

Capacidade combinatória de linhagens recombinadas de mamoeiro oriundas de retrocruzamento para conversão sexual¹

Combining ability of recombinant lines of papaya from backcrossing for sexual conversion

Gislanne Brito de Araújo Barros^{2*}, Fernanda Abreu Santana Aredes², Helaine Christine Cancela Ramos², Renato Santa Catarina² e Messias Gonzaga Pereira²

RESUMO - Os objetivos deste trabalho foram gerar estimativas de capacidade combinatória de 22 linhagens de mamoeiro com testadores do grupo 'Solo' e 'Formosa' em esquema de *top cross* e identificar híbridos agronomicamente superiores. As linhagens foram selecionadas em gerações de retrocruzamentos para conversão sexual, tendo como genitor recorrente, o genótipo dióico 'Cariflora' e como doador a linhagem elite ginóico-andromonóica, 'SS 783'. As linhagens *per se*, os híbridos *top crosses* (híbridos T₁ e híbridos T₂) e duas testemunhas comerciais foram avaliados em um delineamento em látice 8x8 quanto ao número de nós sem fruto (NNSF-un), número de frutos deformados (NFD-un), número de frutos comerciais (NFC-un), peso médio de fruto (PMF-g), comprimento do fruto (CF-mm), diâmetro do fruto (DF-mm), espessura média da polpa (EP-cm), firmeza do fruto (FF-N), firmeza da polpa (FP-N), teor de sólidos solúveis (TSS-°brix) e Produtividade (PROD-t ha⁻¹). Obtiveram-se as estimativas de capacidade específica de combinação pela diferença entre a média de cada híbrido obtido de um testador, com a média geral dos cruzamentos com o mesmo testador. A análise de variância realizada com as médias ajustadas revelou variabilidade genética entre grupos de tratamentos para todas as características avaliadas, bem como dentro de cada grupo de tratamento. Considerando os híbridos T₁, as combinações que melhor conciliaram as estimativas de CEC para as características produtivas e de qualidade de frutos foram: L3xT₁, L8xT₁, L10xT₁, L11xT₁, L16xT₁, L17xT₁ e L20xT₁. Para os híbridos T₂ foram: L12xT₂, L13xT₂, L17xT₂, L21xT₂ e L22xT₂.

Palavras-chave: *Top crosses*. Testadores. Melhoramento. Capacidade específica de combinação. *Carica papaya* L..

ABSTRACT - The aim of this study were to generate estimates of combining ability in 22 lines of papaya using testers from the 'Solo' and 'Taiwan' group in a top-cross scheme, and identify those hybrids which are superior agronomically. The strains were selected from generations backcrossed for sexual conversion, with the dioecious genotype Cariflora as recurrent parent, and the elite *ginoic-andromonoic* line, SS 783, as donor. The lines themselves, the top cross hybrids (T₁ hybrids and T₂ hybrids), and two commercial controls were evaluated in an 8 x 8 lattice design for number of nodes with no fruit (NNSF-un), number of deformed fruit (NFD-un), number of commercial fruit (NFC-un), average fruit weight (PMF-g), fruit length (CF-mm), fruit diameter (DF-mm), average pulp thickness (EP-cm), fruit firmness (FF-N), pulp firmness (PF-N), level of soluble solids (TSS-°brix) and productivity (PROD-t ha⁻¹). Estimates of specific combining capacity were obtained from the difference between the average for each hybrid obtained from the tester and the overall average of crossings with the same tester. The analysis of variance carried out with the adjusted average values revealed genetic variability between treatment groups for all the evaluated characteristics, as well as within each treatment group. Considering the T₁ hybrid, the combinations that best reconciled the CEC estimates for the characteristics of production and fruit quality were L3xT₁, L8xT₁, L10xT₁, L11xT₁, L16xT₁, L17xT₁ and L20xT₁; for the T₂ hybrids the combinations were L12xT₂, L13xT₂, L17xT₂, L21xT₂ e L22xT₂.

Key words: *Top crosses*. Testers. Breeding. Specific combining ability. *Carica papaya* L..

DOI: 10.5935/1806-6690.20170019

*Autor para correspondência

¹Recebido para publicação em 29/08/2015; aprovado em 11/05/2016

Parte da Tese de Doutorado da primeira autora apresentada ao programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes-RJ

²Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias/CCTA, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro/UENF, Av. Alberto Lamego, 2000, Campos dos Goytacazes-RJ, Brasil, 28.013-602, gislannebio@yahoo.com.br, fsantana_ufv@yahoo.com.br, helaineocr@uenf.br, renato.scatt@gmail.com, messias@uenf.br

INTRODUÇÃO

A produção mundial de mamão representa 10% da produção de frutas tropicais, das quais 39% são produzidas na América Latina e Caribe (FAO, 2013). Destacam-se como maiores produtores mundiais a Índia, Brasil, Indonésia e República Dominicana. No Brasil os principais estados produtores são: Bahia, Espírito Santo, Ceará e Rio Grande do Norte (IBGE, 2013).

Os mamoeiros cultivados atualmente no Brasil pertencem a dois grupos heteróticos, 'Formosa' e 'Solo'. A principal cultivar do grupo 'Formosa' é o híbrido 'Tainnung 01' que produz frutos com peso médio superior a 1,0 kg, destinados principalmente, ao mercado interno. Por outro lado, as cultivares do grupo 'Solo' Golden, Golden THB e Sunrise Solo apresentam frutos de menor tamanho, entre 0,35 kg a 0,70 kg e são destinados tanto para o mercado interno como externo (SERRANO; CATANNEO, 2010).

