

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE DOUTORADO**

**SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS,
DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTABELECIMENTO DE
COLEÇÃO NUCLEAR EM MAMOEIRO**

GILMARA ALVARENGA FACHARDO OLIVEIRA

**CRUZ DAS ALMAS - BAHIA
FEVEREIRO - 2019**

**SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS,
DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTABELECIMENTO DE COLEÇÃO
NUCLEAR EM MAMOEIRO**

GILMARA ALVARENGA FACHARDO OLIVEIRA

Bióloga

Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 2013

Tese apresentada ao Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, como requisito parcial para a obtenção do Título de Doutor em Ciências Agrárias (Área de Concentração: Fitotecnia).

Orientador: Prof. Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo

Coorientadora: Dra. Ronielli Cardoso Reis

Coorientador: Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira

CRUZ DAS ALMAS - BAHIA

FEVEREIRO - 2019

FICHA CATALOGRÁFICA

Oliveira, Gilmara Alvarenga Fachardo Oliveira

Seleção de descritores morfoagronômicos, diversidade genética e estabelecimento de coleção nuclear em mamoeiro – Cruz das Almas, BA, 2019.

84 f. il.; 30 cm.

Orientador: Prof. Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo.

Coorientador: Dra. Ronielli Cardoso Reis.

Coorientador: Prof. Dr. Eder Jorge de Oliveira

Tese (Ciências Agrárias)- Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, 2019.

1. Mamão. 2. Melhoramento vegetal. 3. Recurso genético I. Ledo, Carlos Alberto da Silva. II. Reis, Ronielli Cardoso. III. Oliveira, Eder Jorge de VI. Universidade Federal do Recôncavo da Bahia V. Título.

CDD: 634.651

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS, AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE DOUTORADO**

**SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS,
DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTABELECIMENTO DE
COLEÇÃO NUCLEAR EM MAMOEIRO**

**COMISSÃO EXAMINADORA DA TESE DE
Gilmara Alvarenga Fachardo Oliveira**

Realizada em 19 de Fevereiro de 2019

Prof. Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia / UFRB
Examinador Interno (Orientador)

Profa. Dra. Maria Angélica Pereira de Carvalho Costa
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia / UFRB
Examinador Interno

Profa. Dra. Fabiane de Lima Silva
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia / UFRB
Examinador Interno

Prof. Dr. Onildo Nunes de Jesus
Embrapa Mandioca e Fruticultura/CNPMF
Examinador Externo

Prof. Dr. Jorge Luiz Loyola Dantas
Faculdade Maria Milza/FAMAM
Examinador Externo

DEDICATÓRIA

A Deus, pelo dom da vida.

À minha Família, em especial aos meus pais, pelo apoio incondicional.

Ao Eder, pelo amor, incentivo e companheirismo.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela presença constante em minha vida;

À minha família, pelo amor imensurável;

À Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), e especialmente ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, pela oportunidade de realização deste curso;

À Embrapa Mandioca e Fruticultura (CNPMPF), pelo apoio institucional e infraestrutura de trabalho;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela bolsa concedida;

Ao meu orientador, Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo, pela disponibilidade, apoio, ensinamentos e orientação;

Aos meus coorientadores, Dra. Ronielli Cardoso Reis e Dr. Eder Jorge de Oliveira, pelos conhecimentos ofertados;

Ao Rafa, por todo auxílio ao longo da minha caminhada e inúmeras correções;

Aos companheiros de jornada, à toda turma do Laboratório de Ciência e Tecnologia de Alimentos (LCTA) e, em especial, à toda equipe de mamão da Embrapa, pela amizade e ajuda. Eu não conseguiria sem vocês;

A Tininha, minha companheira de todas as horas;

Enfim, a todos que direta ou indiretamente participaram desta conquista.

Muito obrigada!

SUMÁRIO

Página

RESUMO

ABSTRACT

REFERENCIAL TEÓRICO..... 1

ARTIGO 1

SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS PARA
CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE MAMOEIRO..... 7

ARTIGO 2

DIVERSIDADE GENÉTICA EM GERMOPLASMA DE MAMOEIRO COM
BASE EM DESCRITORES QUALITATIVOS E QUANTITATIVOS..... 33

ARTIGO 3

ESTABELECIMENTO DE COLEÇÃO NUCLEAR DE MAMOEIRO (*Carica
papaya* L.) COM BASE EM DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS..... 57

CONSIDERAÇÕES FINAIS..... 83

SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS, DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTABELECIMENTO DE COLEÇÃO NUCLEAR EM MAMOEIRO

Autora: Gilmara Alvarenga Fachardo Oliveira
Orientador: Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo

RESUMO: Uma alternativa para aumentar o uso da variabilidade genética presente nos bancos de germoplasma e favorecer as atividades relacionadas ao melhoramento das culturas, é a formação de coleções nucleares. Trata-se de um grupo limitado de acessos oriundos de uma coleção de germoplasma, que representa grande parte da variabilidade genética existente na coleção completa. Assim, o objetivo desse estudo foi caracterizar, por meio de 35 descritores quantitativos e 35 descritores qualitativos, os 94 acessos de mamoeiro pertencentes ao banco ativo de germoplasma (BAG-Mamão) da Embrapa Mandioca e Fruticultura para posterior seleção dos descritores mais informativos, análise de diversidade genética e estabelecimento de uma coleção nuclear. Dos 70 descritores avaliados, 23 descritores quantitativos e 17 descritores qualitativos foram selecionados por se apresentarem mais informativos. Foram formados três grupos com 38, 39 e 17 acessos, respectivamente, onde os grupos 1 e 3 se apresentaram mais divergentes e os grupos 1 e 2 mais similares. Os descritores quantitativos relacionados aos frutos foram os que mais contribuíram para detectar a diversidade genética existentes entre os acessos. Para estabelecimento da coleção nuclear, dois diferentes algoritmos foram utilizados, MSTRAT e PowerCore, selecionando 30 (31,91%) e 37 (39,36%) acessos, respectivamente. Houve coincidência na seleção de 24 acessos e com a união dos resultados (MSTRAT + PowerCore), 43 diferentes acessos foram selecionados. Ao serem analisados, apresentaram maior retenção da variabilidade genética presente na coleção completa (MD=3,99%, VD=24,59%, CR=83,23% e VR=101,38). A redução de 54,26% dos acessos facilitará os procedimentos clássicos de melhoramento genético, permitindo maior versatilidade e dinamismo aos trabalhos envolvendo a cultura.

Palavras chave: *Carica papaya* L., melhoramento vegetal, recursos genéticos.

SELECTION OF MORFOAGRONOMIC DESCRIPTORS, GENETIC DIVERSITY AND ESTABLISHMENT OF CORE COLLECTION IN PAPAYA

Author: Gilmara Alvarenga Fachardo Oliveira

Adviser: Dr. Carlos Alberto da Silva Ledo

ABSTRACT: An alternative to increase the use of the genetic variability present in the germplasm banks and to favor the activities related to crop improvement, is the formation of nuclear collections. It is a limited group of accesses originating from a collection of germplasm, which represents a large part of the genetic variability in the complete collection. Thus, the objective of this study was to characterize, through 35 quantitative descriptors and 35 qualitative descriptors, the 94 accessions of papaya belonging to the active germplasm bank (BAG-Mamão) of Embrapa Mandioca and Fruticultura for later selection of the most informative descriptors, analysis of genetic diversity and establishment of a nuclear collection. Of the 70 descriptors evaluated, 23 quantitative descriptors and 17 qualitative descriptors were selected because they were more informative. Three groups were formed with 38, 39 and 17 accesses, respectively, where groups 1 and 3 were more divergent and groups 1 and 2 were more similar. The quantitative descriptors related to fruits were the ones that contributed the most to detect the genetic diversity between the accessions. To establish the nuclear collection, two different algorithms were used, MSTRAT and PowerCore, selecting 30 (31.91%) and 37 (39.36%) accesses, respectively. There was a coincidence in the selection of 24 accessions and with the union of the results (MSTRAT + PowerCore), 43 different accessions were selected. When analyzed, they presented greater retention of the genetic variability present in the complete collection (MD = 3.99%, RV = 24.59%, CR = 83.23% and RV = 101.38). The reduction of 54.26% of the accesses will facilitate the classic procedures of genetic improvement, allowing more versatility and dynamism to the works involving the culture.

