos;  $\text{tr}$  é operador traço matricial;  $r(x)$  é posto da matriz  $X$ ;  $N$ ,  $q$ ,  $s$  e  $\eta$  correspondem ao número total de dados, de indivíduos, de parcelas e de blocos, respectivamente.

Por meio do índice multiefeitos, derivado por Resende e Higa (1994), obteve-se BLUP dado por  $I_m = b_1\delta_{ijk} + b_2g_i + b_3c_{ij} = b_1(Y_{ijk} - \bar{Y}_{ij.}) + b_2(\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...}) + b_3(\bar{Y}_{ij.} - \bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{.j.} + \bar{Y}_{...})$

em que:

$b_1 = (1/2)\sigma_a^2 / \sigma_s^2$  é a herdabilidade do efeito de indivíduo dentro da parcela;

$b_2 = \frac{(2nb+1)}{2nb} \frac{\sigma_f^2 + \sigma_p^2 / b + \sigma_s^2 / nb}{\sigma_f^2 + \sigma_p^2 / b + \sigma_s^2 / nb}$  é a herdabilidade do efeito de populações; e

$b_3 = \frac{[(1/2)/n]\sigma_a^2}{\sigma_c^2 + \sigma_s^2 / n}$  é a herdabilidade do efeito de parcela.

Os componentes de variância  $\sigma_f^2$ ,  $\sigma_p^2$  e  $\sigma_s^2$ , referem-se às variâncias entre progênies, entre parcelas e dentro de parcelas, respectivamente. As quantidades  $n$  e  $b$  referem-se aos números de indivíduos por parcela e número de blocos, respectivamente. A estimação de  $\sigma_a^2$  com dados apenas da geração  $S_2$  implica assumir  $0,25\sigma_a^2$ , com tendência a zero, na variação entre e dentro de progênies. Entretanto, mesmo sem esta suposição, a presença desta pequena fração de  $\sigma_a^2$  não afeta o *ranking* pelo BLUP, visto que as duas herdabilidades são usadas no cômputo de seus valores genéticos. Com as duas estimativas inflacionadas pela mesma quantidade, a proporcionalidade entre elas não será afetada (RESENDE, 2007).

## 4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Análises de deviance (ANADEVs)

As progênes diferiram estatisticamente para a maioria dos 19 caracteres avaliados, exceto para ALTPL12M e ALTPL18M, DIAC12M, NFCAR e MFPEN (Tabelas 2 e 3). Isso significa que há variabilidade genética entre essas progênes, possibilitando se obter ganhos com a seleção. Constataram-se também diferenças dentro de cada progênie para os caracteres ALTPL6M e ALTPL12M, DIAC6M, DAPFL, DAPFR, MFCOM, NFBAN e MFBAN, indicando com isso a obtenção de ganhos genéticos não só proveniente da seleção entre progênes, mas também dentro destas.

Entre as populações, a qual estão agrupadas as progênes Calimosa, Tainung e testemunhas (Tabela 1), houve diferença significativa para a maioria dos caracteres estudados, exceto para aqueles referentes a altura de planta, diâmetro de caule em 6 e 12 meses e para número e massa de frutos carpelóides e pentândricos (Tabelas 2 e 3). Contudo, o efeito do contraste entre as progênes obtidas e as testemunhas revelou diferenças apenas para DIAC6M, NFCOM, MMFCOM, NFBAN, MFBAN.

Esses resultados mostram a existência de variabilidade genética não só entre as progênes avaliadas, mas também dentro delas. Entretanto, o efeito entre e dentro de progênes foi não significativo para os caracteres ALTPL18M, DIAC12M, NFCAR e MFPEN. Isto mostra que os genótipos dentro de uma mesma progênie ou entre as progênes avaliadas tiveram o mesmo desempenho. Assim, a obtenção de ganhos genéticos por meio dos mesmos é inviável. Em razão disto, esses caracteres foram desconsiderados das análises seguintes.

Os coeficientes de variação experimental (CV) variaram de 6,9 a 223,8%. Segundo Silva *et al.* (2008) valores de CV inferiores a 20% são condicionantes de boa precisão experimental para esta cultura. Isto porque nestas condições, mais de 80% da variação seria explicada por efeitos de natureza sistemática, ou seja, de controle do experimentador. No entanto, a grande maioria dos caracteres estudados é de natureza poligênica, o que confere elevada influência do ambiente em suas expressões. Prova disto é observado nos CV's superiores em ALTPL12M e DIAC12M, de 78,1 e 20,7%, respectivamente, se comparados aos CV's dos mesmos caracteres, porém em avaliações da época anterior (6 meses), onde a influência ambiental foi menor e conseqüentemente a diferença climática da época também.



**Tabela 2** – Teste da razão de verossimilhança e valores de F para os efeitos de progênie, contraste entre progênie e testemunha, variação dentro das progênies e populações composta pelas diferentes progênies para os caracteres fenológicos, altura da primeira flor (ALT1<sup>a</sup>FL), altura do primeiro fruto (ALT1<sup>o</sup>FR), altura de planta aos seis meses (ALTPL6M), aos 12 meses (ALTPL12M) e aos 18 meses (ALTPL18M), diâmetro de caule aos seis meses (DIAC6M), aos 12 meses (DIAC12M) e aos 18 meses (DIAC18M), dias após o plantio para floração (DAPFL) e frutificação (DAPFR), em 36 progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro e dois híbridos comerciais (testemunhas). Paraipaba, Ceará, 2015.

Efeito	ALT1 <sup>a</sup> FL	ALT1 <sup>o</sup> FR	ALTPL6M	ALTPL12M	ALTPL18M	DIAC6M	DIAC12M	DIAC18M	DAPFL	DAPFR
Entre <sup>(1)</sup>	498,18 <sup>+++</sup>	211,01 <sup>+++</sup>	250,58 <sup>+++</sup>	1,38 <sup>ns</sup>	0,34 <sup>ns</sup>	74,86 <sup>+++</sup>	2,39 <sup>ns</sup>	60,23 <sup>+++</sup>	215,39 <sup>+++</sup>	79,55 <sup>+++</sup>
Progênie vs. Testemunha <sup>(2)</sup>	0,27 <sup>ns</sup>	0,18 <sup>ns</sup>	2,44 <sup>ns</sup>	0,13 <sup>ns</sup>	1,60 <sup>ns</sup>	12,37 <sup>**</sup>	1,16 <sup>ns</sup>	1,77 <sup>ns</sup>	0,23 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>ns</sup>
Dentro <sup>(1)</sup>	1,67 <sup>ns</sup>	1,11 <sup>ns</sup>	38,96 <sup>+++</sup>	63,88 <sup>+++</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	8,64 <sup>+++</sup>	0,03 <sup>ns</sup>	1,72 <sup>ns</sup>	3,18 <sup>+</sup>	3,86 <sup>++</sup>
População <sup>(1)</sup>	34,69 <sup>+++</sup>	16,77 <sup>+++</sup>	2,09 <sup>ns</sup>	0,01 <sup>ns</sup>	0,00 <sup>ns</sup>	0,01 <sup>ns</sup>	0,00 <sup>ns</sup>	4,26 <sup>++</sup>	31,33 <sup>+++</sup>	3,58 <sup>+</sup>
Média	98,9	134,5	263,6	474,8	491,3	44,1	56,8	58,6	88,9	127,3
CV(%)	7,4	10,1	7,0	78,1	16,3	8,6	20,7	6,9	7,5	11,3

<sup>(1)</sup> Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* – LRT). <sup>+++</sup>, <sup>++</sup>, <sup>+</sup> significativos a 1, 5, 10% de probabilidade pelo teste do qui-quadrado, com 1 grau de liberdade, respectivamente. <sup>ns</sup> não significativo. <sup>(2)</sup> Valores de F calculado, testados com 1 e 111 graus de liberdade. <sup>\*\*</sup> e <sup>ns</sup> significativo a 1% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

**Tabela 3** – Teste da razão de verossimilhança e valores de F para os efeitos de progênie, contraste entre progênie e testemunha, variação dentro das progênies e populações composta pelas diferentes progênies para os caracteres referentes à produção, número (NFCOM), massa (MFCOM) e massa média de frutos comerciais (MMFCOM), número (NFCAR) e massa (MFCAR) de frutos carpelóides, número (NFPEN) e massa de frutos pentândricos (MFPEN), número (NFBAN) e massa de frutos bananiformes (MFBAN), em 36 progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro e dois híbridos comerciais (testemunhas). Paraipaba, Ceará, 2015.

Efeito	NFCOM	MFCOM	MMFCOM	NFCAR	MFCAR	NFPEN	MFPEN	NFBAN	MFBAN
Entre <sup>(1)</sup>	7,42 <sup>+++</sup>	45,47 <sup>+++</sup>	40,35 <sup>+++</sup>	0,07 <sup>ns</sup>	40,42 <sup>+++</sup>	4,82 <sup>++</sup>	0,76 <sup>ns</sup>	181,88 <sup>+++</sup>	181,80 <sup>+++</sup>
Progênie vs. Testemunha <sup>(2)</sup>	9,79*	0,12 <sup>ns</sup>	105,38**	0,51 <sup>ns</sup>	0,86 <sup>ns</sup>	0,82 <sup>ns</sup>	2,70 <sup>ns</sup>	12,47**	10,63**
Dentro <sup>(1)</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	4,57 <sup>++</sup>	0,07 <sup>ns</sup>	0,13 <sup>ns</sup>	0,06 <sup>ns</sup>	0,00 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	8,36 <sup>+++</sup>	3,22 <sup>+</sup>
População <sup>(1)</sup>	10,78 <sup>+++</sup>	7,82 <sup>+++</sup>	8,03 <sup>+++</sup>	0,00 <sup>ns</sup>	0,00 <sup>ns</sup>	2,06 <sup>ns</sup>	0,21 <sup>ns</sup>	13,93 <sup>+++</sup>	15,32 <sup>+++</sup>
Média	109,2	41,9	1,2	22,3	1,4	0,6	228,5	13,1	3,0
CV(%)	53,4	30,3	24,2	223,8	80,1	121,7	10,7	65,7	79,9

<sup>(1)</sup> Valores obtidos pelo teste da razão de verossimilhança (*Likelihood Ratio Test* – LRT). <sup>+++</sup>, <sup>++</sup>, <sup>+</sup> significativos a 1, 5, 10% de probabilidade pelo teste do qui-quadrado, com 1 grau de liberdade, respectivamente. <sup>ns</sup> não significativo. <sup>(2)</sup> Valores de F calculado, testados com 1 e 111 graus de liberdade. <sup>\*\*</sup> e <sup>ns</sup> significativo a 1% de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F.

Os maiores CV's, 223,8, 121,7 e 79,9%, correspondem ao número de frutos carpelóides, pentândricos e bananiformes, respectivamente, onde confirma-se que frutos com anomalias é um fator fortemente associado às variações ambientais. Damasceno Júnior *et al.*, (2008), estudando a taxa de ocorrência de anomalias florais, que resultam em frutos anômalos, em épocas distintas, teve CV superior para número de flores anormais, que deve-se ao fato de que as condições ambientais influenciam a floração.