Apesar da grande importância do mamoeiro, a cultura se sustenta em uma estreita base genética, acarretando no uso de um número restrito de cultivares plantada nas principais regiões produtoras, limitando a expansão da cultura e a tornando bastante vulnerável a pragas e doenças (OLIVEIRA *et al.*, 2010). Dessa forma, o grande desafio dos melhoristas consiste em disponibilizar novos genótipos agronomicamente superiores com atributos que atendam as exigências do mercado e produtores.

Com tal intuito, Marin (2001), estudando a capacidade combinatória entre genótipos de mamoeiro, observou que o genótipo dióico 'Cariflora' apresentava excelente capacidade combinatória para várias características agrônomicas. No entanto, por se tratar de um genótipo dióico, o mesmo não possibilitaria a obtenção de linhagens e, conseqüentemente, o desenvolvimento de novos híbridos. Com o objetivo de promover a conversão sexual do genótipo dióico 'Cariflora' para ginóico-andromonóico, a equipe de melhoramento da UENF iniciou um programa de retrocruzamento para conversão sexual, ou seja, incorporação no genoma do 'Cariflora' da região responsável pelo hermafroditismo (SILVA *et al.*, 2007), localizada no cromossomo Y (MING; YU; MOORE, 2007). Silva *et al.* (2007) obtiveram três gerações de retrocruzamento, ao longo das quais foram selecionados genótipos agronomicamente superiores, com diferentes proporções genômicas do genitor recorrente. Tais genótipos, submetidos a várias gerações de seleção e autofecundação, deram origem a novas linhagens superiores, com diferentes níveis de endogamia (RAMOS *et al.*, 2014).

Para que a variabilidade genética disponível na cultura do mamoeiro possa ser utilizada de maneira

eficiente, há necessidade de conhecer as relações genéticas entre os genótipos a serem utilizados em cruzamentos e, a partir daí, tomar as decisões pelas melhores combinações que resultarão em maior sucesso, ou seja, na obtenção de híbridos que apresentem características desejáveis e que sejam superiores às cultivares disponíveis atualmente. Segundo Cruz e Regazzi (2004) os estudos de capacidade combinatória possibilitam tanto a identificação de progenitores para hibridação e de híbridos com qualidades superiores quanto auxilia na identificação do método de seleção mais apropriado, por permitir que parâmetros genéticos sejam conhecidos *a priori*.

As estimativas da capacidade de combinação normalmente são obtidas por meio de cruzamentos dialélicos (CRUZ; REGAZZI, 2004). Entretanto, quando se trata de uma grande quantidade de linhagens a serem avaliadas, este método torna-se inviável, devido ao elevado número de cruzamentos. Nestes casos, lança-se mão do *top cross*, metodologia desenvolvida por Davis (1927), que consiste na avaliação de um grande número de linhagens com um testador comum. Tem por objetivo avaliar o mérito relativo das linhagens em cruzamentos com testadores, eliminando as de desempenho agrônômico inferior, tornando mais racional e eficiente os programas de hibridação (NURMBERG; SOUZA; RIBEIRO, 2000), os quais visam a exploração da heterose, ou seja, permitir explorar o vigor de híbrido na geração F_1 , além de possibilitar desenvolvimento de variabilidade genética em populações (MIRANDA FILHO; NASS, 2001).

Nesse sentido, o trabalho teve como objetivo avaliar a capacidade específica de combinação de 22 linhagens de mamoeiro derivadas da conversão sexual do genótipo 'Cariflora', utilizando-se para tanto, testadores do grupo 'Solo' e 'Formosa' em esquema de *top cross*, visando a identificação de híbridos agronomicamente superiores para futura disponibilização aos produtores.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi instalado na área comercial da empresa Caliman Agrícola S/A, latitude 19° 23' 28" S, longitude 40° 04' 20" W, altitude de 33 metros, temperatura média anual de 23,4 °C, município de Linhares, estado do Espírito Santo, Brasil. Foram utilizados 66 genótipos de mamoeiro sendo, 22 linhagens derivadas do 'Cariflora' convertido para hermafrodita, 20 híbridos oriundos do cruzamento com o testador 1 ('JS-12' - híbridos T_1) e 22 híbridos do testador 2 ('SS-72/12' - híbridos T_2), além de duas testemunhas comerciais, a cultivar 'Golden' e o híbrido 'Tainnung'.

As 22 linhagens de mamoeiro utilizadas foram selecionadas ao longo do programa de retrocruzamento para conversão sexual do genótipo dióico 'Cariflora' para ginóico-andromonóico (RAMOS *et al.*, 2011, 2012, 2014; SILVA *et al.*, 2007). Tais linhagens são oriundas de diferentes gerações de retrocruzamento, possuem diferentes níveis de endogamia e apresentam um acréscimo na variabilidade genética disponível para a cultura. A seleção das linhagens foi realizada levando em consideração tanto atributos relacionados a produtividade quanto a qualidades de fruto, como firmeza do fruto e da polpa e teor de sólidos solúveis.

As 22 linhagens são provenientes da primeira, segunda e terceira geração de retrocruzamento (RC₁, RC₂ e RC₃), e um genótipo segregante (Tabela 1).

Para a obtenção dos híbridos *top crosses* foram realizados cruzamentos entre as 22 linhagens, com dois testadores de base genética estreita, 'SS-72/12' do grupo 'Solo' e o 'JS-12' do grupo 'Formosa'. As linhagens foram utilizadas como genitoras masculinas e os testadores como

genitores femininos. Paralelamente, as linhagens foram autofecundadas, através da proteção de flores em plantas hermafroditas.