Keywords: *Carica papaya* L., plant breeding, genetic research management.

REFERENCIAL TEÓRICO

Centro de origem e aspectos botânicos

Segundo Badillo (1993), o mamoeiro é uma planta tipicamente tropical com seu centro de origem na Bacia Amazônica Superior, onde sua diversidade genética é máxima. Pertence à família Caricaceae, que compreende 35 espécies distribuídas em seis gêneros, sendo *Carica* (1 espécie), *Horovitzia* (1 espécie), *Jacaratia* (7 espécies), *Jarilla* (3 espécies), *Vasconcellea* (21 espécies) e *Cylicomorpha* (2 espécies) (VAN DROOGENBROECK et al., 2004).

As espécies pertencentes ao gênero *Vasconcellea* são consideradas importantes repositórios de genes de interesse ao melhoramento do mamoeiro, principalmente em relação à resistência a doenças (DREW et al., 1998). O principal centro de origem do gênero é o Equador, onde estão cerca de 70% das espécies descritas (VAN DEN EYNDEN et al., 1999). A espécie do gênero *Horovitzia* é originária do México; as espécies do gênero *Jarilla* são endêmicas do sul do México e Guatemala, e as espécies do gênero *Jacaratia* são originárias da América do Sul (BADILLO, 2000).

O mamoeiro cultivado comercialmente (*Carica papaya* L.) pertence à classe *Dicotyledoneae*, subclasse *Archichlamydeae*, ordem *Violales*, subordem *Caricineae*, família *Caricaceae* e gênero *Carica* (COSTA; PACOVA, 2003).

Considerada uma planta perene, apresenta raiz pivotante e ramificações laterais. O caule é do tipo herbáceo lenhoso, fistuloso nas regiões dos entrenós, suculento, ereto, contendo numerosas cicatrizes foliares, terminando com um grupo denso de grandes folhas na região apical. As folhas são alternadas com grandes limbos foliares. Os pecíolos são longos, fistulosos e cilíndricos. O embrião é reto, com cotilédones ovóides e achatados, circundados por endosperma carnoso, rico em ácidos graxos. A germinação é relativamente rápida e epígea (BADILLO, 1993).

Segundo o MAPA (2018), a disponibilidade de água, temperatura e umidade relativa do ar são os elementos climáticos que mais influenciam o cultivo do mamoeiro. As condições ideais para o bom desenvolvimento da cultura são precipitações pluviométricas de 1.500 mm anuais, bem distribuídas, temperatura média anual de 25°C e umidade relativa entre 60 e 85%. Os solos mais indicados para o plantio são aqueles com textura média, profundos, permeáveis e com bom teor de matéria orgânica.

Biologia reprodutiva

São observadas três diferentes formas florais no mamoeiro: flores masculinas, femininas e hermafroditas (Figura 1).



Figura 1: Formas florais do mamoeiro: flores masculinas (A), femininas (B) e hermafroditas (C).

O formato do fruto está intimamente relacionado com o sexo das flores. As plantas masculinas, esporadicamente, produzem frutos e quando o fazem, não apresentam valor comercial. As plantas femininas possuem frutos de baixo valor comercial por apresentarem formato arredondado ou ligeiramente ovalado. Já as plantas hermafroditas produzem frutos alongados e cilíndricos que são valorizados no mercado, sendo estas utilizadas na maioria dos plantios comerciais (COSTA; PACOVA, 2003).

A expressão sexual nas plantas é controlada por um único gene que possui três formas alélicas (m , $M1$ e $M2$). As plantas masculinas e hermafroditas são heterozigotas para os alelos $M1$ e $M2$, respectivamente. As plantas femininas são homozigotas para o alelo m . Assim, as combinações genotípicas encontradas no mamoeiro são: $M1m$ (plantas masculinas), $M2m$ (plantas hermafroditas) e mm (plantas femininas). As combinações $M1M1$ e $M2M2$ são letais (HOFMEYR, 1967). No cruzamento entre flor hermafrodita x flor feminina, as sementes produzidas deverão dar origem a 50% de plantas hermafroditas e 50% de plantas femininas. As sementes oriundas do cruzamento entre flor masculina x flor hermafrodita produzirão uma geração de descendentes em uma proporção de aproximadamente 33% de plantas hermafroditas, 33% de plantas masculinas e 33% de plantas femininas. O cruzamento entre flor feminina x flor masculina produzirá sementes que irão originar 50% de plantas masculinas e 50% de plantas femininas, aproximadamente. Já no cruzamento entre flores hermafroditas, na qual é o

desejável em condições de cultivos comerciais, é esperado que as sementes produzam 66% de plantas hermafroditas e 33% de plantas femininas.

Importância socioeconômica

O mamoeiro é uma das fruteiras mais cultivadas e consumidas nas regiões tropicais e subtropicais do mundo, com grande expressão econômica dentre as espécies tropicais (CHEN et al., 1991). Sua exploração comercial no Brasil teve início no estado de São Paulo, nos anos 60 (RUGGIERO et al., 2011). O país se destaca como segundo maior produtor da fruta, sendo apenas superado pela Índia, com produção de 1,05 e 5,94 milhões de toneladas em 2017, respectivamente (FAO, 2019). O Espírito Santo se destacou, entre os estados brasileiros, com uma produção de 317.754 toneladas no ano agrícola de 2017, seguido pelo Rio Grande do Norte com 288.141 toneladas, Bahia com 232.406 toneladas e Ceará com 41.497 toneladas (IBGE, 2019).

O crescimento do agronegócio do mamão no Brasil tem sido favorecido por um desenvolvimento tecnológico crescente, o que aumenta o potencial brasileiro de exportação da fruta. Segundo a BRAPEX (2019), o mamão brasileiro tem sido amplamente solicitado no mercado internacional, apresentando recorde no crescimento das exportações em 2018. O esperado para 2019 é de manutenção das exportações, uma vez que a demanda da União Europeia tem sido constante.

Além da expressiva importância econômica para o Brasil, os plantios de mamoeiro possuem grande relevância social, uma vez que absorve mão-de-obra durante o ano todo devido à necessidade de manutenção constante.

Variedades utilizadas nos plantios comerciais

As variedades de mamoeiros mais cultivadas no Brasil são classificadas em dois grupos: Solo e Formosa. As variedades do grupo Solo são representadas por linhagens (Sunrise Solo e Golden) que produzem frutos pequenos, casca lisa, polpa vermelho-alaranjada e peso médio variando de 450 a 600g (RUGGIERO et al., 2011).

Em relação ao grupo Formosa, as variedades utilizadas nos plantios correspondem a híbridos F1 (Tainung nº1 e Calimosa). Seus frutos apresentam polpa avermelhada e chegam a pesar entre 0,900 e 1,100 kg, apresentando maior

aceitação nos mercados interno e externo (BRAPEX, 2019; DANTAS; OLIVEIRA, 2009).

O número reduzido de variedades de mamoeiro utilizadas nos plantios comerciais provoca uma maior vulnerabilidade das plantas às doenças e alterações climáticas, dificultando assim a expansão das lavouras (DIAS; OLIVEIRA; DANTAS, 2011).