Ademais, vale ressaltar que foram avaliadas progênies S<sub>2</sub>, isto é, material genético ainda não fixado genotipicamente. Assim, normalmente são observadas variações de uma mesma progênie entre parcelas experimentais, pois nesta geração ainda ocorre perda dos desvios de dominância bem como variações provocadas por efeitos aditivos.

#### **4.2 Parâmetros genéticos**

Os coeficientes de herdabilidade à nível de médias de progênies variaram de 1,6 a 85,4% (Tabelas 4 e 5). No entanto, para a grande maioria dos caracteres, esses coeficientes foram de média a alta magnitude, o que poderia tornar possível a seleção de progênies superiores com elevada acurácia seletiva (RESENDE; DUARTE, 2007). Desta forma, as informações de predição de valores genéticos a serem usados no processo seletivo são de caráter preciso. Além disso, possuem considerável fração da variância genética aditiva, o que tende a facilitar na identificação e seleção de progênies com fenótipos desejáveis (PIMENTEL *et al.*, 2014). O mamoeiro, mesmo sendo uma espécie altamente sensível a variações ambientais, pode ter herdabilidades maiores que 70% em diversas características (SILVA *et al.*, 2008)

Para a seleção dentro de progênies, a herdabilidade individual no sentido restrito foi baixa para todos os caracteres, exceto para ALT1<sup>a</sup>FL e ALTPL6M. Quanto à seleção massal, os coeficientes de herdabilidade foram também de baixa magnitude, com exceção para o caráter ALTPL6M. Esses resultados denotam a necessidade de se praticar a seleção à nível de progênie e não por plantas individuais. Prova disto são os baixos valores observados para a acurácia seletiva quando calculadas com essas herdabilidades. Pinto *et al.*, (2013), descreveu valores de herdabilidade individual e a nível de médias para diversos caracteres da planta e fruto e constatou que a nível de médias os valores foram até sete vezes superiores àqueles da herdabilidade individual. De acordo com Falconer (1987) a herdabilidade é um parâmetro não só intrínseco de um caráter, mas em conjunto com a população em que ele se insere, assim como também do ambiente.

**Tabela 4** – Componentes de variância e parâmetros genéticos estimados para os caracteres fenológicos, altura da primeira flor (ALT1ªFL), altura do primeiro fruto (ALT1ºFR), altura de planta aos seis meses (ALTPL6M) e aos 12 meses (ALTPL12M), diâmetro de caule aos seis meses (DIAC6M) e aos 18 meses (DIAC18M), dias após o plantio para floração (DAPFL) e frutificação (DAPFR), em 36 progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro e dois híbridos comerciais (testemunhas). Paraipaba, Ceará, 2015.

Parâmetro	ALT1ªFL	ALT1ºFR	ALTPL6M	ALTPL12M	DIAC6M	DIAC18M	DAPFL	DAPFR
Variância aditiva entre progênies	108,258	247,220	473,440	549,337	10,537	14,296	30,283	160,092
Variância ambiental entre parcelas	10,034	33,449	204,379	137284,217	5,319	4,852	10,890	59,292
Variância entre blocos	267,209	273,771	92,546	19,992	0,125	12,167	79,645	51,968
Variância fenotípica dentro da parcela	214,977	753,962	684,123	1777,160	45,772	56,745	167,589	740,944
Variância fenotípica total	600,478	1308,402	1454,488	139630,706	61,753	88,060	288,407	1012,296
Variância aditiva dentro de progênie	54,129	123,610	236,720	274,668	5,268	7,148	15,142	80,046
Herdabilidade individual no sentido restrito – Massal (%)	18,0	18,9	32,6	0,4	17,1	16,2	10,5	15,8
Herdabilidade individual no sentido restrito dentro de progênie (%)	25,2	16,4	34,6	15,5	11,5	12,6	9,0	10,8
Herdabilidade em nível de médias (%)	85,4	83,9	82,4	1,6	74,5	78,0	73,1	75,5
Acurácia na seleção individual – massal (%)	42,5	43,5	57,1	6,3	41,3	40,3	32,4	39,8
Acurácia na seleção de progênies (%)	92,4	91,6	90,8	12,5	86,3	88,3	85,5	86,9
Acurácia na seleção combinada entre e dentro – BLUP (%)	99,0	96,0	99,9	30,5	89,6	91,8	88,1	90,0
Eficiência com seleção pelo BLUP entre e dentro de populações	1,071	1,048	1,100	2,438	1,038	1,040	1,030	1,035
Coefficiente de determinação dos efeitos de parcela (%)	0,017	0,026	0,141	0,983	0,086	0,055	0,038	0,059
Coefficiente de variação genética aditiva individual (%)	10,515	11,686	8,255	4,936	7,359	6,457	6,188	9,945
Coefficiente de variação experimental (%)	7,359	10,089	7,008	78,137	8,624	6,874	7,494	11,321
Coefficiente de variação relativa	1,429	1,158	1,178	0,063	0,853	0,939	0,826	0,878
Média Geral	98,949	134,543	263,568	474,803	44,112	58,555	88,927	127,233

**Tabela 5** – Componentes de variância e parâmetros genéticos estimados para os caracteres referentes à produção, número (NFCOM), massa (MFCOM) e massa média de frutos comerciais (MMFCOM), massa de frutos carpelóides (MFCAR), número de frutos pentândricos (NFPEN), número (NFBAN) e massa de frutos bananiformes (MFBAN), em 36 progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro e dois híbridos comerciais (testemunhas). Paraipaba, Ceará, 2015.

Parâmetro	NFCOM	MFCOM	MMFCOM	MFCAR	NFPEN	NFBAN	MFBAN
Variância aditiva entre progênies	176,427	52,982	0,029	0,792	0,067	70,203	5,714
Variância ambiental entre parcelas	128,543	46,275	0,004	0,047	0,013	26,854	1,382
Variância entre blocos	1819,859	41,885	0,114	0,000	0,055	74,363	7,346
Variância fenotípica dentro da parcela	16360,166	573,201	0,367	5,825	2,781	237,852	21,178
Variância fenotípica total	18484,996	714,343	0,513	6,664	2,916	409,272	35,620
Variância aditiva dentro de progênie	88,214	26,491	0,014	0,396	0,033	35,101	2,857
Herdabilidade individual no sentido restrito – Massal (%)	1,0	7,4	5,6	11,9	2,3	17,2	16,0
Herdabilidade individual no sentido restrito dentro de progênie (%)	0,5	4,6	3,9	6,8	1,2	14,8	13,5
Herdabilidade em nível de médias (%)	17,2	56,9	59,8	72,3	31,9	79,0	80,3
Acurácia na seleção individual – massal (%)	9,8	27,2	23,7	34,5	15,1	41,4	40,1
Acurácia na seleção de progênies (%)	41,5	75,4	77,3	85,0	56,5	88,9	89,6
Acurácia na seleção combinada entre e dentro – BLUP (%)	41,8	76,9	78,6	87,0	57,0	93,0	93,3
Eficiência com seleção pelo BLUP entre e dentro de populações	1,008	1,020	1,016	1,023	1,009	1,046	1,041
Coefficiente de determinação dos efeitos de parcela (%)	0,007	0,065	0,008	0,007	0,005	0,066	0,039
Coefficiente de variação genética aditiva individual (%)	12,162	17,374	14,730	64,754	41,678	63,798	80,523
Coefficiente de variação experimental (%)	53,394	30,278	24,159	80,081	121,735	65,688	79,842
Coefficiente de variação relativa	0,228	0,574	0,610	0,809	0,342	0,971	1,009
Média Geral	109,216	41,897	1,153	1,375	0,600	13,133	2,969

A acurácia seletiva reflete a qualidade das informações dos procedimentos utilizados na predição dos valores genéticos. Essa medida está associada à precisão da seleção e refere-se à correlação entre valores genéticos preditos e valores genéticos verdadeiros das progênes (PIMENTEL *et al.*, 2014). Quanto maior a acurácia seletiva na avaliação de uma progênie, maior é a confiança na avaliação e no valor genético predito para a mesma. Portanto, devem-se destacar as estimativas obtidas para os caracteres ALT1<sup>a</sup>FL e ALT1<sup>o</sup>FR. Por outro lado, para o caráter NFCOM a estimativa foi de baixa a moderada magnitude. Isto reitera o que se sabe sobre a particularidade de cada caráter, evidenciando que quanto mais complexa é a expressão dele, mais complicado o processo de seleção.

Coefficientes de herdabilidade individual de baixa magnitude dentro de progênes podem ser interpretados como informação adicional às herdabilidades entre, quando o método BLUP individual é usado (PIMENTEL *et al.*, 2014). A acurácia seletiva foi maior que 75% para a grande maioria dos caracteres estudados, com exceção para ALTPL12M, NFCOM e NFPEN. Além disso, para aqueles caracteres que a acurácia foi elevada, os coeficientes de herdabilidade individual foram maiores que 15%, o que denota considerável magnitude.

A avaliação de indivíduos com o BLUP deu maior peso à informação baseada exclusivamente entre progênes. Isso é comprovado pela contribuição à seleção dentro de progênes, evidenciada pelo acréscimo nos valores de acurácia, quando se comparam a acurácia na seleção de progênes e a acurácia na seleção combinada entre dentro de progênes, com o uso do BLUP individual. A eficiência do uso da informação dentro das progênes, obtida pela razão entre a acurácia na seleção combinada entre e dentro e a acurácia na seleção entre progênes, foi maior que uma unidade para todos os caracteres. Nessas condições, a seleção pelo BLUP individual proporciona ganhos adicionais (PIMENTEL *et al.*, 2014). Esses ganhos devem variar de 0,8% se a seleção for praticada diretamente em NFCOM a 144% se realizada em ALTPL12M.

O coeficiente de variação genética aditiva individual quantifica a dispersão dos valores aditivos em torno da média geral e, dessa forma, é desejável a ocorrência de altos valores para que as populações sejam passíveis de progresso genético. As maiores porcentagens foram observadas nos caracteres referentes a produção, porém houveram variações que vão de 4,94 a 80,52%, para as características ALTPL12M e MFBAN, respectivamente. Oliveira *et al.*, (2010), em avaliações em frutos comerciais de mamoeiro, justifica essa variação como possível variabilidade de material genético utilizado, uma vez que isso afirma um provável sucesso de seleção promissora.

No entanto, esse parâmetro deve ser analisado em conjunto com o coeficiente de variação ambiental ou experimental, o mesmo já exibido nas Tabelas 1 e 2 de ANADEV. Pela razão envolvendo ambos é gerado um outro parâmetro de relevada importância, o coeficiente de variação relativa que refere-se à magnitude desta relação (RESENDE; DUARTE, 2007). Este, por sua vez, apresenta como numerador o coeficiente de variação genética e, dessa forma, valores iguais ou superiores a uma unidade, denotam situação favorável a seleção. Neste sentido, ganhos mais fáceis serão obtidos em MFBAN, ALT1°FL, ALT1°FR e ALTPL6M.