Os 66 tratamentos foram avaliados em ensaio de competição utilizando um delineamento experimental em látice quadrado 8 x 8 parcialmente balanceado com seis repetições, parcela útil de quatro plantas hermafroditas, em um espaçamento de 3,60 m entre fileiras e de 1,50 m entre plantas na fileira. As mudas foram produzidas em bandejas de plástico contendo 96 tubetes, utilizando substrato comercial, e cerca de 45 dias após o plantio foram transplantadas para o campo. As adubações, o manejo, o controle de pragas e doenças e os tratamentos culturais utilizados foram os mesmos adotados nos plantios comerciais da empresa Caliman Agrícola S/A.

As características avaliadas foram: número de nós sem fruto, número de frutos deformados, número de frutos comerciais (obtido subtraindo-se o número de frutos deformados do número de frutos totais), peso médio de fruto, comprimento do fruto, diâmetro

Tabela 1 - Caracterização das linhagens de mamoeiro utilizadas na pesquisa para obtenção dos híbridos *top cross*. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, 2015

Identificação	Origem das linhagens
L1	1º geração de retrocruzamento (RC ₁), 5º autofecundação.
L2	1º geração de retrocruzamento (RC ₁), 5º autofecundação.
L3	1º geração de retrocruzamento (RC ₁), 5º autofecundação.
L4	1º geração de retrocruzamento (RC ₁), 5º autofecundação.
L5	1º geração de retrocruzamento (RC ₁), 5º autofecundação.
L6	1º geração de retrocruzamento (RC ₁), 5º autofecundação.
L7	1º geração de retrocruzamento (RC ₁), 5º autofecundação.
L8	1º geração de retrocruzamento (RC ₁), 5º autofecundação.
L9	1º geração de retrocruzamento (RC ₁), 5º autofecundação.
L10	Segregante
L11	2º geração de retrocruzamento (RC ₂), 4º autofecundação.
L12	3º geração de retrocruzamento (RC ₃), 3º autofecundação.
L13	3º geração de retrocruzamento (RC ₃), 3º autofecundação.
L14	3º geração de retrocruzamento (RC ₃), 3º autofecundação.
L15	3º geração de retrocruzamento (RC ₃), 3º autofecundação.
L16	3º geração de retrocruzamento (RC ₃), 3º autofecundação.
L17	3º geração de retrocruzamento (RC ₃), 3º autofecundação.
L18	3º geração de retrocruzamento (RC ₃), 3º autofecundação.
L19	3º geração de retrocruzamento_bulk 1 (RC ₃ /B ₁), 2º autofecundação.
L20	3º geração de retrocruzamento_bulk 1 (RC ₃ /B ₁), 2º autofecundação.
L21	3º geração de retrocruzamento_bulk 2 (RC ₃ /B ₂), 2º autofecundação.
L22	3º geração de retrocruzamento_bulk 2 (RC ₃ /B ₂), 2º autofecundação.

do fruto, espessura média da polpa, firmeza do fruto, firmeza da polpa, teor de sólidos solúveis e produção.

Foram realizadas três avaliações, sendo estas ocorridas aos 270; 360 e 450 dias após o plantio. As características NNSF, NFD, NFC foram obtidas pelo somatório nas três épocas de avaliação. Já as características PMF, CF, DF, EP, FF, FP e TSS, estimou-se a média ponderada, nas três épocas de avaliação. A característica PROD foi obtida pela multiplicação do somatório do NFC com o PMF.

Para cada característica avaliada foi realizada a análise de variância. Por se tratar de um delineamento em látice, foram obtidas as médias ajustadas para bloco dentro de repetição para todas as características por meio do módulo “proc GLM” do software SAS versão 9.1 (SAS INSTITUTE, 2003). O efeito de genótipo foi considerado fixo.

Apenas a característica NFD não atendeu as pressuposições básicas do modelo matemático (normalidade e independência dos erros) sendo, portanto, submetida a uma transformação do tipo $\sqrt{x+0,5}$. Além destas análises, foram estimados outros parâmetros, como média (\bar{x}), o coeficiente de variação experimental (CV_e), e o coeficiente de determinação genotípico (H^2). Todas as análises foram efetuadas com o auxílio do programa estatístico computacional *Statistical Analysis System* (SAS).

As estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) foram obtidas para cada grupo heterótico de acordo com a expressão 1, abaixo descrita por Hallauer, Miranda Filho e Carena (2010), através da diferença entre a média de cada um dos híbridos obtidos de um testador (\bar{x}_e), com a média geral dos cruzamentos (\bar{x}_g) com o mesmo testador.

$$\text{Testador 1: } CEC_{T_1} = \bar{x}_{eT_1} - \bar{x}_{gT_1}$$

$$\text{Testador 2: } CEC_{T_2} = \bar{x}_{eT_2} - \bar{x}_{gT_2} \quad (1)$$

onde: T_1 = testador 1 ('JS-12') e T_2 = testador 2 ('SS-72/12').

RESULTADOS E DISCUSSÃO

No resumo da análise de variância encontram-se os valores dos quadrados médios dos tratamentos com as respectivas significâncias, bem como do seu desdobramento em linhagens, híbridos T_1 , híbridos T_2 e testemunhas. Além disso, são apresentadas as médias (\bar{x}), coeficiente de determinação genotípico (H^2), coeficiente de variação experimental (CV_e) e eficiência do delineamento em látice (Tabela 2). Houve diferença significativa entre os tratamentos em todas as características avaliadas,

evidenciando variação genética entre eles. Os quadrados médios do desdobramento dos tratamentos foram significativos, indicando diferença entre os genótipos de cada grupo. A exceção é apenas para a característica DF no grupo dos híbridos T_1 , DF e PROD no grupo dos híbridos T_2 e NFD no grupo das testemunhas.