Caracterização dos recursos genéticos

A caracterização do germoplasma pode ser realizada utilizando lista de descritores morfológicos, agronômicos, marcadores moleculares, bioquímicos e citogenéticos. No caso do mamoeiro, um conjunto de 62 descritores morfológicos e agronômicos tem sido utilizada para a caracterização de acessos de germoplasma e cultivares (DANTAS et al., 2000). A seleção desses descritores ocorreu a partir dos “Descritores para papaya”, estabelecidos pelo ex- International Board for Plant Genetic Resources - IBPGR (IBPGR, 1988), mediante trabalho desenvolvido por Pinto (1999), onde 20 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Mamão (BAG-Mamão) da Embrapa Mandioca e Fruticultura foram caracterizados, utilizando 15 descritores vegetativos, 36 descritores da inflorescência e fruto, 6 descritores relativos à semente e 5 referentes à composição química dos frutos.

A partir da caracterização dos acessos, é possível quantificar a diversidade genética, selecionar os descritores mais informativos, analisar as relações genéticas existentes entre os genótipos, além de direcionar cruzamentos visando explorar a heterose encontrada, o que contribuirá para a sustentabilidade da cultura do mamoeiro.

Coleção nuclear

O estabelecimento de coleções nucleares tem sido uma alternativa para aumentar o uso da variabilidade presente nos bancos de germoplasma (SIVALINGAM et al., 2014). Segundo Brown (1989), as coleções nucleares são formadas por um grupo limitado de acessos oriundos de uma coleção de germoplasma, que representam a variabilidade genética da coleção completa. Por se tratar de um número reduzido de acessos, sua utilização, conservação e manejo são facilitados e os acessos podem ser melhor caracterizados e utilizados nos programas de melhoramento.

REFERÊNCIAS

BADILLO, V.M. *Carica L. vs Vasconcella St.-Hil. (Caricaceae)* con la rehabilitacion de este último. **Ernstia**, v.10, p.74-79, 2000.

BADILLO, V.M. *Caricaceae*. **Revista de la Facultad de Agronomía-Alcance**, v.43, 111p, 1993.

BRAPEX. **Associação Brasileira dos Exportadores de Papaya**. Disponível em: < <http://brapex4.hospedagemdesites.ws/mamao-perspectiva-2019><http://>>. Acesso em: 19. janeiro. 2019.

BROWN, A. H. D. Core collection: a practical approach to genetic resources management. **Genome**, v. 31, p. 818-824, 1989.

CHEN, M.H.; CHEN, C.C.; WANG, D.N.; CHEN, F.C. Somatic embryogenesis and plant regeneration from immature embryos of *Carica papaya* x *Carica cauliflora* cultured in vitro. **Canadian Journal of Botany**, Ottawa, v.69, n.9, p. 1913-1918, 1991.

COSTA, A.F.S.; PACOVA, B.E.V. **A cultura do mamoeiro: tecnologias de produção**. Vitória, ES: Incaper, 2003.

DANTAS, J.L.L.; OLIVEIRA, E.J. O melhoramento genético do mamoeiro: avanços, desafios e perspectivas. In: VIDAL NETO, F.C.; CAVALCANTI, J.J.V. (Ed.) **Melhoramento Genético de Plantas do Nordeste**. Brasília, DF: Embrapa, p.175-208, 2009.

DANTAS, J. L. L.; PINTO, R. M. S.; LIMA, J. F. de; FERREIRA, F.R. Catálogo de germoplasma de mamão (*Carica papaya* L.). Cruz das Almas, BA: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2000. 40p. (Embrapa Mandioca e Fruticultura, **Documentos, 94**).

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.1471-1479, 2011.

DREW, R.A.; O'BRIEN, C.M.; MAGDALITA, P.M. Development of interspecific *Carica* hybrids. **Acta Horticulture**, v.461, p.285-292, 1998.

FAO. **Food and agriculture organization of the United Nations for a world without hunger**. Area harvested, yield and production in 2016/ FAOSTAT / FAO Statistics Division. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>>. Acesso em: 10. jan. 2019.

HOFMEYR, J.D.J. Some genetic breeding aspects of *Carica papaya* L. **Agronomia Tropical**, v.17, p 345-351, 1967.

IBGE. **Produção Agrícola Municipal**. 2016. Disponível em: < <https://cidades.ibge.gov.br/>>. Acesso em: 10 jan. 2019.

IBPGR. Descriptors for papaya. FAO, Rome, 1988. 34p.

MAPA. **Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**. Portaria 251/2011. Disponível em: <<http://sistemasweb.agricultura.gov.br/sislegis/action/detalhaAto.do?method=visualizarAtoPortalMapa&chave=1130302323>>. Acesso em: 07 mar. 2018.

PINTO, R. M. de S. **Avaliação e caracterização de germoplasma de mamão e estabelecimento de descritores mínimos**. 1999. 109 p. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) - Escola de Agronomia, Universidade Federal da Bahia, Cruz das Almas.

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

SIVALINGAM, P. N.; SINGH, D.; CHAUHAN, S.; CHANGAL, H. K.; BHAN, C.; MOHAPATRA, T.; MORE, T. A.; SHARMA, S. K. Establishment of the core collection of *Ziziphus mauritiana* Lam. from India. **Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization**, v. 12, n. 1, p. 140–142, 2014.

VAN DEN EYNDEN, V.; CUEVA, E.; CABRERA, O. **Plantas silvestres comestibles del sur del Ecuador**. Ediciones Abya-Yala, Quito, Ecuador, 1999.

VAN DROOGENBROECK, B.; KYNDT, T.; MAERTENS, I.; ROMEIJN-PEETERS, E.; SCHELDEMAN, X.; ROMERO-MOTOCHI, J.P.; VAN DAMME, P.; GOETGHEBEUR, P.; GHEYSEN, G. Phylogenetic analysis of the highland papayas (*Vasconcellea*) and allied genera (*Caricaceae*) using PCR-RFLP. **Theoretical and Applied Genetics**, v.108, p.1473-1486, 2004.

ARTIGO 1

SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS PARA CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE MAMOEIRO

Seleção de descritores morfoagronômicos para caracterização de germoplasma de mamoeiro

Resumo: O objetivo deste trabalho foi selecionar os descritores morfoagronômicos com maior relevância para discriminação dos acessos que compõe o banco ativo de germoplasma de mamoeiro (BAG-Mamão) da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Foram avaliados 70 descritores (35 quantitativos e 35 qualitativos) relacionados à planta, folhas, flores, frutos e sementes em 94 acessos de mamoeiro. Os descritores quantitativos foram submetidos à análise de componentes principais e o descarte dos descritores redundantes foi baseado nas informações obtidas pelos métodos de seleção direta e diagnóstico de multicolinearidade. A combinação das informações de ambos os métodos permitiu uma redução de 12 (34,28%) descritores quantitativos a serem utilizados para uma descrição eficiente dos genótipos de mamoeiro. Para a seleção dos descritores qualitativos, foi utilizado o coeficiente de entropia de Shannon, por meio do qual 18 (51,43%) dos 35 descritores foram selecionados para descarte por apresentarem nível de entropia inferior a 0,50. Pelo heatmap obtido, considerando os descritores quantitativos (23 descritores) e qualitativos (17 descritores) selecionados, foi possível observar uma grande variação na intensidade das cores, confirmando a dissimilaridade existente entre os acessos. Sendo assim, foi possível o descarte de 42,86% dos descritores usualmente empregados na caracterização dos acessos de mamoeiro sem perdas significativas de informações sobre a variabilidade genética existente entre os acessos.

Palavras-chave: *Carica papaya* L., recursos genéticos, pré-melhoramento.