De acordo com Falconer (1987) e Cruz; Regazzi e Carneiro (2012), coeficientes de variação relativa superiores a unidade, estando em conformidade com valores de herdabilidade superiores a 80% podem refletir em ganhos de seleção satisfatórios. Tal situação foi observada para todos os caracteres com valores acima de 1 para o coeficiente de variação relativa.

O sucesso na seleção de progênies superiores está intrinsecamente ligado à experimentação adequada, pois, para a análise estatística resultar em boas predições de BLUP, é indispensável que sejam boas estimativas dos componentes de variância (RAMALHO; CARVALHO; RODRIGUES, 2012).

Com o intuito de se gerar informações mais detalhadas acerca da precisão experimental, foram estimados os coeficientes de determinação dos efeitos de parcela. Para Resende (2002), estimativas ideais são aquelas com magnitudes inferiores a 10%. Quando isto ocorre, significa dizer que a variação fenotípica observada foi pouco influenciada pela variação ambiental. Isto pode ser comprovado pelas pequenas diferenças detectadas entre a variância fenotípica dentro e total. Portanto, para a maioria dos caracteres foram geradas estimativas de alta confiabilidade.

#### **4.3 Valores genotípicos e ganhos com a seleção entre progênies**

Para análise do efeito de progênie, devem ser rejeitados os testes de comparações múltiplas entre médias (TCM), já que os efeitos de tratamentos são tomados como aleatórios e a intenção é de seleção genotípica (BORGES *et al.*, 2010). A metodologia REML/BLUP proporciona o ordenamento crescente ou decrescente de progênies, de acordo com o objetivo do programa melhoramento e de seus valores genéticos para cada caráter separadamente como observado nas tabelas 6, 7, 8 e 9, onde as progênies foram ordenadas de acordo com a intenção de reduzir ou aumentar a expressão do caráter em questão.

**Tabela 6** – Efeito gênico aditivo (a), valor genético aditivo (u+a) e ganho genético acumulado (GA), preditos para 36 progênies (Prg) S<sub>2</sub> de mamoeiro, quanto a altura da primeira flor (ALT1°FL), altura do primeiro fruto (ALT1°FR), altura de planta aos seis meses (ALTPL6M) e aos 12 meses (ALTPL12M)<sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015.

Ordem	ALT1°FL				ALT1°FR				ALTPL6M				ALTPL12M			
	Prg	a	u+a	GA(%)	Prg	a	u+a	GA(%)	Prg	a	u+a	GA(%)	Prg	a	u+a	GA(%)
1	1	-29,289	99,24	0,3	1	-31,343	134,43	-0,1	6	-48,452	264,72	1,2	27	-1,906	474,81	0,0
2	6	-25,926	100,04	1,1	3	-30,896	135,28	0,7	3	-27,536	266,93	3,4	18	-1,501	474,86	0,1
3	14	-25,918	100,79	1,8	4	-26,613	136,16	1,6	14	-26,415	267,82	4,2	32	-1,366	474,95	0,1
4	7	-24,653	101,59	2,6	10	-25,599	136,96	2,4	27	-25,266	268,72	5,1	6	-1,264	475,00	0,2
5	13	-23,409	102,39	3,4	11	-24,413	137,79	3,2	13	-21,656	269,64	6,1	36	-1,157	475,04	0,2
6	17	-22,579	103,20	4,3	6	-23,545	138,62	4,1	5	-21,324	270,50	6,9	5	-1,086	475,08	0,3
7	3	-22,019	104,04	5,1	17	-22,275	139,49	4,9	32	-19,679	271,42	7,8	20	-0,997	475,13	0,3
8	15	-21,906	104,92	6,0	16	-20,493	140,37	5,8	17	-19,153	272,33	8,8	28	-0,990	475,17	0,4
9	16	-21,759	105,85	6,9	15	-18,684	141,24	6,7	16	-16,377	273,30	9,7	29	-0,969	475,22	0,4
10	10	-21,070	106,83	7,9	2	-16,296	142,12	7,6	29	-13,983	274,23	10,7	3	-0,808	475,27	0,5
11	11	-15,657	107,87	8,9	26	-16,063	142,97	8,4	18	-8,252	275,14	11,6	30	-0,806	475,32	0,5
12	8	-12,238	108,78	9,8	13	-11,908	143,88	9,3	1	-7,762	275,90	12,3	31	-0,754	475,37	0,6
13	9	-7,019	110,54	11,6	7	-10,329	145,52	11,0	26	-7,289	276,71	13,1	13	-0,697	475,42	0,6
14	4	-5,336	111,32	12,4	5	-10,278	146,40	11,9	15	-6,675	277,56	14,0	14	-0,675	475,47	0,7
15	26	-4,944	112,09	13,1	12	-8,549	147,37	12,8	4	-4,129	278,46	14,9	35	-0,499	475,53	0,7
16	2	-3,019	112,91	14,0	14	-4,496	148,34	13,8	2	-3,709	279,32	15,8	4	-0,409	475,59	0,8
17	5	-0,504	113,72	14,8	32	-2,589	149,21	14,7	8	-0,201	280,25	16,7	17	-0,390	475,64	0,8
18	12	-0,481	114,48	15,5	20	-2,475	150,07	15,5	35	-0,187	281,09	17,5	10	-0,294	475,71	0,9
19	22	1,316	115,32	16,4	8	-1,723	151,02	16,5	20	0,501	282,03	18,5	26	-0,197	475,77	1,0
20	32	3,858	116,16	17,2	18	-0,423	152,03	17,5	7	1,113	283,02	19,5	25	-0,192	475,83	1,0
21	25	7,595	116,95	18,0	9	0,491	153,08	18,5	28	1,941	284,10	20,5	1	-0,180	475,91	1,1
22	20	8,310	117,60	18,6	29	2,469	154,21	19,7	10	3,535	285,26	21,7	24	-0,130	475,99	1,2
23	27	12,996	118,29	19,3	27	2,710	155,36	20,8	36	5,118	286,48	22,9	8	-0,096	476,17	1,4
24	29	13,881	118,74	19,8	36	10,194	156,65	22,1	11	6,459	287,75	24,2	11	-0,090	476,28	1,5
25	23	14,381	119,19	20,2	31	11,149	157,57	23,0	31	14,705	289,11	25,5	15	-0,056	476,42	1,6
26	18	14,973	119,68	20,7	22	12,041	158,56	24,0	33	17,087	291,01	27,4	22	0,001	476,57	1,8
27	24	15,045	120,21	21,3	30	12,982	159,65	25,1	30	19,240	292,05	28,5	2	0,011	476,74	1,9
28	35	16,893	121,57	22,6	28	13,597	160,86	26,3	9	21,923	293,08	29,5	34	0,146	476,96	2,2
29	28	17,619	122,28	23,3	24	13,652	162,27	27,7	22	22,024	294,02	30,5	21	0,198	477,21	2,4
30	19	20,379	123,10	24,1	21	15,222	164,03	29,5	25	23,073	295,23	31,7	23	0,204	477,52	2,7
31	36	22,761	123,73	24,8	23	19,992	168,56	34,0	23	29,047	296,66	33,1	7	0,205	477,94	3,1
32	30	23,633	124,13	25,2	35	25,696	171,37	36,8	19	30,663	297,47	33,9	33	0,214	478,53	3,7
33	21	24,681	124,52	25,6	25	31,213	174,15	39,6	24	31,548	298,28	34,7	19	0,369	479,41	4,6
34	31	24,839	124,81	25,9	33	34,080	176,95	42,4	34	31,639	299,33	35,8	9	0,460	480,82	6,0
35	34	25,152	125,32	26,4	19	36,010	181,11	46,6	21	35,372	301,39	37,8	12	0,742	483,60	8,8
36	33	27,599	126,55	27,6	34	57,125	191,67	57,1	12	40,278	303,85	40,3	16	16,855	491,66	16,9

<sup>(1)</sup>Valor genético obtido com a média geral e o ganho acumulado predito com base na média das progênies.



**Tabela 7** – Efeito gênico aditivo (a), valor genético aditivo (u+a) e ganho genético acumulado (GA), preditos para 36 progênies (Prg) S<sub>2</sub> de mamoeiro, quanto ao diâmetro do caule aos 6 meses (DIAC6M) e aos 12 meses (DIAC12M), (ALT1°FR), dias após o plantio para floração (DAPFL) e frutificação (DAPFR)<sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015.