Os valores de H^2 foram considerados elevados para todas as características, exceto FF que obteve uma estimativa de 51,74% (Tabela 2). Embora, H^2 não seja um coeficiente de herdabilidade, suas estimativas observadas refletem uma expectativa de ganhos elevados com maior eficiência na seleção. Segundo Falconer (1987) o coeficiente de determinação genotípica fornece a porção da variância genética presente na variância fenotípica total. Dessa forma, há confiabilidade no valor fenotípico como indicador do valor genético. Silva *et al.* (2008b) avaliando populações segregantes de mamoeiro obtiveram H^2 variando entre 53 e 99,45% em diversas características morfoagronômicas. Dias, Oliveira e Dantas (2011) observaram herdabilidade de 60,48% para a característica firmeza do fruto e 99,05% para comprimento do pedúnculo.

O coeficiente de variação experimental variou de 6,73 (SST) a 35,71% (NFD). A grande maioria das características apresentaram CV_e inferiores a 20%. Somente os caracteres NNSF (28,72%), NFD (35,71%), NFC (24,67%) e PROD (28,96%) obtiveram valores elevados, sendo considerado dentro dos limites aceitáveis (Tabela 2). Estes resultados são devido à variação destas características entre as três épocas avaliadas e principalmente por serem bastante influenciados pelo ambiente. Luz *et al.* (2015) também observaram valores de CV_e semelhantes para estas mesmas características. Em estudos realizados com a cultura do mamoeiro foram observadas estimativas de CV_e de baixo a muito alto (OLIVEIRA *et al.*, 2010, 2014; PINTO *et al.*, 2013a, 2013b; SILVA *et al.*, 2008a, 2008b).

A eficiência do delineamento em látice foi inferior a 100% para quase todas as características. Contudo, CF e DF apresentaram valores de 101,87 e 107,42%, respectivamente (Tabela 2).

O delineamento em látice é utilizado quando os melhoristas necessitam avaliar um grande número de tratamentos, a fim de reduzir a heterogeneidade da área, uma vez que não tem como prever se a área experimental é ou não homogênea (RAMALHO; FERREIRA; OLIVEIRA, 2012).

A eficiência de um delineamento em látice está associada à sua capacidade de proporcionar condições para a discriminação das médias dos tratamentos avaliados. Quando esse valor é menor que 100, recomenda-se que os dados sejam analisados como blocos completos

casualizados (SILVA; FERREIRA; PACHECO, 2000). Contudo, é importante levar em consideração que houve a implantação do experimento, utilizando-se delineamento em blocos incompletos, ou seja, cada bloco não continha uma repetição de cada tratamento, desta maneira, apesar da menor eficiência, optou-se pela análise do conjunto de dados, obedecendo aos critérios originais do delineamento inicialmente proposto, o látice.

As estimativas dos efeitos de capacidade específica de combinação para os híbridos oriundos de 'JS-12' encontram-se na Tabela 3. Quanto maior a magnitude dos valores da CEC, melhor é a combinação híbrida, pois indica desvios de dominância favoráveis. Em todas as características avaliadas foram observados valores positivos e negativos de CEC indicando a existência de desvio de dominância, onde existem genes que aumentam

Tabela 2 - Resumo da análise de variância de doze características morfoagronômicas obtidas pela soma ou média de três épocas de avaliações no mamoeiro. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, 2015

FV	GL	Quadrado médio					
		NNSF ⁽¹⁾	NFD ⁽¹⁾	NFC ⁽¹⁾	PMF ⁽²⁾	CF ⁽²⁾	DF ⁽²⁾
Repetição	5	260,6**	2,9**	1906,3**	27244,4 ^{NS}	564,9 ^{NS}	106,9 ^{NS}
Bloco/rep	42	41,4 ^{NS}	0,6 ^{NS}	202,9 ^{NS}	26339,1 ^{NS}	377,7 ^{NS}	159,8 ^{NS}
Trat.(ajust.)	65	418,8**	5,0**	1799,8**	872520,3**	12645,9**	1023,6**
L	21	353,1**	5,1**	975,2**	389716,1**	2655,2**	507,1**
HT ₁	19	158,5**	1,7**	792,1**	146976,2**	2216,1**	134,8 ^{NS}
HT ₂	21	187,7**	2,8**	1026,8**	172336,4**	2047,9**	208,6 ^{NS}
T	1	3888,2**	0,3 ^{NS}	18897,0**	22616059,34**	357926,3**	21168,7**
EC	3	2225,6**	32,00**	10044,0**	4754826,2**	78288,2**	6814,9**
Resíduo	315	44,13	0,51	252,48	24571,15	412,85	193,20
Média		23,13	2,02	64,41	851,23	180,49	98,98
H ²		89,46	89,88	85,97	97,18	96,73	81,13
CV _c %		28,72	35,71	24,67	18,41	11,26	14,04
Eficiência%		85,34	98,88	82,35	99,28	101,87	107,42

FV	GL	Quadrado médio					
		EMP ⁽²⁾	FF ⁽²⁾	FP ⁽²⁾	TSS ⁽²⁾	PROD1 (kg p ⁻¹) ⁽³⁾	PROD2 (t a ⁻¹)
Repetição	5	0,04 ^{NS}	245,9**	148,4**	4,3**	1765,6**	5585,6**
Bloco/rep	42	0,02 ^{NS}	45,9 ^{NS}	35,7 ^{NS}	0,3 ^{NS}	182,9 ^{NS}	591,7 ^{NS}
Trat.(ajust.)	65	0,71**	111,1**	541,9**	3,8**	1586,5**	5064,9**
L	21	0,62**	608,4**	365,7**	4,7**	623,2**	1980,4**
HT ¹	19	0,12**	224,7**	142,6**	1,3**	722,2**	2276,9**
HT ₂	21	0,14**	254,3**	112,2**	1,4**	247,2 ^{NS}	793,7 ^{NS}
T	1	16,29**	9486,4**	5765,2**	27,5**	42246,0**	135568,9**
EC	3	2,96**	9964,5**	4133,8**	17,7**	6977,5**	22261,2**
Resíduo	315	0,03	53,62	39,65	0,42	213,85	682,09
Média		2,34	100,03	82,69	9,65	50,50	90,22
H ²		95,77	51,74	92,68	88,92	86,53	86,53
CV _c %		7,74	7,32	7,61	6,73	28,96	28,95
Eficiência%		97,03	99,85	97,77	79,26	90,45	90,45