Selection of morphoagronomic descriptors for the characterization of papaya germplasm

Abstract: The objective of this work was to select the most informative morphoagronomic descriptors to discriminate accessions of the papaya germplasm bank (BAG-Papaya) of Embrapa Mandioca e Fruticultura. Seventy descriptors (35 quantitative and 35 qualitative) related to plant, leaves, flowers, fruits and seeds were evaluated in 94 accessions of papaya. Data from the quantitative descriptors were submitted to principal components analysis and the discarding of the redundant descriptors was based on the information obtained by the direct selection and multicollinearity diagnostic methods. The combination of the results from both methods allowed a reduction of 12 (34.28%) quantitative descriptors to be used for an efficient characterization of papaya genotypes. For the selection of qualitative descriptors, the Shannon entropy coefficient was used, in which 18 (51.43%) of the 35 descriptors presented an entropy level lower than 0.50, so that, they were disposal. Based on the heat map, considering the quantitative (23 descriptors) and qualitative descriptors (17 descriptors) selected, it was possible to observe a great variation in the intensity of the colors, confirming the dissimilarity between the accessions. Thus, it was possible to discard 42.86% of the descriptors usually used in the characterization of the accessions of papaya without significant loss of information about the genetic variability existing between the accessions.

Keywords: *Carica papaya* L., plant genetic sources, pre-breeding.

INTRODUÇÃO

O mamoeiro cultivado comercialmente é denominado *Carica papaya* L. e pertence à classe Dicotyledoneae, subclasse Archichalamydea, ordem Violales, subordem Caricineae, família Caricaceae e gênero *Carica* (BADILLO, 1993). Trata-se de uma cultura de grande importância econômica para o Brasil, sendo o país classificado como segundo maior produtor da fruta em 2016, com produção estimada de 1,05 milhões de toneladas (FAO, 2019). Os estados do Espírito Santo, Rio Grande do Norte, Bahia e Ceará se destacaram no cultivo da fruta no referido ano, com produção de 317.754, 288.141, 232.406 e 41.497 toneladas, respectivamente (IBGE, 2019). É uma espécie frutífera tropical consumida em todo o mundo, com sabor agradável e grandes propriedades nutricionais e farmacológicas (BADILLO, 2000; OLIVEIRA; VITÓRIA, 2011; RIVERA-PASTRANHA; YAHIA; GONZÁLEZ-AGUILAR, 2010).

A sustentabilidade e expansão da cultura do mamoeiro dependem do desenvolvimento de novos genótipos. No Brasil, três instituições se destacam na busca pela mudança deste cenário: a Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), a Embrapa Mandioca e Fruticultura (CNPMP) e o Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER). Tais instituições têm concentrado esforços ao longo dos últimos anos para a obtenção de linhagens e híbridos de alto desempenho (CORTES et al., 2018; OLIVEIRA et al., 2012; MADROÑERO et al.; 2018). No entanto, embora exista uma gama de variedades disponíveis para comercialização e plantio, a adoção para cultivo por meio dos produtores é restrita (DIAS; OLIVEIRA; DANTAS, 2011).

Direcionar esforços para pesquisas com o mamoeiro é fundamental para o país, pois os programas de melhoramento genético podem contribuir de forma ativa no desenvolvimento de variedades adaptadas às diversas regiões produtoras, com alta produtividade, resistência a pragas e doenças e que atendam às exigências do mercado interno e externo (RAMOS et al., 2014). Para isso, explorar a variabilidade genética presente nos acessos que compõe o banco ativo de germoplasma (BAG) pode ser uma estratégia eficiente, resultando em ganhos no processo de seleção.

A caracterização dos bancos ativos de germoplasma deve ser realizada a partir da avaliação das características que descrevem e diferenciam os acessos que os compõe (ALMEIDA et al., 2005). Especificamente no caso do mamoeiro,

uma lista com diversos descritores relacionados a caracteres de planta, flor, fruto e semente tem sido utilizada para a caracterização dos acessos (DANTAS et al., 2000). Essa etapa exige o registro de um grande número de observações, tornando a tarefa laboriosa e de alto custo. Neste sentido, a redução do número de características avaliadas durante a caracterização dos acessos pode melhorar a eficiência e reduzir custos.

Diversos estudos têm sido realizados para seleção de descritores mais informativos, a fim de possibilitar a distinção dos acessos em bancos de germoplasma e a redução do trabalho envolvido nas atividades de caracterização para diversas espécies. Castro et al. (2012) observaram que o descarte de 21,43% dos descritores utilizados para caracterização morfoagronômica de acessos de maracujá amarelo, não gerou perdas significativas de informações. Silva, Carvalho e Duarte (2013), após avaliarem 893 acessos de pimentão com o uso de 56 descritores morfológicos, sugeriram o descarte de 50% deles, de modo que somente descritores relacionados com características de importância para o programa de melhoramento genético da espécie, tais como armazenamento, processamento e comercialização, foram recomendados para avaliação. Para a cultura da mandioca, Oliveira, Oliveira Filho e Santos (2014), ao avaliarem 95 acessos com o auxílio de 51 descritores morfoagronômicos detectaram a possibilidade de exclusão de 19 (37,25%) descritores, selecionando àqueles com alta capacidade de discriminação do germoplasma de mandioca. Observa-se, portanto, que a avaliação e a caracterização dos acessos pertencentes aos bancos de germoplasma são atividades importantes, pois descreve a variabilidade genética existente, ponto de partida do melhoramento genético.

Desse modo, o objetivo deste trabalho foi selecionar descritores morfoagronômicos com maior relevância para caracterização eficiente dos acessos do banco ativo de germoplasma de mamoeiro (BAG-Mamão) da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

MATERIAL E MÉTODOS

Área experimental e material vegetal

O ensaio de caracterização foi instalado na área experimental da Embrapa Mandioca e Fruticultura, localizada na cidade de Cruz das Almas, Bahia, Brasil, a

12°40'19" de latitude sul, 39°06'22" de longitude oeste e altitude de 220 m. O plantio das mudas foi realizado em agosto de 2014.

Um total de 94 acessos de mamoeiro pertencentes ao (BAG-Mamão da Embrapa Mandioca e Fruticultura foram caracterizados (Tabela 1). Mudanças dos acessos foram plantadas na área experimental sob delineamento em blocos completos casualizados, com duas repetições. As parcelas foram constituídas por duas linhas com seis plantas cada, espaçadas em 2,0 x 2,0 metros. Os tratamentos culturais recomendados para o mamoeiro foram realizados de acordo com a necessidade da cultura (MARTINS; COSTA, 2003).

Tabela 1. Relação de acessos do BAG-Mamão da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

CMF 002	CMF 026	CMF 054	CMF 087	CMF 131	CMF 185
CMF 003	CMF 027	CMF 055	CMF 088	CMF 132	CMF 188
CMF 004	CMF 028	CMF 056	CMF 090	CMF 133	CMF 204
CMF 005	CMF 030	CMF 058	CMF 092	CMF 135	CMF 207
CMF 006	CMF 031	CMF 060	CMF 094	CMF 139	CMF 219
CMF 008	CMF 033	CMF 065	CMF 099	CMF 142	CMF 220
CMF 011	CMF 035	CMF 066	CMF 102	CMF 145	CMF 230
CMF 012	CMF037	CMF 067	CMF 104	CMF 146	CMF 232
CMF 014	CMF 038	CMF 069	CMF 114	CMF 150	CMF 233
CMF 015	CMF 041	CMF 072	CMF 115	CMF 152	CMF 234
CMF 017	CMF 044	CMF 075	CMF 116	CMF 154	CMF 235
CMF 018	CMF 046	CMF 076	CMF 120	CMF 164	CMF 245
CMF 020	CMF 047	CMF 077	CMF 121	CMF 165	CMF 246
CMF 021	CMF 050	CMF 078	CMF 123	CMF 166	CMF 247
CMF 022	CMF 051	CMF 079	CMF 129	CMF 177	
CMF 023	CMF 052	CMF 082	CMF 130	CMF 180	

Caracterização dos acessos

A caracterização dos acessos foi realizada por meio da avaliação de 35 descritores quantitativos (Tabela 2) e 35 qualitativos (Tabela 3) que fazem parte da lista de descritores proposta para o mamoeiro (DANTAS et al., 2000).