Ordem	DIAC6M				DIAC18M				DAPFL				DAPFR			
	Prg	a	u+a	GA(%)	Prg	a	u+a	GA(%)	Prg	a	u+a	GA(%)	Prg	a	u+a	GA(%)
1	9	7,156	51,27	7,2	9	8,694	67,25	8,7	1	-16,802	89,16	0,2	4	-21,443	127,44	0,2
2	23	4,319	49,85	5,7	14	8,016	66,91	8,4	7	-16,718	89,62	0,7	1	-20,128	128,03	0,8
3	12	3,492	49,10	5,0	12	7,591	66,66	8,1	13	-15,852	90,11	1,2	10	-17,662	128,61	1,4
4	22	2,830	48,56	4,4	8	6,634	66,29	7,7	15	-13,960	90,59	1,7	11	-13,558	129,15	1,9
5	24	2,773	48,23	4,1	7	6,379	66,02	7,5	14	-13,220	91,05	2,1	2	-13,232	129,61	2,4
6	19	2,578	47,97	3,9	2	4,759	65,57	7,0	10	-13,130	91,52	2,6	26	-12,971	130,08	2,8
7	30	2,549	47,78	3,7	15	3,952	65,13	6,6	16	-11,304	92,01	3,1	12	-11,835	130,57	3,3
8	10	2,507	47,64	3,5	17	3,711	64,77	6,2	17	-10,463	92,47	3,5	17	-11,470	131,06	3,8
9	8	2,263	47,50	3,4	10	3,448	64,46	5,9	8	-10,100	92,94	4,0	15	-10,400	131,57	4,3
10	25	1,902	47,35	3,2	22	3,447	64,22	5,7	9	-7,837	93,43	4,5	16	-9,682	132,08	4,8
11	34	1,894	47,23	3,1	19	3,218	64,00	5,4	11	-5,762	93,87	4,9	3	-9,443	132,60	5,4
12	33	1,603	47,10	3,0	11	2,850	63,78	5,2	4	-5,207	94,27	5,3	7	-7,314	133,15	5,9
13	21	1,251	46,97	2,9	1	2,810	63,59	5,0	3	-4,331	94,67	5,7	32	-6,935	133,66	6,4
14	1	1,041	46,84	2,7	25	2,304	63,40	4,8	2	-4,045	95,07	6,1	21	-2,579	134,19	7,0
15	11	0,894	46,72	2,6	24	2,050	63,21	4,7	12	-3,562	95,50	6,6	29	-2,216	134,59	7,4
16	2	0,802	46,60	2,5	34	1,860	63,04	4,5	26	-0,677	95,94	7,0	5	-1,148	135,45	8,2
17	7	0,688	46,50	2,4	5	1,783	62,88	4,3	6	-0,283	96,66	7,7	9	-0,624	135,89	8,7
18	31	0,271	46,38	2,3	13	1,234	62,71	4,2	5	0,813	97,06	8,1	20	0,008	136,36	9,1
19	28	0,219	46,27	2,2	16	1,150	62,55	4,0	32	2,352	97,83	8,9	13	0,179	136,84	9,6
20	35	-0,100	46,07	2,0	35	0,752	62,39	3,8	24	4,934	98,22	9,3	8	1,255	137,36	10,1
21	18	-0,287	45,97	1,9	30	0,106	62,21	3,7	22	5,670	98,49	9,6	31	1,961	137,88	10,7
22	15	-0,351	45,87	1,8	18	-0,021	62,04	3,5	25	6,492	98,75	9,8	36	2,043	138,43	11,2
23	14	-0,457	45,78	1,7	33	-0,064	61,89	3,3	23	6,499	98,98	10,1	30	2,376	139,04	11,8
24	36	-0,953	45,68	1,6	23	-0,076	61,75	3,2	19	7,704	99,26	10,3	18	2,737	139,71	12,5
25	26	-0,962	45,58	1,5	3	-0,287	61,61	3,1	34	7,942	99,48	10,6	28	3,480	141,31	14,1
26	4	-1,515	45,47	1,4	21	-0,438	61,47	2,9	35	8,267	99,71	10,8	24	4,264	142,27	15,0
27	5	-1,531	45,37	1,3	31	-0,506	61,35	2,8	28	8,469	99,97	11,0	6	6,528	143,35	16,1
28	29	-1,891	45,26	1,1	29	-1,153	61,09	2,5	21	8,992	100,25	11,3	23	8,570	144,41	17,2
29	27	-2,252	45,14	1,0	28	-1,205	60,97	2,4	31	9,810	100,54	11,6	27	9,389	145,49	18,3
30	20	-2,256	45,04	0,9	26	-1,408	60,84	2,3	33	10,010	100,80	11,9	22	9,494	146,75	19,5
31	17	-2,428	44,93	0,8	6	-1,858	60,71	2,2	30	11,011	101,11	12,2	35	10,605	148,43	21,2
32	32	-2,549	44,83	0,7	4	-1,997	60,59	2,0	29	11,393	101,35	12,4	33	17,124	150,54	23,3
33	13	-2,663	44,73	0,6	27	-2,187	60,46	1,9	20	11,408	101,60	12,7	25	21,889	152,09	24,9
34	3	-2,948	44,63	0,5	36	-3,348	60,31	1,8	36	11,876	102,03	13,1	34	22,687	153,08	25,8
35	16	-3,538	44,52	0,4	32	-4,890	60,13	1,6	18	13,677	102,64	13,7	14	25,549	154,66	27,4
36	6	-6,391	44,33	0,2	20	-6,218	59,92	1,4	27	13,751	102,68	13,8	19	29,298	156,53	29,3

<sup>(1)</sup>Valor genético obtido com a média geral e o ganho acumulado predito com base na média das progênies.

**Tabela 8** –Efeito gênico aditivo (a), valor genético aditivo (u+a) e ganho genético acumulado (GA), preditos para 36 progênes (Prg) S<sub>2</sub> de mamoeiro, quanto ao número (NFCOM), massa (MFCOM) e massa média de frutos comerciais (MMFCOM) e massa de frutos carpelóides (MFCAR)<sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015.

Ordem	NFCOM				MFCOM				MMFCOM				MFCAR			
	Prg	a	u+a	GA(%)	Prg	a	u+a	GA(%)	Prg	a	u+a	GA(%)	Prg	a	u+a	GA(%)
1	36	11,364	141,50	32,3	28	14,161	56,06	14,2	31	-0,467	1,49	0,3	14	-0,857	1,37	0,0
2	31	10,603	136,08	26,9	20	12,884	55,42	13,5	25	-0,426	1,43	0,3	11	-0,826	1,40	0,0
3	32	9,073	132,52	23,3	36	10,931	54,55	12,7	23	-0,385	1,38	0,2	8	-0,789	1,42	0,0
4	34	7,224	129,84	20,6	30	10,421	54,00	12,1	20	-0,370	1,34	0,2	27	-0,728	1,45	0,1
5	25	3,695	127,42	18,2	26	8,631	53,03	11,1	7	-0,333	1,32	0,2	26	-0,707	1,47	0,1
6	29	2,601	125,47	16,3	32	7,676	52,53	10,6	16	-0,320	1,29	0,1	5	-0,661	1,49	0,1
7	26	1,680	123,85	14,6	25	6,164	51,97	10,1	22	-0,318	1,27	0,1	29	-0,587	1,52	0,1
8	28	0,188	122,41	13,2	21	5,869	51,51	9,6	21	-0,309	1,25	0,1	28	-0,568	1,54	0,2
9	23	-0,821	121,13	11,9	18	5,178	51,06	9,2	19	-0,295	1,24	0,1	24	-0,548	1,59	0,2
10	19	-2,065	119,97	10,8	34	4,605	50,65	8,8	36	-0,288	1,23	0,1	36	-0,496	1,62	0,2
11	35	-3,157	118,90	9,7	31	4,105	50,26	8,4	34	-0,268	1,21	0,1	2	-0,469	1,65	0,3
12	21	-4,224	117,90	8,7	22	4,086	49,93	8,0	29	-0,246	1,20	0,0	12	-0,468	1,67	0,3
13	33	-5,646	116,95	7,7	24	3,721	49,62	7,7	5	-0,246	1,19	0,0	34	-0,446	1,71	0,3
14	20	-6,419	116,06	6,8	33	3,632	49,35	7,5	26	-0,233	1,18	0,0	30	-0,374	1,74	0,4
15	18	-6,692	115,27	6,1	19	3,524	49,11	7,2	32	-0,232	1,17	0,0	33	-0,367	1,77	0,4
16	30	-6,761	114,56	5,3	23	2,747	48,84	6,9	28	-0,221	1,16	0,0	19	-0,353	1,80	0,4
17	24	-9,211	113,79	4,6	5	2,209	48,58	6,7	9	-0,221	1,15	0,0	32	-0,338	1,84	0,5
18	22	-9,327	113,10	3,9	4	1,146	48,29	6,4	17	-0,211	1,14	0,0	22	-0,199	1,88	0,5
19	27	-11,470	112,36	3,1	27	0,884	48,01	6,1	35	-0,193	1,13	0,0	1	-0,144	1,92	0,5
20	4	-35,133	110,62	1,4	1	0,379	47,74	5,8	18	-0,185	1,12	0,0	31	-0,136	1,96	0,6
21	3	-37,825	108,92	-0,3	10	0,058	47,48	5,6	14	-0,173	1,11	0,0	13	-0,109	2,00	0,6
22	12	-38,129	107,34	-1,9	29	-0,140	47,23	5,3	10	-0,133	1,11	0,0	17	-0,097	2,05	0,7
23	16	-38,178	105,89	-3,3	12	-1,427	46,95	5,0	1	-0,120	1,10	-0,1	7	0,005	2,10	0,7
24	15	-38,283	104,55	-4,7	2	-3,368	46,61	4,7	33	-0,114	1,09	-0,1	25	0,207	2,15	0,8
25	5	-39,323	103,26	-6,0	35	-4,257	46,26	4,4	27	-0,112	1,08	-0,1	10	0,243	2,19	0,8
26	9	-39,626	102,06	-7,2	15	-4,272	45,94	4,0	30	-0,104	1,08	-0,1	35	0,252	2,24	0,9
27	7	-39,735	100,94	-8,3	11	-5,314	45,61	3,7	13	-0,083	1,07	-0,1	15	0,332	2,29	0,9
28	11	-39,908	99,88	-9,3	3	-5,645	45,29	3,4	24	-0,056	1,06	-0,1	9	0,387	2,35	1,0
29	2	-39,952	98,89	-10,3	6	-6,086	44,97	3,1	3	-0,048	1,06	-0,1	6	0,479	2,42	1,0
30	1	-40,019	97,97	-11,3	13	-9,365	44,24	2,3	6	-0,042	1,05	-0,1	18	0,483	2,49	1,1
31	17	-40,518	97,08	-12,1	17	-9,407	43,88	2,0	11	-0,037	1,04	-0,1	4	0,736	2,68	1,3
32	13	-40,973	96,23	-13,0	16	-11,080	43,50	1,6	8	-0,008	1,04	-0,1	16	0,796	2,80	1,4
33	6	-41,785	95,41	-13,8	7	-11,645	43,12	1,2	4	0,006	1,03	-0,1	23	0,903	2,96	1,6
34	10	-42,134	94,62	-14,6	9	-11,865	42,76	0,9	12	0,031	1,02	-0,1	21	1,108	3,18	1,8
35	8	-43,231	93,85	-15,4	8	-12,580	42,39	0,5	2	0,112	1,01	-0,1	3	1,680	3,53	2,2
36	14	-44,855	93,07	-16,1	14	-16,563	41,95	0,0	15	0,183	1,00	-0,1	20	2,632	4,01	2,6

<sup>(1)</sup>Valor genético obtido com a média geral e o ganho acumulado predito com base na média das progênes.

**Tabela 9** –Efeito gênico aditivo (a), valor genético aditivo (u+a) e ganho genético acumulado (GA), preditos para 36 progênies (Prg) S<sub>2</sub> de mamoeiro, quanto aonúmero de frutos pentândricos (NFPEN), número de frutos (NFBAN) e massa de frutos bananiformes (MFBAN) <sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015.