NNSF - número de nós sem frutos, NFD - número de frutos deformados, NFC - número de frutos comerciais, PMF - peso médio de fruto, CF - comprimento do fruto, DF - diâmetro do fruto, EMP - espessura média da polpa, FF - firmeza do fruto, FP - firmeza da polpa, TSS - teor de sólidos solúveis, PROD1 - Produtividade, PROD2 - produção, L - Linhagens, HT₁ - Híbridos testador 1, HT₂ - Híbridos testador 2, T - Testemunhas, EC - Entre categorias, **, * e ^{NS} - Significativo a 0,01 e 0,05 de probabilidade e não significativo, respectivamente, pelo teste F, ⁽¹⁾ - Soma de três épocas de avaliação, ⁽²⁾ - média ponderada de três épocas de avaliação, ⁽³⁾ - multiplicação entre o NFC e PMF

Tabela 3 - Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) de híbridos utilizando-se testador 'Formosa' ('JS-12') para cinco características de importância agrônômica, referente à soma, média e multiplicação de três épocas de avaliações. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, 2015

Combinação	NFC ⁽¹⁾		PMF ⁽²⁾		FF ⁽²⁾		TSS ⁽²⁾		PROD1 ⁽³⁾	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
L1(RC ₁) x T ₁	64,6	10,2	1044,2	-111,0	114,9	3,0	10,3	0,6	119,6	8,1
L2(RC ₁) x T ₁	59,7	5,3	925,2	-230,0	116,0	4,1	10,8	1,1	95,4	-16,1
L3(RC ₁) x T ₁	67,9	13,5	958,2	-197,0	106,9	-5,0	11,0	1,3	114,8	3,3
L4(RC ₁) x T ₁	56,7	2,3	933,8	-221,4	108,4	-3,5	9,7	0,0	94,4	-17,1
L5(RC ₁) x T ₁	34,1	-20,3	1345,6	190,4	108,9	-3,0	9,0	-0,7	79,9	-31,6
L6(RC ₁) x T ₁	58,7	4,3	1251,8	96,6	116,4	4,5	9,9	0,2	127,9	16,4
L7(RC ₁) x T ₁	56,2	1,8	998,1	-157,1	106,0	-5,9	10,7	1,0	102,1	-9,4
L8(RC ₁) x T ₁	67,0	12,6	1115,7	-39,5	94,5	17,4	9,6	-0,1	134,5	23,0
L9(RC ₁) x T ₁	45,9	-8,5	1405,8	250,6	102,4	-9,5	9,8	0,1	116,7	5,2
L10(Seg) x T ₁	42,0	-12,4	1468,8	313,6	125,1	13,2	9,9	0,2	107,8	-3,7
L11(RC ₂) x T ₁	93,6	39,2	770,6	-384,6	96,3	-15,6	9,9	0,2	139,2	27,7
L12(RC ₃) x T ₁	46,5	-7,9	1073,9	-81,3	114,3	2,4	9,1	-0,6	93,8	-17,7
L13(RC ₃) x T ₁	35,0	-19,4	1079,1	-76,1	124,4	12,5	10,0	0,3	80,8	-30,7
L15(RC ₃) x T ₁	38,8	-15,6	1098,2	-57,0	114,7	2,8	9,0	-0,7	81,7	-29,8
L16(RC ₃) x T ₁	65,5	11,1	1104,3	-50,9	110,4	-1,5	9,2	-0,5	130,3	18,8
L17(RC ₃) x T ₁	50,0	-4,4	1489,9	334,7	127,5	15,6	9,2	-0,5	133,6	22,1
L18(RC ₃) x T ₁	48,3	-6,1	1167,4	12,2	107,6	-4,3	9,1	-0,6	101,9	-9,6
L20(RC ₃) x T ₁	46,1	-8,3	1690,7	535,5	126,3	14,4	9,0	-0,7	145,8	34,3
L21(RC ₃) x T ₁	56,3	1,9	950,8	-204,4	102,0	-9,9	9,8	0,1	98,7	-12,8
L22(RC ₃) x T ₁	55,7	1,3	1232,9	77,7	114,0	2,1	9,7	0,0	130,1	18,6
Média	54,4		1155,2		111,9		9,7		111,5	

NFC - número de frutos comerciais (un), PMF - peso médio de fruto (g), FF - firmeza do fruto (N), TSS - teor de sólidos solúveis (°brix) e PROD1 - produtividade (t ha⁻¹), RC₁ - linhagem na primeira geração de retrocruzamento, RC₂ - linhagem na segunda geração de retrocruzamento, RC₃ - linhagem na terceira geração de retrocruzamento, Seg - material segregante, ⁽¹⁾ - Soma de três épocas de avaliação, ⁽²⁾ - média ponderada de três épocas de avaliação, ⁽³⁾ - multiplicação entre o NFC e PMF

a expressão do caráter, e outros igualmente dominantes, que as reduzem (CRUZ; VENCOVSKY, 1989).