As mensurações dos caracteres foram iniciadas após oito meses do plantio das mudas, no começo da produção. Duas plantas por parcela foram caracterizadas e, para isso, foram tomadas aleatoriamente as medidas de 5 flores, 5 folhas e coletados para análise, 5 frutos por planta no estágio 5 de amadurecimento (fruto com 76 a 100% da superfície amarela), (Ceagesp, 2018).

Tabela 2. Relação de descritores quantitativos com suas respectivas abreviaturas utilizados na caracterização de 94 acessos de mamoeiro.

Descritores quantitativos	Abreviatura
Planta	
Altura da planta (m) aos 8 e 12 meses	AP8/AP12
Diâmetro do caule (cm) aos 8 e 12 meses	DC8/DC12
Número de frutos por axila	NFA
Número de frutos aos 8 e 12 meses	NF8/NF12
Número de frutos comerciais aos 8 e 12 meses	NFCO8/NFCO12
Número de frutos carpelóides aos 8 e 12 meses	NFCA8/NFCA12
Altura dos primeiros frutos (m)	APF
Comprimento dos internódios (cm) aos 8 e 12 meses	CI8/CI12
Folha	
Comprimento da folha (cm) aos 8 e 12 meses	CF8/CF12
Comprimento do pecíolo da folha (cm) aos 8 e 12 meses	CPF8/CPF12
Largura da folha (cm) aos 8 e 12 meses	LF8/LF12
Frutos	
Potencial hidrogeniônico	pH
Acidez titulável (% de ácido cítrico)	AT
Sólidos solúveis (°brix)	SS
Comprimento do fruto (cm)	COF
Comprimento do pedúnculo do fruto (cm)	CPFR
Peso do fruto	PF
Diâmetro da cavidade central (mm)	DCC
Diâmetro do fruto (cm)	DF
Firmeza do fruto (libras)	FF
Vitamina C (mg de ácido ascórbico/100g de polpa)	VITC
Sementes	
Peso fresco das sementes do fruto (g)	PFS
Peso fresco de 100 sementes (g)	OS
Inflorescência	
Comprimento do pedúnculo da inflorescência (cm)	CPI
Número de flores por pedúnculo	NFP
Comprimento da corola (cm)	CCF

Tabela 3. Relação de descritores qualitativos com suas respectivas abreviaturas utilizados na caracterização de 94 acessos de mamoeiro.

Descritores qualitativos	Abreviatura
Planta	
Cor do caule	CC
Pigmentação do caule	PC
Uniformidade de distribuição de frutos	UDF
Folha	
Cor do pecíolo	CP
Forma da folha	FF
Forma dos bordos foliares	FBOF
Presença de pêlos	P
Presença de cera	C
Forma da cavidade do limbo	FCL
Frutos	
Coloração da casca do fruto imaturo	CCFI
Formato dos frutos	FFR
Coloração da casca do fruto maduro	CCFM
Formato da base do fruto	FBAF
Textura da casca	TC
Sulcos na superfície do fruto	SSF
Formato da cavidade central	FCC
Aroma da polpa	APO
Coloração da polpa	COP
Consistência da polpa	CPO
Qualidade de mesa	QM
Espessura da casca	EC
Fibrose da polpa	FP
Tecido placentar	TEC
Sementes	
Coloração da semente	CS
Brilho da superfície da semente	BSS
Formato da semente	FS
Quantidade de mucilagem da semente	QMS
Inflorescência	
Tipo de hermafroditismo	TH
Coloração dos lóbulos da corola	CLC
Coloração das flores	CF
Densidade de flores na inflorescência	DFI
Mudança de sexo da flor	MS
Tipo de florescimento	TF
Densidade da inflorescência	DI
Coloração do pedúnculo da inflorescência	COPI

Análises estatísticas

Para os 35 descritores quantitativos foi realizada a padronização dos dados por meio do índice Z , com intuito de eliminar as diferenças entre as escalas utilizadas na avaliação das características, conforme a seguinte fórmula: $Z_i = \frac{X_i - \bar{X}}{S_i}$, na qual Z_i é o valor padronizado para um determinado descritor ' i ' com magnitude X_i , média geral \bar{X} e desvio padrão S_i , com $Z_i \sim N(0,1)$.

Utilizou-se a técnica de análise multivariada de componentes principais com todos os descritores quantitativos e com apenas com os descritores quantitativos selecionados, a partir da matriz de correlação entre os descritores avaliados. A importância relativa de cada componente principal foi avaliada pela percentagem de variância total explicada.

A recomendação do descarte dos descritores quantitativos redundantes foi baseada em dois procedimentos: 1) Método por seleção direta (JOLLIFFE, 1973), que indica para descarte todo descritor que apresentar maior coeficiente de ponderação em valor absoluto (autovetor), no componente principal de menor autovalor, partindo do último componente até aquele cujo autovalor não excedeu 0,70; 2) Diagnóstico de multicolinearidade, com exclusão de descritores em função da existência de alta correlação, classificando-os em função do número de condição (NC). Quando o NC for inferior a 100, a multicolinearidade é fraca; entre 100 e 1000, a multicolinearidade é considerada moderada a forte e, quando superior a 1000, a multicolinearidade é classificada com severa (MONTGOMERY; PECK, 1981).

O descarte final foi realizado considerando os procedimentos 1 e 2, no qual, foram descartados os descritores recomendados em ambos os procedimentos.

Para a seleção dos descritores qualitativos, foram estimadas as frequências (percentuais) de cada categoria e o nível de entropia dos descritores por meio do coeficiente de entropia de Shannon (ZHANG; GRABCHAK, 2016). Foram considerados como descritores passíveis de descarte aqueles que apresentaram nível de entropia inferior a 0,50.

Todas as análises foram realizadas com auxílio do software R versão 3.5.1 (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2018), utilizando-se a função *prcomp* e os pacotes computacionais *agricolae*, *usdm*, *FactoMineR*, *dplyr*, *vegan*.

A representação gráfica dos descritores quantitativos selecionados e os recomendados para descarte foi realizada por meio da função *qplot* inserida nos pacotes *reshape* e *ggplot2*. Para a visualização da variação dos acessos dentro dos descritores qualitativos e quantitativos selecionados, foi construído um heatmap, utilizando o pacote *hapmap3*.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Descarte de descritores quantitativos

Os onze primeiros componentes principais (CPs) apresentaram magnitudes dos autovalores superiores a 0,89, e, quando somados, representaram 82,74% da variação dos dados (Tabela 4). Por outro lado, os CPs entre 12 e 35 apresentaram estimativas dos autovalores abaixo de 0,67, e baixa variância relativa acumulada, com magnitude de 17,26%. De acordo com Oliveira, Dias e Dantas (2012), os descritores que apresentam alta correlação com os CPs de menor variância são poucos informativos, pois explicam uma pequena proporção da variação dos dados. Desse modo, as estimativas dos autovalores associados aos CPs indicaram que 24 dos 35 descritores (68,57%) são passíveis de descarte, em razão do número de componentes que apresentaram autovalores menores que 0,70 (JOLLIFFE, 1973).

O primeiro descritor passível de descarte foi NF12, que apresentou magnitude da estimativa do coeficiente de ponderação em módulo de 0,51 relacionado ao CP35 (Tabela 5). O segundo descritor indicado para descarte foi AP8, relacionado ao CP34 com estimativa de 0,73. Desse modo, a sequência de descarte para os demais descritores, baseada na maior magnitude do coeficiente de ponderação em módulo associada a cada componente principal foi: CF12, PF, DC8, CF8, LF12, DCC, CPF12, DC12, CI8, CPI, CCF, NFCA8, SS, NFP, CPF8, NF8, NFA, AT, NFCA12, PFS, PS e APF. Dentre os descritores selecionados para descarte, dez estão relacionados às características de planta, quatro aos frutos, cinco às folhas, dois às sementes e três às inflorescências.

Tabela 4. Estimativas dos autovalores e da variância relativa acumulada associadas aos componentes principais obtidas dos 35 descritores quantitativos avaliados nos 94 acessos de mamoeiro.