Ordem	NFPEN				NFBAN				MFBAN			
	Prg	a	u+a	GA(%)	Prg	a	u+a	GA(%)	Prg	a	u+a	GA(%)
1	24	-0,338	0,55	-0,1	14	-8,604	14,95	1,8	7	-2,201	0,81	3,8
2	27	-0,322	0,56	-0,1	6	-8,119	15,23	2,1	17	-2,027	0,89	3,9
3	30	-0,317	0,57	-0,1	7	-8,086	15,51	2,4	9	-1,932	0,98	3,9
4	28	-0,306	0,58	0,0	8	-7,530	15,81	2,7	14	-1,922	1,06	4,0
5	21	-0,302	0,58	0,0	16	-7,358	16,11	3,0	16	-1,848	1,15	4,1
6	22	-0,285	0,59	0,0	4	-7,063	16,43	3,3	8	-1,657	1,34	4,3
7	18	-0,262	0,60	0,0	17	-7,006	16,75	3,6	4	-1,635	1,44	4,4
8	20	-0,252	0,61	0,0	10	-6,822	17,09	4,0	13	-1,612	1,55	4,5
9	35	-0,244	0,61	0,0	2	-6,695	17,45	4,3	10	-1,599	1,66	4,6
10	33	-0,232	0,62	0,0	13	-6,121	17,83	4,7	11	-1,523	1,78	4,8
11	25	-0,226	0,63	0,0	12	-5,528	18,22	5,1	6	-1,485	1,91	4,9
12	26	-0,184	0,64	0,0	15	-5,238	19,03	5,9	12	-1,191	2,05	5,0
13	23	-0,164	0,65	0,0	11	-4,555	19,93	6,8	2	-1,150	2,18	5,1
14	32	-0,153	0,66	0,0	1	-4,436	20,43	7,3	1	-1,067	2,33	5,3
15	19	-0,145	0,66	0,0	9	-3,257	20,96	7,8	3	-0,792	2,48	5,4
16	5	-0,122	0,67	0,1	5	-3,063	21,49	8,4	5	-0,761	2,64	5,6
17	34	-0,120	0,68	0,1	19	-2,626	22,06	8,9	15	-0,756	2,81	5,8
18	36	-0,119	0,69	0,1	22	-2,320	22,67	9,5	19	-0,343	2,99	6,0
19	1	-0,106	0,70	0,1	18	-1,701	23,33	10,2	25	-0,025	3,18	6,1
20	29	-0,105	0,71	0,1	25	-0,639	24,03	10,9	18	0,002	3,37	6,3
21	2	-0,096	0,72	0,1	3	0,583	24,75	11,6	22	0,404	3,58	6,5
22	31	-0,092	0,73	0,1	21	1,393	25,48	12,3	23	0,595	3,79	6,8
23	10	-0,059	0,74	0,1	27	2,713	26,26	13,1	21	1,390	4,02	7,0
24	8	-0,058	0,75	0,1	23	3,382	27,07	13,9	30	1,668	4,22	7,2
25	15	-0,047	0,77	0,1	30	4,049	27,95	14,8	36	1,694	4,43	7,4
26	6	-0,043	0,78	0,2	28	4,197	28,92	15,8	28	1,856	4,68	7,6
27	12	-0,039	0,80	0,2	33	7,868	30,08	16,9	27	2,336	4,96	7,9
28	14	0,003	0,82	0,2	20	9,237	31,09	18,0	34	2,461	5,25	8,2
29	7	0,040	0,84	0,2	36	12,003	32,18	19,0	33	3,002	5,60	8,6
30	17	0,064	0,86	0,2	29	12,461	33,19	20,1	20	3,153	5,98	8,9
31	11	0,072	0,88	0,3	26	14,777	34,45	21,3	31	3,866	6,45	9,4
32	9	0,138	0,94	0,3	34	15,281	35,76	22,6	29	5,148	6,96	9,9
33	13	0,229	0,98	0,4	31	19,302	37,60	24,5	26	5,152	7,42	10,4
34	4	0,359	1,02	0,4	24	19,352	39,32	26,2	32	6,129	8,17	11,1
35	16	0,404	1,04	0,4	32	26,035	42,74	29,6	24	7,205	9,19	12,2
36	3	0,435	1,05	0,4	35	33,180	46,31	33,2	35	11,178	11,18	14,1

<sup>(1)</sup>Valor genético obtido com a média geral e o ganho acumulado predito com base na média das progênies.

Na análise das dez melhores progênes, quatro (17, 10, 18 e 14) se mostraram mais frequentes quanto a maioria dos caracteres avaliados (Tabelas 6, 7, 8 e 9). Por exemplo, a progênie 17 esteve presente entre as mais promissoras para os caracteres ALT1<sup>a</sup>FL, ALT1<sup>o</sup>FR, ALTPL6M, DIAC18M, DAPFL, DAPFR, NFBAN e MFBAN. Dentre estes, a progênie 10 só não se destacou para ALTPL6M, mas em compensação esteve entre as melhores para DIAC6M, DIAC18M, o que não aconteceu com a progênie 17. Resultados similares foram observados envolvendo as progênes 18 e 14. As estimativas evidenciam que essas progênes são as que detêm maior frequência de alelos favoráveis para a maioria dos caracteres avaliados. Assim, atenção especial deve ser dada as mesmas, pois parecem apresentar indivíduos com potencial para se gerar cultivar.

Na literatura, são escassos os trabalhos que envolvam predição de ganhos genéticos em espécies frutíferas, principalmente envolvendo acentuado número de características a serem analisadas concomitantemente. Pimentel *et al.*, (2014), fazendo estudo em 36 populações segregantes de trigo conseguiu detectar uma população que figurasse ao mesmo tempo entre as dez populações superiores nos quatro caracteres morfoagronômicos analisados. Alves e Resende (2008), ao ordenar suas progênes de cupuaçuzeiro quanto ao ganho genético acumulado para aumento da produção de frutos, verificou que poderia obter ganhos consideráveis com a seleção das cinco primeiras progênes no *ranqueamento*.

#### **4.4 Valores genotípicos e ganhos com a seleção entre e dentro de progênes**

Com o intuito de selecionar prováveis indivíduos potenciais dentro das melhores progênes identificadas, promoveu-se um *ranqueamento* dos 20 indivíduos mais promissores dentro e entre as progênes estudadas (Tabelas 10, 11, 12 e 13). Obviamente, esta classificação foi realizada levando-se em consideração o objetivo do programa, de aumentar ou reduzir a expressão do caráter.

Nenhum indivíduo figurou neste *ranqueamento* entre todos os caracteres analisados o que dificilmente seria encontrado, já que nem todos os caracteres avaliados correlacionam-se de forma positiva ou negativa, porém diferentes estratégias para indicar indivíduos promissores podem ser traçadas envolvendo os diversos caracteres em que a análise foi submetida.

**Tabela 10** – Efeito genético aditivo (a), valor genético aditivo individual (u+a) e ganho genético acumulado (GA, %), preditos com seleção de 10 e 20% dos melhores genótipos (planta) dentro e entre 36 progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro, quanto a altura da primeira flor (ALT1<sup>o</sup>FL), altura do primeiro fruto (ALT1<sup>o</sup>FR), altura de planta aos seis meses (ALTPL6M) e aos 12 meses (ALTPL12M)<sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015.

Ordem	ALT1 <sup>o</sup> FL				ALT1 <sup>o</sup> FR				ALTPL6M				ALTPL12M			
	Gen.	a	u+a	GA(%)	Gen.	a	u+a	GA(%)	Gen.	a	u+a	GA(%)	Gen.	a	u+a	GA(%)
1	322	-39,763	59,19	0,3	125	-37,578	96,97	0,5	613	-65,081	198,49	1,0	2233	-55,108	419,69	0,0
2	132	-33,950	65,00	0,4	333	-37,150	97,39	0,6	623	-62,610	200,96	1,1	1234	-17,768	457,03	0,1
3	124	-33,560	65,39	0,4	324	-36,639	97,90	0,6	633	-58,487	205,08	1,2	721	-15,246	459,56	0,1
4	614	-32,801	66,15	0,5	122	-36,103	98,44	0,7	624	-57,420	206,15	1,3	531	-13,993	460,81	0,2
5	1421	-32,156	66,79	0,5	145	-35,895	98,65	0,8	634	-56,757	206,81	1,4	1025	-13,271	461,53	0,2
6	622	-31,654	67,29	0,6	133	-35,756	98,79	0,8	622	-55,690	207,88	1,5	613	-12,108	462,70	0,2
7	114	-31,490	67,46	0,6	144	-35,731	98,81	0,9	645	-54,027	209,54	1,6	921	-11,900	462,90	0,3
8	125	-31,042	67,91	0,7	342	-35,023	99,52	0,9	635	-53,297	210,27	1,7	634	-11,492	463,31	0,3
9	721	-30,960	67,99	0,7	312	-34,704	99,84	1,0	643	-52,297	211,27	1,8	2824	-11,296	463,51	0,3
10	123	-30,539	68,41	0,8	311	-34,704	99,84	1,0	615	-52,279	211,29	1,8	543	-11,208	463,60	0,3
11	122	-30,539	68,41	0,8	131	-34,608	99,93	1,1	611	-52,279	211,29	1,9	1344	-11,095	463,71	0,4
12	115	-30,483	68,47	0,9	334	-34,362	100,18	1,2	641	-50,567	213,00	2,0	131	-11,002	463,80	0,4
13	112	-30,483	68,47	0,9	113	-34,133	100,41	1,2	642	-48,837	214,73	2,1	1824	-10,800	464,00	0,4
14	121	-30,035	68,91	1,0	344	-33,547	101,00	1,3	632	-42,916	220,65	2,2	1035	-10,111	464,69	0,4
15	1422	-29,890	69,06	1,0	114	-32,821	101,72	1,3	335	-40,536	223,03	2,2	243	-10,087	464,72	0,5
16	634	-29,829	69,12	1,1	123	-32,660	101,88	1,4	614	-40,168	223,40	2,4	1325	-9,670	465,13	0,5
17	142	-29,593	69,36	1,1	414	-32,543	102,00	1,5	612	-40,168	223,40	2,4	2813	-9,661	465,14	0,5
18	621	-29,388	69,56	1,1	1023	-32,201	102,34	1,5	345	-39,286	224,28	2,5	3234	-9,506	465,30	0,5
19	141	-29,341	69,61	1,2	314	-32,080	102,46	1,6	1415	-38,107	225,46	2,7	423	-9,183	465,62	0,5
20	1443	-29,319	69,63	1,2	115	-31,837	102,71	1,6	344	-37,556	226,01	2,7	1012	-9,180	465,62	0,6
10% <sup>(2)</sup>		-28,303	70,65	1,8		-30,676	103,87	2,1		-37,310	226,26	3,6		-10,149	464,65	0,6
20%		-25,856	73,09	3,3		-27,258	107,29	3,8		-30,155	233,41	5,6		-7,514	467,29	1,1
$\bar{X}_G$			98,95				134,54				263,57				474,80	
$\bar{X}_{ST}$			98,32				133,48				264,51				474,83	

<sup>(1)</sup> Valor genético obtido com a média geral e o ganho acumulado, preditos com base na média das progênies. <sup>(2)</sup>As pressões de seleção de 10 e 20% correspondem às médias dos 72 e 144 genótipos, respectivamente, melhor ranqueados quanto aos caracteres.  $\bar{X}_G$  = média geral e  $\bar{X}_{ST}$  = média sem as testemunhas.

**Tabela 11** – Efeito genético aditivo (a), valor genético aditivo individual (u+a) e ganho genético acumulado (GA, %), preditos com seleção de 10 e 20% dos melhores genótipos (planta) dentro e entre 36 progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro, quanto ao diâmetro do caule aos seis meses (DIAC6M) e aos 18 meses (DIAC18M), dias após o plantio para floração (DAPFL) e frutificação (DAPFR)<sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015.