A característica NFC está diretamente relacionada com a produtividade. Ela quantifica os frutos que são comercializados, isto é, os que possuem o formato piriforme sem deformações, padrão aceito pelo mercado consumidor. Os cruzamentos mais promissores para elevar esta característica são L3xT₁ (13,5), L8xT₁ (12,6) e L11xT₁ (39,2), por exibirem estimativas de CEC elevadas e positivas. Ide *et al.* (2009) estimaram os efeitos de capacidade específica de combinação em híbridos utilizando o testador 'JS-12' e encontraram valores variando de -8,59 (Grampola x JS-12) a 11,03 (BSA x JS-12) para este caráter (Tabela 3).

Assim como NFC, a característica PMF é bastante útil para seleção de plantas que expressam boa

produtividade. Os híbridos que mais contribuíram para o aumento do tamanho do fruto foram L10xT₁, L17xT₁ e L20xT₁. Entretanto, se a preferência do consumidor for frutos que apresentem peso médio entre 0,900 a 1.100 kg, os cruzamentos preferidos são L1xT₁, L2xT₁, L3xT₁, L4xT₁, L7xT₁, L12xT₁, L13xT₁, L15xT₁ e L21xT₁ (Tabela 3).

Com relação à CEC para FF cabe destacar os cruzamentos L8xT₁, L10xT₁, L13xT₁, L17xT₁ e L20xT₁ que apresentaram as estimativas mais elevadas e positivas. Esta característica é um atributo de qualidade importante, pois estabelece a vida útil pós-colheita, uma vez que frutos com baixa firmeza apresentam menor resistência ao transporte, armazenamento e manuseio, influenciando diretamente na comercialização (MORAIS *et al.*, 2007).

Para o caráter SST, os híbridos mais promissores foram L2xT₁, L3xT₁ e L7xT₁, embora, tenha sido observado pouca variação e magnitudes muito próximas de zero (Tabela 3). Ide *et al.* (2009) também observaram uma amplitude de variação para TSS baixa, com estimativas de CEC entre -1,9 a 1,19° Brix. Em um processo de seleção deve-se levar em consideração este caráter, pois grande parte do consumo de mamão é feito *in natura*, portanto, é muito apreciado pelo seu sabor adocicado.

Em termos de produtividade, as estimativas dos efeitos de CEC variaram de -31,6 para (L5xT₁) a 34,3 para (L20xT₁). Embora, metade dos híbridos tenham apresentado valores de CEC positivo, as combinações híbridas que mais contribuíram para o aumento desta

característica foram L6xT₁, L8xT₁, L11xT₁, L16xT₁, L17xT₁, L20xT₁ e L22xT₁ (Tabela 3), indicando que o testador do grupo heterótico 'Formosa' proporcionou excelentes combinações para este caráter. As estimativas dos efeitos de capacidades específicas de combinação dos híbridos obtidos do cruzamento com o testador do grupo 'Solo' ('SS-72/12') encontram-se na Tabela 4.

Em relação às características relacionadas com a produtividade, destacam-se como combinações híbridas que contribuíram para elevar o caráter NFC: L8xT₂, L12xT₂, L21xT₂ e L22xT₂. Enquanto, para a variável PMF, os híbridos L5xT₂ e L17xT₂ obtiveram as melhores estimativas de CEC (Tabela 4) Ide *et al.* (2009), avaliando híbridos de mamão obtidos a partir do testador 'SS-

Tabela 4 - Estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) de híbridos utilizando-se testador 'Solo' ('SS-72/12') para cinco características referentes à soma, média e multiplicação de três épocas de avaliações. Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, 2015

Combinação	NFC ⁽¹⁾		PMF ⁽²⁾		FF ⁽²⁾		TSS ⁽²⁾		PROD1 ⁽³⁾	
	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC	Média	CEC
L1(RC ₁) x T ₂	41,5	-30,7	495,8	-179,10	86,0	-6,8	9,2	-0,7	104,1	-46,6
L2(RC ₁) x T ₂	82,3	10,1	448,8	-226,1	88,5	-6,2	11,3	1,4	65,1	-18,4
L3(RC ₁) x T ₂	80,0	7,8	448,1	-226,8	90,0	-4,7	10,3	0,4	63,4	-20,1
L4(RC ₁) x T ₂	79,7	7,5	677,0	2,1	84,2	-10,5	9,8	-0,1	90,8	7,3
L5(RC ₁) x T ₂	44,9	-27,3	834,1	159,2	90,8	-3,9	9,1	-0,8	72,6	-10,9
L6(RC ₁) x T ₂	70,3	-1,9	600,3	-74,6	91,0	-3,7	10,2	0,3	78,4	-5,1
L7(RC ₁) x T ₂	83,0	10,8	489,4	-185,5	86,2	-8,5	10,3	0,4	71,5	-12,0
L8(RC ₁) x T ₂	87,1	14,9	492,6	-182,3	86,4	-8,3	10,3	0,4	74,3	-9,2
L9(RC ₁) x T ₂	60,8	-11,4	681,7	6,8	89,7	-5,0	9,5	-0,4	72,7	-10,8
L10(Seg) x T ₂	62,3	-9,9	642,3	-32,6	104,3	9,6	9,9	0,0	74,2	-9,3
L11(RC ₂) x T ₂	62,1	-10,1	659,7	-15,2	94,2	-0,5	9,6	-0,3	67,6	-15,9
L12(RC ₃) x T ₂	96,5	24,3	626,6	-48,3	94,5	-0,2	9,2	-0,7	107,1	23,6
L13(RC ₃) x T ₂	77,6	5,4	745,5	70,6	99,9	5,2	9,5	-0,4	113,9	30,4
L14_1(RC ₃) x T ₂	63,2	-9,0	609,9	-65,0	95,3	0,6	10,9	1,0	68,7	-14,8
L14_2(RC ₃) x T ₂	74,3	2,1	665,5	-9,4	91,6	-3,1	10,3	0,4	84,3	0,8
L16(RC ₃) x T ₂	65,2	-7,0	724,5	49,6	102,6	7,9	9,0	-0,9	87,8	4,3
L17(RC ₃) x T ₂	63,6	-8,6	887,7	212,8	94,6	-0,1	9,4	-0,5	102,3	18,8
L18(RC ₃) x T ₂	67,4	-4,8	761,2	86,3	95,7	1,0	9,6	-0,3	93,1	9,6
L19(RC ₃) x T ₂	63,5	-8,7	546,5	-128,4	91,2	-3,5	10,3	0,4	63,4	-20,1
L20(RC ₃) x T ₂	71,4	-0,8	742,5	67,6	94,0	-0,7	9,9	0,0	98,4	14,9
L21(RC ₃) x T ₂	108,3	36,1	503,0	-171,9	89,7	-5,0	10,7	0,8	93,2	9,7
L22(RC ₃) x T ₂	84,4	12,2	565,0	-109,9	102,1	7,4	10,1	0,2	89,4	5,9
Média	72,2		674,9		92,8		9,9		83,5	