Componente	λ	λ (%)	λ (%) Acumulada	Componente	λ	λ (%)	λ (%) Acumulada
1	7,96	22,75	22,75	19	0,33	0,93	94,54
2	6,75	19,28	42,03	20	0,31	0,89	95,43
3	2,96	8,46	50,50	21	0,29	0,82	96,26
4	2,24	6,41	56,90	22	0,28	0,81	97,06
5	1,98	5,66	62,57	23	0,22	0,64	97,70
6	1,49	4,25	66,82	24	0,18	0,50	98,21
7	1,40	4,00	70,83	25	0,16	0,45	98,66
8	1,22	3,50	74,33	26	0,10	0,30	98,96
9	1,06	3,02	77,35	27	0,09	0,25	99,21
10	0,99	2,83	80,18	28	0,07	0,21	99,42
11	0,89	2,56	82,74	29	0,06	0,16	99,58
12	0,67	1,92	84,66	30	0,05	0,13	99,71
13	0,63	1,79	86,45	31	0,03	0,10	99,81
14	0,57	1,62	88,07	32	0,03	0,08	99,88
15	0,56	1,60	89,68	33	0,02	0,06	99,94
16	0,54	1,54	91,22	34	0,01	0,04	99,98
17	0,42	1,21	92,43	35	0,01	0,02	100,00
18	0,41	1,18	93,61				

Resultados semelhantes foram obtidos por Strapasson et al. (2000), os quais por meio da análise de componentes principais em forrageiras do gênero *Paspalum*, descartaram 53%, 68% e 43% dos descritores reprodutivos, vegetativos e agrônômicos, respectivamente. Os autores ainda verificaram que, por meio das estimativas dos coeficientes de correlação entre os descritores selecionados e descartados, aqueles indicados para descarte, por explicarem o mesmo tipo de informação que os selecionados, são redundantes, sendo, portanto, passíveis de serem eliminados.

O procedimento utilizado para seleção de descritores quantitativos com base no diagnóstico de multicolinearidade, indicou como menos informativos os descritores APF, SS, DF, PF, PFS, PS, NFCA12, AP8, AP12, CF12, DC8, DC12, LF8, NF8 e NF12. Oito deles estão relacionados às características das plantas, três aos frutos e dois às folhas e sementes. Neste caso, foi observado que o número de condição reduziu de 1.162,72 na análise que englobou todos os descritores para

78,43 após a exclusão, e a multicolinearidade, que antes era classificada como severa, após a exclusão foi classificada como fraca.

Os dois procedimentos, seleção direta e multicolinearidade, apresentam abordagens estatísticas baseadas na exclusão de descritores correlacionados. Mesmo assim, a maior eficiência no descarte de descritores é alcançada com a combinação de duas ou mais abordagens estatísticas, descartando apenas aqueles descritores coincidentes nos procedimentos (OLIVEIRA; DIAS; DANTAS, 2012). Na pesquisa realizada por Oliveira, Oliveira Filho e Santos (2014), quatro métodos distintos para seleção dos descritores morfoagronômicos mais informativos para caracterização de germoplasma de mandioca foram utilizados, e apenas quatro descritores foram comuns a todos os métodos de descarte. Em função desse resultado, a decisão sobre quais descritores deveriam ser efetivamente descartados se baseou na coincidência de, pelo menos, dois métodos.

Do total de 24 descritores recomendados para descarte pela seleção direta e 15 pelo diagnóstico de multicolinearidade, 12 deles foram coincidentes nos dois procedimentos: APF, SS, PF, PFS, PS, NFCA12, AP8, CF12, DC8, DC12, NF8 e NF12 (Tabela 6). A combinação dos métodos permitiu a redução de 34,28% dos descritores sugeridos para uma completa análise dos acessos pertencentes ao BAG-Mamão. Valor semelhante (40%) foi reportado por Oliveira, Dias e Dantas (2012) ao analisarem 27 acessos de mamoeiro, incluindo cultivares, germoplasma melhorado, variedades locais, híbridos e linhagens, por meio de 30 descritores quantitativos. Os autores relataram que descritores considerados de grande importância para o programa de melhoramento foram destinados para descarte, como massa, firmeza e espessura da casca dos frutos, entretanto, apresentaram alta correlação com algum descritor selecionado, o que pode minimizar as perdas no processo de seleção de novos genótipos.

Tabela 5. Estimativas dos coeficientes de ponderação associados aos componentes principais (CP) com autovalores inferiores a 0,70.

Descritor	Componentes principais																								
	CP35	CP34	CP33	CP32	CP31	CP30	CP29	CP28	CP27	CP26	CP25	CP24	CP23	CP22	CP21	CP20	CP19	CP18	CP17	CP16	CP15	CP14	CP13	CP12	
NFA	0,01	-0,02	0,01	0,09	-0,11	-0,02	0,01	0,09	-0,10	0,01	0,41	0,02	-0,09	0,05	-0,03	0,31	-0,07	0,16	0,57						
pH	0,01	-0,01	0,02	-0,01	0,03	0,03	-0,01	-0,01	-0,09	0,02	-0,06	0,05	-0,06	-0,10	0,01	0,02	0,02	-0,23	-0,27	-0,08	0,05	-0,12	-0,33	0,27	
AT	0,02	0,01	-0,01	0,05	-0,02	0,05	0,01	0,07	-0,05	-0,07	0,04	0,03	-0,02	0,02	0,10	0,14	-0,09	0,09	-0,10	-0,39					
APF	-0,02	0,04	-0,03	-0,06	0,08	0,02	0,08	-0,04	0,09	0,15	-0,06	-0,33	0,39	0,32	0,09	0,17	0,12	0,14	0,07	-0,08	-0,19	0,04	-0,17	0,29	
SS	0,00	0,02	0,00	-0,01	0,06	-0,06	-0,08	0,02	-0,07	0,03	0,01	0,02	0,37	-0,21	0,46										
CCF	0,00	-0,01	0,01	-0,01	-0,01	0,02	0,00	0,09	-0,06	0,08	0,00	-0,26	-0,46												
COF	-0,02	0,03	0,04	0,24	-0,02	0,25	0,08	-0,22	0,21	0,20	0,07	0,11	0,17	0,10	0,31	-0,24	0,08	-0,07	0,37	-0,33	0,18	0,12	-0,02	-0,14	
CPFR	0,01	0,02	0,01	-0,04	0,02	0,01	-0,04	0,02	-0,10	-0,06	0,25	-0,14	-0,08	0,20	0,24	0,23	0,35	-0,22	-0,34	0,01	0,02	-0,10	0,33	-0,16	
CPI	0,01	-0,03	-0,06	0,04	0,08	-0,07	0,10	0,01	0,29	0,09	-0,16	0,50													
DCC	0,00	-0,04	0,01	0,00	0,04	0,01	0,13	-0,71																	
DF	-0,06	0,05	0,11	0,38	-0,18	0,10	0,24	0,55	-0,10	-0,20	-0,27	-0,09	0,18	-0,06	-0,04	0,11	-0,02	-0,02	-0,04	0,08	0,00	-0,08	0,08	-0,11	
FF	-0,01	0,01	-0,02	0,00	-0,01	0,13	-0,05	0,02	0,06	0,15	0,09	0,03	-0,17	-0,14	0,02	0,09	0,11	0,05	-0,15	0,34	0,13	0,21	-0,33	-0,02	
NFP	-0,01	0,01	-0,01	-0,01	0,01	-0,02	0,01	0,03	-0,19	-0,09	0,06	-0,27	0,15	-0,04	0,00	-0,45									
PF	0,00	-0,04	-0,09	-0,50																					
PFS	0,05	0,01	-0,03	-0,04	0,03	0,05	-0,02	0,16	0,28	0,30	0,34	0,22	-0,13	-0,10	0,05	-0,29	0,21	0,20	-0,17	0,15	-0,19	-0,28			
PS	0,00	0,02	0,00	-0,01	0,01	0,05	0,03	-0,04	-0,04	0,08	0,05	0,07	0,15	0,11	-0,14	0,25	0,00	-0,11	0,00	0,10	0,10	0,13	-0,43		
VITC	-0,02	-0,01	0,02	-0,05	0,00	0,01	0,04	0,10	0,11	0,06	-0,11	-0,12	-0,11	0,31	-0,35	-0,05	0,35	0,11	-0,02	-0,11	0,42	-0,11	0,06	-0,18	
NFCA8	-0,02	-0,03	-0,01	-0,07	0,03	0,02	0,02	0,06	0,04	-0,10	-0,07	0,10	0,02	0,46											
AP8	-0,06	-0,73																							
CF8	-0,02	-0,09	0,49	0,04	-0,02	-0,45																			
CI8	-0,02	-0,03	-0,02	-0,02	0,06	0,03	0,01	-0,02	0,03	0,12	-0,44														

continua...

continuação...