Ordem	DIAC6M				DIAC18M				DAPFL				DAPFR			
	Gen.	a	u+a	GA(%)	Gen.	a	u+a	GA(%)	Gen.	a	u+a	GA(%)	Gen.	a	u+a	GA(%)
1	943	17,653	61,76	17,7	943	10,494	69,05	10,5	124	-18,437	70,49	0,3	141	-25,368	101,87	0,3
2	921	7,479	51,59	12,6	925	10,257	68,81	10,4	132	-18,154	70,77	0,3	144	-24,288	102,95	0,3
3	915	7,432	51,54	10,9	914	9,759	68,31	10,2	112	-17,918	71,01	0,4	343	-24,119	103,11	0,4
4	924	7,248	51,36	10,0	734	9,684	68,24	10,0	722	-17,875	71,05	0,4	113	-23,384	103,85	0,4
5	925	7,248	51,36	9,4	1213	9,673	68,23	10,0	715	-17,849	71,08	0,4	215	-23,323	103,91	0,5
6	933	6,913	51,03	9,0	1421	9,452	68,01	9,9	125	-17,714	71,21	0,4	212	-23,323	103,91	0,5
7	922	6,903	51,01	8,7	924	9,123	67,68	9,8	711	-17,669	71,26	0,5	245	-23,237	104,00	0,5
8	931	6,798	50,91	8,5	942	9,109	67,66	9,7	721	-17,604	71,32	0,5	243	-23,237	104,00	0,6
9	935	6,798	50,91	8,3	1443	9,072	67,63	9,6	115	-17,557	71,37	0,5	241	-23,237	104,00	0,6
10	914	6,511	50,62	8,1	931	8,818	67,37	9,5	714	-17,488	71,44	0,5	445	-23,132	104,10	0,6
11	941	6,488	50,60	8,0	1243	8,794	67,35	9,5	723	-17,424	71,50	0,6	342	-23,039	104,19	0,7
12	934	6,223	50,33	7,8	1225	8,705	67,26	9,4	1341	-17,323	71,60	0,6	242	-22,913	104,32	0,7
13	923	6,212	50,32	7,7	1422	8,696	67,25	9,4	114	-17,286	71,64	0,6	441	-22,700	104,53	0,8
14	942	5,682	49,79	7,5	1432	8,573	67,13	9,3	141	-17,269	71,66	0,7	442	-22,376	104,86	0,8
15	2335	5,632	49,74	7,4	1442	8,568	67,12	9,3	725	-17,243	71,68	0,7	444	-22,052	105,18	0,8
16	944	5,337	49,45	7,3	825	8,451	67,01	9,2	741	-17,183	71,74	0,7	443	-22,052	105,18	0,9
17	2311	5,314	49,43	7,2	921	8,367	66,92	9,2	122	-17,081	71,85	0,7	145	-22,019	105,21	0,9
18	2345	5,130	49,24	7,1	1235	8,350	66,91	9,1	142	-16,998	71,93	0,8	341	-21,958	105,28	1,0
19	1233	4,971	49,08	6,9	1215	8,287	66,84	9,1	113	-16,924	72,00	0,8	313	-21,798	105,44	1,0
20	2315	4,968	49,08	6,8	812	8,224	66,78	9,0	1314	-16,763	72,16	0,8	311	-21,798	105,44	1,0
10% <sup>(2)</sup>		4,839	48,95	6,6		8,441	67,00	9,2		-16,342	72,58	1,2		-19,985	107,25	1,4
20%		3,849	47,96	5,4		7,234	65,79	8,5		-14,556	74,37	2,0		-16,861	110,37	2,4
$\bar{X}_G$			44,11				58,56				88,93		141		127,23	
$\bar{X}_{ST}$			44,15				59,98				88,68		144		127,13	

<sup>(1)</sup> Valor genético obtido com a média geral e o ganho acumulado, preditos com base na média das progênies. <sup>(2)</sup> As pressões de seleção de 10 e 20% correspondem às médias dos 72 e 144 genótipos, respectivamente, melhor ranqueados quanto aos caracteres.  $\bar{X}_G$  = média geral e  $\bar{X}_{ST}$  = média sem as testemunhas.

**Tabela 12** – Efeito genético aditivo (a), valor genético aditivo individual (u+a) e ganho genético acumulado (GA, %), preditos com seleção de 10 e 20% dos melhores genótipos (planta) dentro e entre 36 progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro quanto ao número (NFCOM), massa (MFCOM) e massa média de frutos comerciais (MMFCOM), massa de frutos carpelóides (MFCAR)<sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015.

Ordem	NFCOM				MFCOM				MMFCOM				MFCAR			
	Gen.	a	u+a	GA(%)	Gen.	a	u+a	GA(%)	Gen.	a	u+a	GA(%)	Gen.	a	u+a	GA(%)
1	3633	13,981	123,20	42,0	2832	16,058	57,95	16,1	3142	0,282	1,44	0,41	1425	-0,905	0,47	0,0
2	3144	13,651	122,87	41,2	2842	15,561	57,46	15,8	3144	0,282	1,43	0,41	1424	-0,905	0,47	0,0
3	3142	13,641	122,86	40,5	2814	15,487	57,38	15,7	3134	0,244	1,40	0,40	1423	-0,905	0,47	0,0
4	3622	13,575	122,79	39,8	2825	15,458	57,35	15,6	2542	0,215	1,37	0,40	1422	-0,905	0,47	0,0
5	3134	13,104	122,32	39,1	2815	15,418	57,31	15,6	3125	0,212	1,37	0,39	1421	-0,905	0,47	0,0
6	3615	13,096	122,31	38,4	2811	15,122	57,02	15,5	3112	0,187	1,34	0,39	1445	-0,889	0,49	0,0
7	3612	13,080	122,30	37,8	2831	15,053	56,95	15,5	3114	0,179	1,33	0,38	1444	-0,889	0,49	0,0
8	3125	12,707	121,92	37,2	2042	15,011	56,91	15,4	2535	0,176	1,33	0,38	1443	-0,889	0,49	0,0
9	3233	11,600	120,82	36,6	2823	14,924	56,82	15,3	3141	0,176	1,33	0,37	1442	-0,889	0,49	0,0
10	3632	11,495	120,71	36,0	2812	14,860	56,76	15,3	3131	0,176	1,33	0,37	1414	-0,886	0,49	0,0
11	3635	11,431	120,65	35,5	2824	14,682	56,58	15,2	3115	0,175	1,33	0,36	1411	-0,886	0,49	0,0
12	3614	11,398	120,61	35,0	2043	14,500	56,40	15,2	3125	0,174	1,33	0,36	1433	-0,885	0,49	0,0
13	3642	11,276	120,49	34,5	2841	14,366	56,26	15,1	3113	0,172	1,33	0,36	1432	-0,885	0,49	0,0
14	3621	11,272	120,49	34,0	2844	14,258	56,15	15,1	3111	0,171	1,32	0,35	1431	-0,885	0,49	0,0
15	3225	11,204	120,42	33,5	2045	14,211	56,11	15,0	3122	0,171	1,32	0,35	1123	-0,877	0,50	0,0
16	3641	11,201	120,42	33,1	2822	14,102	56,00	14,9	3133	0,168	1,32	0,35	1122	-0,877	0,50	0,0
17	3631	11,107	120,32	32,6	2033	14,094	55,99	14,9	3132	0,168	1,32	0,34	1121	-0,877	0,50	0,0
18	3643	11,066	120,28	32,2	2843	14,093	55,99	14,8	3123	0,165	1,32	0,34	1145	-0,860	0,51	0,0
19	3644	10,980	120,20	31,8	2833	13,923	55,82	14,8	3124	0,152	1,31	0,33	1144	-0,860	0,51	0,0
20	3625	10,938	120,15	31,4	2014	13,884	55,78	14,8	2521	0,143	1,30	0,33	1143	-0,860	0,51	0,0
10% <sup>(2)</sup>		9,932	119,15	28,8		12,890	54,79	14,2		0,100	1,25	0,30		-0,833	0,54	0,0
20%		6,202	115,42	23,0		10,402	52,30	12,8		0,039	1,19	0,23		-0,756	0,62	0,1
$\bar{X}_G$			109,22				41,90				1,15				1,37	
$\bar{X}_{ST}$			88,83				41,61				0,97				1,37	

<sup>(1)</sup> Valor genético obtido com a média geral e o ganho acumulado, preditos com base na média das progênies. <sup>(2)</sup> As pressões de seleção de 10 e 20% correspondem às médias dos 72 e 144 genótipos, respectivamente, melhor ranqueados quanto aos caracteres.  $\bar{X}_G$  = média geral e  $\bar{X}_{ST}$  = média sem as testemunhas.

**Tabela 13** – Efeito genético aditivo (a), valor genético aditivo individual (u+a) e ganho genético acumulado (GA, %), preditos com seleção de 10 e 20% dos melhores genótipos (planta) dentro e entre 36 progênies S<sub>2</sub> de mamoeiro quanto ao número de frutos pentândricos (NFPEN), número (NFBAN) e massa de frutos bananiformes (MFBAN)<sup>(1)</sup>. Paraipaba, Ceará, 2015.

Ordem	NFPEN				NFBAN				MFBAN			
	Gen.	a	u+a	GA(%)	Gen.	a	u+a	GA(%)	Gen.	a	u+a	GA(%)
1	2435	-0,343	0,277	-0,1	1515	-9,465	3,67	1,8	645	-2,346	0,62	0,8
2	2434	-0,343	0,277	-0,1	822	-9,309	3,82	1,8	1344	-2,346	0,62	0,8
3	2433	-0,343	0,277	-0,1	235	-9,309	3,82	1,8	625	-2,308	0,66	0,8
4	2432	-0,343	0,277	-0,1	1743	-9,143	3,99	1,8	1434	-2,273	0,70	0,8
5	2431	-0,343	0,277	-0,1	1312	-9,143	3,99	1,8	1312	-2,273	0,70	0,8
6	2415	-0,342	0,278	-0,1	1213	-9,143	3,99	1,8	622	-2,273	0,70	0,8
7	2414	-0,342	0,278	-0,1	421	-9,022	4,11	1,9	1124	-2,271	0,70	0,8
8	2413	-0,342	0,278	-0,1	834	-8,998	4,14	1,9	414	-2,261	0,71	0,8
9	2412	-0,342	0,278	-0,1	1333	-8,959	4,17	1,9	812	-2,256	0,71	0,8
10	2411	-0,342	0,278	-0,1	1042	-8,929	4,20	1,9	833	-2,251	0,72	0,8
11	2425	-0,342	0,278	-0,1	225	-8,929	4,20	1,9	941	-2,237	0,73	0,8
12	2424	-0,342	0,278	-0,1	244	-8,782	4,35	1,9	1013	-2,226	0,74	0,8
13	2423	-0,342	0,278	-0,1	441	-8,767	4,37	2,0	1123	-2,215	0,75	0,9
14	2422	-0,342	0,278	-0,1	443	-8,767	4,37	2,0	1333	-2,192	0,78	0,9
15	2421	-0,342	0,278	-0,1	1322	-8,740	4,39	2,0	843	-2,176	0,79	0,9
16	2445	-0,339	0,280	-0,1	433	-8,700	4,43	2,0	1043	-2,173	0,80	0,9
17	2444	-0,339	0,280	-0,1	211	-8,664	4,47	2,0	1341	-2,172	0,80	0,9
18	2443	-0,339	0,280	-0,1	1331	-8,662	4,47	2,0	1045	-2,158	0,81	0,9
19	2442	-0,339	0,280	-0,1	1021	-8,662	4,47	2,1	1113	-2,143	0,83	0,9
20	2441	-0,339	0,280	-0,1	1044	-8,573	4,56	2,1	413	-2,134	0,83	0,9
10% <sup>(2)</sup>		-0,328	0,29	-0,1		-8,477	4,66	2,3		-2,078	0,89	1,0
20%		-0,310	0,31	0,0		-7,932	5,20	2,8		-1,915	1,05	1,2
$\bar{X}_G$			0,000				13,13				2,97	
$\bar{X}_{ST}$			0,549				14,84				3,70	

<sup>(1)</sup> Valor genético obtido com a média geral e o ganho acumulado, preditos com base na média das progênies. <sup>(2)</sup> As pressões de seleção de 10 e 20% correspondem às médias dos 72 e 144 genótipos, respectivamente, melhor ranqueados quanto aos caracteres.  $\bar{X}_G$  = média geral e  $\bar{X}_{ST}$  = média sem as testemunhas.