NFC - número de frutos comerciais (un), PMF - peso médio de fruto (g), FF - firmeza do fruto (N), TSS - teor de sólidos solúveis (°brix) e PROD1 - produtividade (t ha⁻¹), RC₁ - linhagem na primeira geração de retrocruzamento, RC₂ - linhagem na segunda geração de retrocruzamento, RC₃ - linhagem na terceira geração de retrocruzamento, Seg - material segregante, ⁽¹⁾ - Soma de três épocas de avaliação, ⁽²⁾ - média ponderada de três épocas de avaliação, ⁽³⁾ - multiplicação entre o NFC e PMF

72/12' para as características relacionadas à produtividade identificaram estimativas dos efeitos de CEC para NFC variando de -20,83 a 29,94, sendo os cruzamentos preferenciais para este caráter, Mamão Roxo x SS-72/12 e Costa Rica x SS-72/12. Enquanto, para o caráter PMF observaram uma variação de -0,63 a 0,40, considerada de baixa magnitude.

No que se refere aos atributos relacionados à qualidade de fruto, as combinações híbridas em que se observaram valores positivos e elevados para FF foram L10xT₂, L13xT₂, L16xT₂ e L22xT₂. Para a característica TSS houve uma variação de -0,9 (L16xT₂) a 1,4 (L2xT₂). Semelhantemente ao observado com os híbridos oriundos do cruzamento com o testador 1 ('JS-12'), houve baixa variação para esta característica (Tabela 4). Marin *et al.* (2006) também encontraram baixa variação para este caráter, de -0,8 a 0,5 em híbridos de mamão obtidos de 'SS-72/12' ao avaliarem um conjunto de híbridos oriundos de um dialeto parcial.

Para a característica produtividade, os cruzamentos L12xT₂, L13xT₂, L17xT₂ e L20xT₂ apresentaram as melhores estimativas dos efeitos de CEC. No caso do híbrido L13xT₂, além de elevada estimativa de CEC para produtividade, foi também observado para FF. O híbrido L12xT₂ destacou-se para NFC. Já as combinações híbridas L17xT₂ e L20xT₂ apresentaram também boas estimativas de CEC para PMF.

Analisando-se em conjunto as capacidades específicas de combinação para todas as características avaliadas tanto nos híbridos T₁ quanto T₂ (Tabelas 3 e 4), percebe-se que não houve concordância simultânea quanto à superioridade fenotípica entre os híbridos. Contudo, é possível destacar os híbridos L3xT₁, L8xT₁, L10 x T₁, L11xT₁, L16xT₁, L17xT₁, L20xT₁, L12xT₂, L13xT₂, L17xT₂, L21xT₂ e L22xT₂ que reúnem as melhores CEC para produtividade e qualidade de fruto. Estes híbridos possuem frutos de diversos tamanhos, bastante produtivos e de boa qualidade, permitindo atender tanto às condições de mercado interno quanto externo. Nesse contexto, tais híbridos constituem possíveis materiais a serem avaliados em VCU (Valor de Cultivo e Uso) e posteriormente disponibilizados aos produtores como novas cultivares de mamão, contribuindo para a ampliação da base genética das lavouras comerciais.

Ide *et al.* (2009) utilizaram testadores para estimar os efeitos da capacidade específica de combinação, e semelhantemente ao observado neste estudo, não houve genótipo que conciliasse resultado satisfatório para produção e características relacionadas à qualidade de fruto. No entanto, selecionaram os melhores híbridos baseados na capacidade específica de combinação.

Os híbridos T₁ e T₂ pertencentes à segunda (RC₂) e terceira (RC₃) geração de retrocruzamento apresentaram as melhores estimativas de CEC, principalmente no que se refere às características, FF e PROD (Tabelas 3 e 4). Estes resultados corroboraram aqueles encontrados por Marin (2001), que destacou o genótipo 'Cariflora', genitor recorrente no programa de retrocruzamento, por ter excelente capacidade específica de combinação com genótipos do grupo 'Solo' em várias características morfoagronômicas. Isto confirma que quanto maior o grau de recuperação do genoma do genótipo recorrente, melhor o valor genético das linhagens recombinadas resultantes.