Tabela 5. Estimativas dos coeficientes de ponderação associados aos componentes principais (CP) com autovalores inferiores a 0,7.

Descritor	Componentes principais																								
	CP35	CP34	CP33	CP32	CP31	CP30	CP29	CP28	CP27	CP26	CP25	CP24	CP23	CP22	CP21	CP20	CP19	CP18	CP17	CP16	CP15	CP14	CP13	CP12	
CPF8	-0,07	0,00	0,02	0,05	-0,07	0,00	-0,04	-0,03	0,20	-0,23	-0,13	-0,03	-0,02	-0,21	0,09	0,19	0,49								
DC8	0,05	0,16	-0,04	-0,14	0,61																				
LF8	0,06	0,10	-0,37	0,00	-0,08	0,4	-0,17	0,02	-0,40	0,10	-0,17	0,03	-0,07	-0,06	-0,19	-0,19	0,12	-0,12	0,11	-0,04	-0,06	-0,02	0,14	0,23	
NFCO8	-0,49	0,00	-0,11	0,31	0,22	-0,13	-0,26	0,01	0,02	0,18	-0,03	-0,04	0,21	0,14	-0,06	-0,06	0,06	0,23	-0,23	0,01	0,01	0,03	0,11	0,08	
NF8	0,50	0,05	0,09	-0,33	-0,26	0,16	0,15	0,06	0,15	-0,02	-0,06	-0,02	0,26	0,05	0,02	-0,06	0,03	0,24							
NFCA12	0,03	0,01	-0,01	0,03	0,00	-0,05	0,00	-0,02	-0,05	0,11	0,09	-0,09	0,09	-0,38	-0,03	0,21	-0,09	0,15	-0,10	-0,24	0,43				
AP12	0,08	0,58	0,16	0,15	-0,05	-0,10	-0,26	-0,07	-0,13	-0,34	0,10	0,32	-0,05	0,13	0,04	-0,06	-0,02	0,15	-0,07	-0,05	0,12	0,07	-0,04	-0,03	
CF12	-0,05	0,12	-0,56																						
CI12	-0,03	0,06	0,04	0,05	-0,13	-0,10	0,05	-0,03	0,06	0,01	0,33	-0,34	0,11	-0,29	-0,43	-0,13	0,12	-0,23	0,02	-0,02	-0,29	0,24	0,01	-0,11	
CPF12	0,07	-0,03	0,00	-0,03	-0,04	-0,21	0,25	0,02	-0,48																
DC12	0,02	-0,08	0,01	0,08	-0,48	-0,05	-0,25	-0,11	0,10	0,40															
LF12	-0,02	-0,15	0,45	-0,08	0,26	0,44	-0,33																		
NFCO12	0,47	-0,12	-0,07	0,32	0,27	-0,08	-0,18	-0,03	0,05	0,00	-0,19	-0,07	-0,16	-0,04	0,03	0,00	0,11	-0,12	-0,01	-0,15	-0,16	0,16	-0,14	-0,20	
NF12	-0,51																								

* NFA: Número de frutos por axila; pH: Potencial hidrogeniônico; AT: Acidez titulável (% ácido cítrico); APF: altura dos primeiros frutos (m); SS: Sólidos solúveis (°Brix); CCF: Comprimento da corola da flor (cm); COF: Comprimento do fruto (cm); CPFR: Comprimento do pedúnculo do fruto (cm); CPI: Comprimento do pedúnculo da inflorescência (cm); DCC: Diâmetro da cavidade central (mm), DF: Diâmetro do fruto (cm); FF: Firmeza dos frutos (Kg); NFP: Número de flores por pedúnculo; PF: Peso do fruto (kg); PFS: Peso fresco das sementes (g); PS: Peso fresco de 100 sementes (g); VITC: Vitamina C (mg de ácido ascórbico x 100g de polpa); NFCA8: Número de frutos carpelóides aos 8 meses; AP8: Altura da planta (m) aos 8 meses; CF8: Comprimento da folha (cm) aos 8 meses; CI8: Comprimento dos internódios (cm) aos 8 meses; CPF8: Comprimento do pecíolo da folha (cm) aos 8 meses; DC8: Diâmetro de caule (cm) aos 8 meses; LF8: Largura de folha (cm) aos 8 meses; NFCO8: Número de frutos comerciais aos 8 meses; NF8: Número de frutos por planta aos 8 meses; NFCA12: Número de frutos carpelóides aos 12 meses; AP12: Altura da planta (m) aos 12 meses; CF12: Comprimento da folha (cm) aos 12 meses; CI12: Comprimento dos internódios (cm) aos 12 meses; CPF12: Comprimento do pecíolo da folha (cm) aos 12 meses; DC12: Diâmetro de caule (cm) aos 12 meses; LF12: Largura de folha (cm) aos 12 meses; NFCO12: Número de frutos comerciais aos 12 meses; NF12: Número de frutos por planta aos 12 meses.

Tabela 6. Relação dos descritores de mamoeiro indicados para descarte utilizando como critério o método de seleção direta e o diagnóstico de multicolinearidade.

Descritor	Critério de descarte			Descritor	Critério de descarte		
	Método de seleção direta	Diagnóstico de multicolinearidade	Seleção		Método de seleção direta	Diagnóstico de multicolinearidade	Seleção
AT	X		S	NFCA12	X	X	D
APF	X	X	D	AP8	X	X	D
SS	X	X	D	AP12		X	S
CCF	X		S	CF8	X		S
COF			S	CF12	X	X	D
CPFR			S	CI8	X		S
CPI	X		S	CI12			S
DCC	X		S	CPF8	X		S
DF		X	S	CPF12	X		S
FF			S	DC8	X	X	D
NFP	X		S	DC12	X	X	D
PF	X	X	D	LF8		X	S
PFS	X	X	D	LF12	X		S
PS	X	X	D	NFCO8			S
Vit C			S	NFCO12			S
NFA	X		S	NF8	X	X	D
pH			S	NF12	X	X	D
NFCA8	X		S				

* AT: Acidez titulável (% ácido cítrico); APF: altura dos primeiros frutos (m); SS: Sólidos solúveis (°Brix); CCF: Comprimento da corola da flor (cm); COF: Comprimento do fruto (cm); CPFR: Comprimento do pedúnculo do fruto (cm); CPI: Comprimento do pedúnculo da inflorescência (cm); DCC: Diâmetro da cavidade central (mm); DF: Diâmetro do fruto (cm); FF: Firmeza dos frutos (libras); NFP: Número de flores por pedúnculo; PF: Peso do fruto (kg); PFS: Peso fresco das sementes (g); PS: Peso fresco de 100 sementes (g); Vit C: Vitamina C (mg de ácido ascórbico x 100g de polpa); NFA: Número de frutos por axila; pH: concentração hidrogeniônica; NFCA: Número de frutos carpeloides aos 8 e 12 meses; AP: Altura da planta (m) aos 8 e 12 meses; CF: Comprimento da folha (cm) aos 8 e 12 meses; CI: Comprimento dos internódios (cm) aos 8 e 12 meses; CPF: Comprimento do pecíolo da folha (cm) aos 8 e 12 meses; DC: Diâmetro de caule (cm) aos 8 e 12 meses; LF: Largura da folha (cm) aos 8 e 12 meses; NFCO: Número de frutos comerciais aos 8 e 12 meses; NF: Número de frutos por planta aos 8 e 12 meses; S: selecionados, D: descartados.