Neste trabalho, a partir dos dados dispostos, pode-se observar que dentre esses indivíduos, 12 se destacaram por estarem presentes entre os 20 primeiros em pelo menos três variados caracteres simultaneamente, são os indivíduos 113, 114, 115, 122, 125, 141, 622, 634, 721, 921, 1421 e 1422. Na numeração de cada indivíduo, seu algarismo da unidade corresponde ao número da planta dentro da parcela, o algarismo da dezena corresponde à repetição em que se refere a parcela e os algarismos restantes são provenientes do número da progênie. Por exemplo, o indivíduo 1422, corresponde a planta dois, da segunda repetição da progênie 14. Dos 12 indivíduos destacados, nota-se que 50% são oriundos da progênie 1 e apenas os indivíduos 1421 e 1422 são provenientes de uma progênie anteriormente identificada como superior na análise do tópico 4.3. Isto significa que a maioria dessas progênies são compostas de plantas com comportamento inferior e com, provavelmente, alguns indivíduos de comportamento muito superior que fez com que a média dessas progênies fossem elevadas.

Rocha (2014) observou que para as características massa fresca de fruto e massa fresca de polpa, 50% dos indivíduos presentes coincidiram, entre os 25 mais potenciais para essas características. Vale ressaltar que a quantidade de plantas analisadas pelo autor foi bem menor que neste trabalho e a as características analisadas bem mais correlacionáveis positivamente.

.Como já mencionado, que cada indivíduo dos 12 destacados tem comportamento superior, em pelo menos um trio diferente dos 15 caracteres submetidos ao BLUP individual, isso induz a um futuro estudo de caracteres discriminantes com conseqüente formação de índice para seleção. Só a partir dessa análise, indivíduos superiores podem então ser selecionados.

As progênies avaliadas no presente estudo ainda estão segregando. Assim, torna-se um tanto que arriscado apontar um indivíduo que possa ser lançado como futura cultivar. Diante disso, o mais plausível é promover a seleção em ciclos subsequentes, para que não seja penalizado/descartado de imediato, indivíduos não fixados genotipicamente. Neste sentido, foram simuladas duas condições de seleção, considerando intensidades de 10 e 20% (Tabelas 10, 11, 12 e 13). Os ganhos que cada intensidade apresenta, foram preditos a partir do valor genético médio das populações e do valor genético médio dos indivíduos selecionados; este último representa a soma do efeito aditivo médio dos indivíduos selecionados e o valor genético médio das populações (PIMENTEL *et al.*, 2014).

Dentre os caracteres que foram avaliados com o propósito de aumentar expressão, o NFCOM foi o que gerou os maiores ganhos médios tanto com a intensidade de seleção de 10 como de 20%, que foram de 28,8 e 23,0%, respectivamente.

Quando o objetivo é reduzir a expressão de caracteres com fenótipos indesejáveis, o recomendado é identificar aqueles indivíduos que proporcionam os maiores ganhos negativos. Dentre os caracteres que foram avaliados com esse propósito, o NFPEN foi o que gerou os menores ganhos médios para as duas intensidades de seleção, -0,1% para a intensidade de 10% e para a de 20% o ganho acumulado foi nulo.

## 5. CONCLUSÕES

As magnitudes dos parâmetros genéticos indicam que a variabilidade presente para a maioria dos caracteres, possibilita maiores ganhos genéticos se a seleção for praticada a nível de progênes e não por plantas individuais.

Na seleção entre progênes, PROC-323, PROC-130, PROT-13 e PROC-217 foram as mais promissoras e devem ser as selecionadas para dar continuidade ao processo de melhoramento.

Na seleção entre e dentro de progênes, os indivíduos 1421 e 1422 foram aqueles que apresentaram maior potencial agrônômico.

O aumento da expressividade foi superior para o caráter número de frutos comerciais e a redução para número de frutos pentândricos.

## 6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. Edgard Blucher, São Paulo, 1971. 381p.
- ALVES, R. M.; RESENDE, M.D .V de. Avaliação genética de indivíduos e progênes de cupuaçuzeiro no Estado do Pará e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, n. 3, p. 696-701, 2008.
- ARKLE JUNIOR, T. D.; NAKASONE, H. Y. Floral differentiation in the hermaphroditic papaya. **Hort Science**, v. 19, n. 6, p. 832-834, 1984.
- AZEVEDO, Inga Gonçalves. **Caracterização das bombas de prótons da polpa de frutos de mamão (*Carica papaya* L. ) e relação com a ocorrência do distúrbio da gelificação**. 2006. Tese (Doutorado em Produção Vegetal)- Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, 2006.
- BADILLO, V. M. *Carica* L. vs. *Vasconcella* St. Hil.(Caricaceae): com la rehabilitación de este último. **Ernstia**, v.10, p.74-79, 2000.
- BADILLO, V. M. Caricaceae. **Revista de la Facultad de Agronomía - Alcance**, v.43, p.111, 1993.
- BORÉM, A., **Melhoramento de Plantas**. 3ª Ed. Ed.Viçosa: UFV, 500p. 2001.
- BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M., & SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010.
- BORGES, V.; SOARES, A. A.; RESENDE, M. D. V.; REIS, M. S.; CORNÉLIO, V. M. O.; SOARES, P. C. Progresso genético do programa de melhoramento de arroz de terras altas de Minas gerais utilizando modelos mistos. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 27, n. 3, p. 478-490, 2009.
- CAMPOS, Sílvia de Carvalho. **Tratamento químico de sementes de mamoeiro para o controle do tombamento causado por *Rhizoctonia solani***. 2007. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, 2007.
- COSTA, A. DE F. S.; PACOVA, B. E. V. Caracterização de cultivares, estratégias e perspectivas do melhoramento genético do mamoeiro. *In*: MARTINS, D. S., COSTA, A. F. S. (eds.) A cultura do mamoeiro: tecnologias de produção. Vitória: Incaper, p. 59-102. Cap 3, 2003.
- CRUZ. C. D.; REGAZI, A. J.; CARNEIRO. P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de plantas**. v.1. 4.ed. Viçosa: Ed.UFV, 2012. 514p.
- DAMASCENO JÚNIOR, P. C.; PEREIRA, T. N. S.; SILVA, F. F., VIANA, A. P.; PEREIRA, M. G. Comportamento floral de híbridos de mamoeiro (*Carica papaya* L.) avaliados no verão e na primavera. **Ceres**, Viçosa, v. 55, n. 4, p; 310-316, Viçosa, 2008.

DAMASCENO JÚNIOR, P. C.; COSTA, F. R.; PEREIRA, T. N. S.; FREITAS NETO, M.; PEREIRA, M. G. Karyotype determination in three Caricaceae species emphasizing the cultivated form (*Carica papaya* L.). **Caryologia**, v. 62, p.10-15. 2009.

DANTAS, J. L. L., CASTRO NETO, M. T. Aspectos botânicos e fisiológicos. *In*: Trindade, A. V. (Org.). Mamão, produção: aspectos técnicos. **Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia**. p.11-14., Brasília, 2000.

DANTAS, J. L. L.; OLIVEIRA, E. J. O melhoramento genético do mamoeiro: Avanços, desafios e perspectivas. *In*: I SIMPÓSIO NORDESTINO DE GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 2009, Fortaleza - CE. O melhoramento genético no contexto atual. Fortaleza - CE: **Embrapa Agroindústria Tropical**, v.1. p.151-180. 2009.

DANTAS, J. L. L.; OLIVEIRA, E. J.; PEREIRA, M. G.; CATTANEO, L. F. Melhoramento Genético do Mamoeiro no Brasil. *In*: Embrapa Mandioca e Fruticultura-Resumo em anais de congresso (ALICE). *In*: SIMPÓSIO DO PAPAYA BRASILEIRO, 5., 2011, Porto Seguro. Inovação e sustentabilidade: [Anais...] Porto Seguro: Embrapa Mandioca e Fruticultura. 1 CD-ROM., 2011.

DANTAS, J. L. L.; SOUZA, J. D. S.; PINTO, R. D. S.; LIMA, J. D. Variabilidade genética e melhoramento do mamoeiro. Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste Brasileiro (online). Versão, 1. 1999.

DIAS, N. L. P.; DE OLIVEIRA, E. J.; DANTAS, J. L. L. Avaliação de genótipos de mamoeiro com uso de descritores agronômicos e estimação de parâmetros genéticos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 11, p. 1471-1479, 2012.

DIAS, N. L. P.; OLIVEIRA, E. J.; DANTAS, J. L. L. Avaliação de genótipos de mamoeiro com uso de descritores agronômicos e estimação de parâmetros genéticos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 11, p. 1.471-1.479, Brasília, 2011.

EMBRAPA SOLOS. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília: Embrapa Produção de Informação, 1999, 412p.

EVANS, E.A. E BALLEEN, F. H. An overview of global papaya production, trade, and consumption. **Institute of Food and Agricultural Sciences**, University of Florida, Gainesville, 2012.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1987. 198p.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetic**. 2. Ed. London: Longman, 1981, 340 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F.C.; FRANKHAM, R. Introduction to quantitative genetics (4th edn). **Trends in Genetics**, v. 12, n. 7, p. 280, 1996.

FAO 2013. FAOSTAT – Production quantity. Papayas. Disponível em <<http://faostat3.fao.org/download/Q/QC/E>> Acessado em: 25 Nov. 2015.

FEHR, W. R. "Principles of cultivar development: Theorey and Technique." 1987.