CONCLUSÕES

1. Existe variabilidade genética entre os tratamentos (linhagens, híbridos T₁, híbridos T₂ e testemunhas) para grande parte das características avaliadas, ao nível de 1% de probabilidade, bem como dentro de cada grupo de tratamento;
2. As combinações híbridas L3xT₁, L8xT₁, L10 x T₁, L11xT₁, L16xT₁, L17xT₁, L20xT₁, L12xT₂, L13xT₂, L17xT₂, L21xT₂ e L22xT₂, reúnem as melhores estimativas de capacidade combinatória para produção e qualidade de frutos, sendo indicadas como materiais genéticos superiores a serem futuramente lançados como novas cultivares de mamão;
3. O programa de retrocruzamento visando à conversão sexual do genótipo 'Cariflora' é bastante efetivo em gerar novas linhagens, de elevado valor genético, ampliando a variabilidade genética da cultura, constituindo em novas alternativas para a cultura do mamão.

REFERÊNCIAS

- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: Imprensa Universitária, 2004. 390 p.
- CRUZ, C. D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, v. 12, n. 2, p. 425-436, 1989.
- DAVIS, R. L. Report of the plant breeder. **Reports of Puerto Rico Agricultural Experimental Station**, p. 14-15, 1927.
- DIAS, L. P. D.; OLIVEIRA, E. J.; DANTAS, J. L. L. Avaliação de genótipos de mamoeiro com uso de descritores agrônômicos e estimação de parâmetros genéticos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 11, p. 1471-1479, 2011.
- FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. 3rd ed. Harlow: Longman Scientific and Technical, 1987. 279 p.

- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **Trade: crops and livestock products**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org/site/535/DesktopDefault.asp?PageID=535#ancor>>. Acesso em: 10 abr. 2013.
- HALLAUER, A. R.; MIRANDA FILHO, J. B.; CARENA, M. J. **Quantitative genetics in maize breeding**. New York: Springer, 2010. 663 p. v. 6.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção agrícola municipal de 2011**. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/estadosat/>>. Acesso em: 10 dez. 2013.
- IDE, C. D. *et al.* Use of testers for combining ability and selection of papaya hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, p. 60-66, 2009.
- LUZ, L. N. *et al.* Novos híbridos de mamoeiro avaliados nas condições de cultivo tradicional e no semiárido brasileiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 37, n. 1, p. 159-171, 2015.
- MARIN S. L. D. **Melhoramento genético do mamoeiro (*Carica papaya* L.)**: habilidade combinatória de genótipos dos grupos 'Solo' e 'Formosa'. 2001. 117 f. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) - Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2001.
- MARIN, S. L. D. *et al.* Partial diallel to evaluate the combining ability for economically important traits of papaya. **Scientia Agricola**, v. 63, p. 540-546, 2006.
- MING, R.; YU, Q.; MOORE, P. H. Sex determination in papaya. **Seminars in Cell and Development Biology**, v. 18, p. 401-408, 2007.
- MIRANDA FILHO, J. B.; NASS, L. L. Hibridação no melhoramento. *In*: NASS, L. L. *et al.* **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 603-627.
- MORAIS, P. L. D. *et al.* Pós-colheita de mamão híbrido UENF/Caliman 01 cultivado no Rio Grande do Norte. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 29, n. 3, p. 666-670, 2007.
- NURMBERG, P. L.; SOUZA, J. C.; RIBEIRO, P. H. E. Desempenho de híbridos simples como testadores de linhagens de milho em *top crosses*. **Revista Ceres**, v. 274, n. 47, p. 683-696, 2000.
- OLIVEIRA, *et al.* Desempenho produtivo e interação genótipo x ambiente em híbridos e linhagens de mamoeiro. **Bioscience Journal**, v. 30, n. 2, p. 402-410, 2014.
- OLIVEIRA, E. J. *et al.* 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.
- PINTO, F. O. *et al.* Desenvolvimento de genótipos tolerantes à mancha fisiológica. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 35, n. 4, p. 1101-1115, 2013b.
- PINTO, F. O. *et al.* Metodologia dos modelos mistos para seleção combinada em progênies segregantes de mamoeiro. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 8, n. 2, p. 211-217, 2013a.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de planta**. 3. ed. Lavras: UFLA, 2012. 328 p.
- RAMOS, H. C. C. *et al.* Combined selection in backcross population of papaya (*Carica papaya* L.) by the mixed model methodology. **American Journal of Plant Sciences**, v. 5, p. 2973-2983, 2014.
- RAMOS, H. C. C. *et al.* Genetic characterization of papaya plants (*Carica papaya* L.) derived from the first generation of backcross. **Genetic and Molecular Research**, v. 10, p. 393-403, 2011.
- RAMOS, H. C. C. *et al.* Multivariate analysis to determine the genetic distance among backcross papaya (*Carica papaya*) progenies. **Genetics and Molecular Research**, v. 11, p. 1280-1295, 2012.
- SAS INSTITUTE INC.SAS/STAT™. **SAS user's guide for windows environment**. version 9.1. Cary: SAS Institute, 2003.
- SERRANO, L. A. L.; CATANNEO, L. F. O cultivo do mamoeiro no Brasil. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 32, n. 3, p. 675-695, 2010.
- SILVA, F. F. *et al.* DNA marker-assisted sex conversion in elite papaya genotype (*Carica papaya* L.). **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, p. 52-58, 2007.
- SILVA, F. F. *et al.* Estimation of genetic parameters related to morphoagronomic and fruit quality traits of papaya. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, p. 65-73, 2008a.
- SILVA, F. F. *et al.* Selection and estimation of the genetic gain in segregating generations of papaya (*Carica papaya* L.). **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, p. 1-8, 2008b.
- SILVA, H. D.; FERREIRA, D. F.; PACHECO, C. A. P. Avaliação de quatro alternativas de análise de experimentos em látice quadrado, quanto à estimação de componentes de variância. **Bragantia**, v. 1, n. 59, p. 117-123, 2000.