FERREGUETTI, G. A.; Caliman 01 – o primeiro híbrido de mamão Formosa brasileiro. Simpósio Papaya Brasil, 2003.

FRITSCHÉ-NETO, R. Seleção genômica ampla e novos métodos de melhoramento do milho. 2011. 38f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2011.

GALVÃO, T. D. L.; DA SILVA, T. M. Plantio do mamoeiro diretamente em campo através do uso de sementes. **Bahia Agrícola**. v.8, n. 1, nov. 2007.

GAYA, L.G; MOURAO, G. S.; FERRAZ, J. B. S. Aspectos genético-quantitativos de características de desempenho, carcaça e composição corporal em frangos. **Ciência Rural**, v. 36, n. 2, p. 709-716, 2006.

GIOVANNINI, K. F. R.; SOUZA, M. S.; PIMENTEL, D. C.; GOMES FILHO, A.; AGUIAR, K. P.; SOUZA, M. C.; PEREIRA, M. G.; OLIVEIRA, J. G. Conteúdo de vitamina C em frutos de mamão (*Carica papaya* L.). Influência do tempo de armazenamento e da época de colheita. In: Oliveira, J.G. (ed.). **Boletim Técnico da II Reunião de pesquisa do FRUTIMAMÃO** p.173-177, 2004.

HOFMEYER, J. D. J. Genetics of *Carica papaya* L. **Chron. Bot.**, v. 6, p. 246-247, 1941.

IBGE - Produção Agrícola Municipal, 2013. Disponível em:<<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia/pam/2013/default.shtm>> Acessado em: 25 Nov. 2015

JIMÉNEZ, V. M., NEWCOMER, E. M. E GUTIÉRREZ-SOTO, M. V. Biology of the Papaya Plant. In: R. MING AND P.H. MOORE (eds.), Genetics and Genomics of Papaya, **Plant Genetics and Genomics: Crops and Models**, p. 19-29, 2014.

KÖEPPEN, W. **Climatologia: com um estúdio de los climas de la tierra. México: Fondo de Cultura Economica**, 1948, 478p.

LASSOUDIÈRE, A. Le papayer. **Fruits**, v. 23, n. 11, p. 585-596, Paris, 1968.

LOPES, Tatiana da Silva. Trocas gasosas, termografia por infravermelho e eficiência fotoquímica: associação com o sexo em genótipos de mamoeiro (*Carica papaya* L.). 2014. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, 2014.

LUZ, Lucas Nunes. **Novos híbridos de mamoeiro com adaptação às regiões tradicionais e semiáridas do Brasil**. 2014. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, 2014.

MARIN, S. L. D.; GOMES, J. A.; ALVES, F. de L. Introdução, avaliação e seleção do mamoeiro cv. Improved Sunrise Solo Line 72/12 no Estado do Espírito Santo. Vitória: EMCAPA – Boletim Técnico 59, 13 p., 1989.

MARIN, S. L. D.; PEREIRA, M. G.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; MARTELLETO, L. A. P.; IDE, C. D. Partial diallel to evaluate the combining ability for economically important traits of papaya. **Scientia Agricola**, v.63, p.540-546, 2006.

MARTELLETO, L. A. P.; RIBEIRO, R. L. D.; SUDO-MARTELLETO, M.; VASCONCELOS M. A. S.; PEREIRA, M. B. Expressão da esterilidade feminina e da carpeloidia em mamoeiro sob diferentes ambientes de cultivo protegido. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 33, n. 4, p. 1185- 1193, Jaboticabal, 2011.

MARTINS, D. dos S.; COSTA, A. de F. S. da. **A cultura do mamoeiro: tecnologias de produção**. Vitória: Incaper, 2003. 497p

MEDINA, Júlio César. **Mamão: cultura, matéria-prima, processamento: e aspectos econômicos**. 2.ed. Campinas: ITAL, 1989. 367p.

MING, R., HOU, S., FENG, Y., YU, Q., DIONNE-LAPORTE, A., SAW, J.H., et al. **The draft genome of the transgenic tropical fruit tree papaya (*Carica papaya* Linnaeus)**. *Nature*, p.991-997., 2008.

NETO, J. T. de F.; RESENDE, M. D. V. Aplicação da metodologia de modelos mistos (REML/BLUP) na estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos em pupunheira (*Bactris gasipaes*). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 23, n. 2, p. 320-324, 2001.

OLIVEIRA, E. J., DE LIMA, D. S., LUCENA, R. S., MOTTA, T. B. N., & DANTAS, J. L. L.. Correlações genéticas e análise de trilha para número de frutos comerciais por planta em mamoeiro. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 45, n. 8, p. 855-862, 2010.

OLIVEIRA, E. J.; FRAIFE FILHO, G. A.; FREITAS, J. P. X.; DANTAS, J. L. L.; RESENDE, M. D. V. de. Plant selection in F<sub>2</sub> segregating populations of papaya from commercial hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, p. 191-198, 2012.

Oliveira, Thiago de Paula. **Modelos mistos para a análise da tonalidade da cor da casca de mamão (*Carica papaya* L.) cv. “Sunrise Solo”, avaliada ao longo do tempo por meio de um scanner e de um colorímetro**. 2014. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba, São Paulo, 2014.

PEREIRA, M. G., Melhoramento genético do mamoeiro (*Carica papaya* L.): Desenvolvimento e recomendação de híbridos. **Revista Saehortes, Vitória**, n. 1, p. 61-65, 2003.

PEREIRA, M.G. Frutimamão. In: Simpósio do Papaya Brasileiro, 4, 2009, Vitória. [Anais...]. CD ROM. 2009

PINTO, F. O.; LUZ, L. N.; PEREIRA, M. G.; CARDOSO, D. L.; RAMOS, H. C. C. Metodologia dos modelos mistos para seleção combinada em progênies segregantes de mamoeiro. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.8, p.211-217, 2013.

PIEPHO, H. P.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A. E.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1-2, p. 209-228, 2008.

PIMENTEL, A. J. B., GUIMARÃES, J. F. R., DE SOUZA, M. A., DE RESENDE, M. D. V., MOURA, L. M., & RIBEIRO, G. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014.

RAMALHO, M. A. P.; ARAÚJO, L. C. de A. Breeding self-pollinated plants. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.11, p.1-7, 2011.

RAMALHO, M. A. P, CARVALHO, B. L. N., RODRIGUES, J. A. Perspectives for the use of quantitative genetics in breeding of autogamous plants. **ISRN Genetics**, v. 2013, 2012.

RESENDE, M. D. V. de ; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical** V.37, n. 3: p. 182-194, set., 2007.

RESENDE, M. D. V. de; HIGA, A. R. Estimação de valores genéticos no melhoramento de Eucalyptus: seleção em um caráter com base em informações do indivíduo e de seus parentes. **Boletim de Pesquisa Florestal, Colombo**, v. 1, n. 28-29, p. 11-36, 1994.

RESENDE, M. D. V. de. Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. Colombo: Embrapa Florestas, 101 p. (**Documentos 47**). 2000.

RESENDE, M. D. V. de. Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975p

RESENDE, M. D. V. de. Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo. Colombo: Embrapa Florestas, 57 p. (**Documentos 100**). 2004.

RESENDE, M. D. V. de. **SELEGEN-REML/BLUP**: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M. D. V. de. Software SELEGEN-REML/BLUP. Colombo: Embrapa Florestas, 67 p. (**Documentos 77**). 2002a.

ROCHA, Makyslano Resende da. **Estratégias de seleção no melhoramento genético do maracujazeiro azedo**. 2014. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Produção Vegetal) Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, 2014.

RODRIGUES, W. P.; VIEIRA, H. D.; BARBOSA, D. H.; SOUZA FILHO, G. R.; CANDIDO, L. S. Adaptability and genotypic stability of Coffea arabica genotypes based on REML/BLUP analysis in Rio de Janeiro State, Brazil. **Genetics and Molecular Research**, v.12, p. 2391-2399, 2013.

RUGGIERO, C.; MARIN, S. L. D.; DURIGAN, J. F. Mamão, uma história de sucesso. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, n. SPE1, p. 76-82, 2011.

SANTOS, S. A.; SILVA, R. F.; PEREIRA, M. G.; ALVES, E.; MACHADO, J. C.; BORÉM, F. M.; GUIMARÃES, R. M; MARQUES, E. R. Estudos morfo-anatômicos de sementes de dois genótipos de mamão (*Carica papaya* L.). **Revista Brasileira de Sementes**, v. 31, n. 2, p. 116-122, 2009.



SANTOS FILHO, H. P.; OLIVEIRA, A. A. R.; SANCHES, N. F.; CRUZ, J. L.; LOPES, F. F.; ANDRADE, P. R.; LEDO, C. A. da S.; SILVA, J. S. da. Comportamento de mamoeiro dos grupos solo e formosa ante a presença de *Asperisporium caricae* SpegMaubl agente causal da pinta preta. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE FRUTICULTURA, 21., 2010, Natal. [Anais...] Natal: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2010.

SERRANO, L.A.L.; CATTANEO, L.F.O. Cultivo do mamoeiro no Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.32, n.3, Jaboticabal, 2010.

SILVA, F. F., PEREIRA, M. G., DAMASCENO JÚNIOR, P. C., PEREIRA, T. N. S., VIANA, A. P., DAHER, R. F., RAMOS, H. C. C., FERREGUETTI, G. A. Evaluation of the sexual expression in a segregating BC1 papaya population. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, p. 16-23, Viçosa, 2007.

SILVA, F.F.; PEREIRA, M.G.; RAMOS, H.C.C.; DAMASCENO JÚNIOR, P.C.; PEREIRA, T.N.S.; GABRIEL A.P.C.; VIANA, A.P. Selection and estimation of the genetic gain in segregating generations of papaya (*Carica papaya* L.). **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 8, p. 1-8, 2008.

STOREY, W. B. The botany and sex relations of the papaya. In: STOREY, W. B.; JONES, W. V. (Ed.) Papaya production in the Hawaiian Islands, Part 1., Hawaii Agricultural Experiment Station, **Technical Bulletin**, 87. p. 5-22, 1941

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. de. Avaliação genética e análise de deviance em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 30, n. 62, p. 157-160, mai/jul.2010.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (Coord.). Melhoramento e produção de milho no Brasil. Campinas: Fundação Cargill, v. 1, p. 122-201, 1987.

VIVAS, M., DA SILVEIRA, S. F., VIVAS, J. M. S., VIANA, A. P., DO AMARAL JUNIOR, A. T., & PEREIRA, M. G. Seleção de progênie femininas de mamoeiro para resistência a mancha-de-phoma via modelos mistos. **Bragantia**, v. 73, n. 4, p. 446-450, 2014.

VIVAS, M., SILVEIRA, S. F., VIVAS, J. M. S., & PEREIRA, M. G. Patometria, parâmetros genéticos e reação de progênie de mamoeiro à pinta-preta. **Bragantia**, v. 71, n. 2, p. 235-238, 2012.