Após a exclusão dos 12 descritores quantitativos menos informativos, foi realizada uma nova análise de componentes principais, utilizando informações dos 23 descritores selecionados. A maior parte da variação foi distribuída até o 10º componente principal, indicando 83,64% da variação relativa observada (Tabela 7), um incremento da ordem de 0,9% em relação à análise com todos

os descritores. Isso indica que o descarte dos descritores selecionados foi eficiente, uma vez que suas ausências não apresentaram perda significativa de informação.

Tabela 7. Estimativas dos autovalores e da variância relativa acumulada associadas aos componentes principais obtidas após a seleção dos descritores quantitativos avaliados nos 94 acessos de mamoeiro.

Componente	λ	λ (%)	λ (%) Acumulada	Componente	λ	λ (%)	λ (%) Acumulada
1	5,62	24,44	24,44	13	0,43	1,86	90,43
2	3,91	17,01	41,45	14	0,39	1,69	92,12
3	1,96	8,51	49,96	15	0,37	1,62	93,74
4	1,65	7,17	57,13	16	0,36	1,55	95,29
5	1,36	5,93	63,07	17	0,30	1,31	96,60
6	1,20	5,20	68,27	18	0,24	1,05	97,65
7	1,06	4,63	72,90	19	0,21	0,90	98,55
8	0,94	4,09	76,98	20	0,14	0,61	99,16
9	0,83	3,60	80,58	21	0,08	0,35	99,51
10	0,70	3,05	83,64	22	0,07	0,30	99,81
11	0,64	2,77	86,41	23	0,04	0,19	100,00
12	0,50	2,17	88,57				

As estimativas dos autovalores associados aos componentes principais e suas respectivas variâncias relativas acumuladas, explicaram 49,96% da variação total nos três primeiros componentes (Figura 3). Asudi et al. (2010) ao analisarem a diversidade morfológica existente no banco de germoplasma de mamoeiro do Quênia, observaram menor explicação da variação total nos três primeiros componentes principais (42,70%). Valores próximos em relação à variação total nos três primeiros componentes foram encontrados em estudos com guariroba (45,31%) e açazeiro (46,86%) (PINTO et al., 2010; OLIVEIRA; FERREIRA; SANTOS, 2006). Em contrapartida, Castro et al. (2012) constataram maior variação nos três primeiros componentes (67,17%) ao analisarem genótipos de maracujazeiro utilizando 20 descritores quantitativos referentes a planta, folhas, flores e frutos.

O componente principal 1 explicou 24,44% da variação total (Tabela 7), com destaque para a participação dos descritores relacionados às folhas do mamoeiro: LF8, LF12, CF8, COF e CPI (Tabela 8). A completa cobertura do

mamoeiro pelas folhas é uma característica importante para os programas de melhoramento, uma vez que elas protegem os frutos do sol, além de estarem relacionadas, diretamente, com o processo de fotossíntese. O componente 2, que explicou 17,01% da variância total, apresentou maior participação dos descritores NFA, NFCO8, NFCO12, CI8, CI12, AP12 e DCC. Nesse sentido, as sete características são de suma importância, pois os produtores visam variedades que apresentam alta produtividade de frutos, associada ao baixo porte da planta. Tais características favorecem os tratos culturais, a colheita e, conseqüentemente, a comercialização dos frutos, uma vez que estas atividades são efetuadas de maneira contínua nas lavouras, podendo se estender por dois ou três anos. Já o componente 3 foi responsável por explicar 8,51% da variância total, com maior destaque para os descritores CPFR, VITC e CPF12. Dentre as substâncias presentes na polpa do mamão destaca-se a vitamina C, característica que tem grande influência na qualidade do fruto.

Tabela 8. Identificação dos descritores que mais contribuíram para os primeiros três componentes principais, avaliados nos 23 descritores quantitativos selecionados por meio dos procedimentos de seleção direta e diagnóstico de multicolinearidade.

Descritor*	Componente Principal			Descritor	Componente Principal		
	1	2	3		1	2	3
NFCA8	0,61	2,24	7,09	VITC	1,14	0,10	13,10
NFA	1,29	11,47	5,10	AP12	2,86	9,14	4,57
pH	0,01	0,17	3,71	CF8	10,11	0,51	0,15
AT	2,07	0,56	0,04	CI8	0,84	10,51	0,03
CCF	5,41	3,47	3,82	CI12	3,17	9,56	0,64
COF	8,95	2,73	2,60	CPF8	4,47	6,16	0,30
CPFR	4,19	0,06	17,19	CPF12	7,08	1,45	8,63
CPI	8,25	0,46	4,05	LF8	11,68	0,86	0,33
DCC	2,82	9,10	2,53	LF12	11,82	0,23	5,60
DF	5,63	8,74	1,16	NFCO8	1,95	9,22	7,17
FF	0,29	0,67	6,31	NFCO12	1,28	11,15	1,80
NFP	4,09	1,42	4,08				

*NFCA8: Número de frutos carpelóides aos 8 meses; NFA: Número de frutos por axila; pH: concentração hidrogeniônica; AT: Acidez titulável; CCF: Comprimento da corola da flor; COF: Comprimento do fruto; CPFR: Comprimento do pedúnculo do fruto; CPI: Comprimento do pedúnculo da inflorescência; DCC: Diâmetro da cavidade central; DF: Diâmetro do fruto; FF: Firmeza dos frutos; NFP: Número de flores por pedúnculo; VITC: Vitamina C; AP12: Altura da planta aos 12 meses; CF8: Comprimento da folha aos 8 meses; CI8: Comprimento dos internódios aos 8 meses; CI12: Comprimento dos internódios aos 12 meses; CPF8: Comprimento do pecíolo da folha aos 8 meses; CPF12: Comprimento do pecíolo da folha aos 12 meses; LF8: Largura da folha aos 8 meses; LF12: Largura da folha aos 12 meses; NFCO8: Número de frutos comerciais aos 8 meses; NFCO12: Número de frutos comerciais aos 12 meses.

Descarte de descritores qualitativos

Em relação aos descritores qualitativos, do total de 35 avaliados, 18 (51,43%) foram recomendados para descarte por apresentarem nível de entropia de Shannon inferior a 0,50 (Tabela 9). São eles: coloração das flores (CF), uniformidade de distribuição de frutos (UDF), aroma da polpa (APO), sulcos na superfície do fruto (SSF), coloração dos lóbulos da corola (CLC), cor do pecíolo (CP), coloração do pedúnculo da inflorescência (COPI), forma da cavidade do limbo (FCL), forma da folha (FF), tipo de florescimento (TF), mudança do sexo da flor (MS), coloração da casca do fruto imaturo (CCFI), pelos (P), cera (C), textura da casca (TC), espessura da casca (EC), fibrose da polpa (FP) e formato da semente (FS).

Baixos valores para entropia indicam uma menor quantidade de classes fenotípicas para o descritor e uma maior inconsistência entre a proporção dos acessos nas diferentes classes fenotípicas (BRANDÃO et al., 2013).

A seleção dos descritores qualitativos foi consistente com o esperado, pois dentre as características remanescentes, o formato do fruto (FFR), formato da cavidade central (FCC), coloração da polpa (COP), consistência da polpa (CPO) e qualidade de mesa (QM), são importantes na descrição de uma variedade de mamoeiro, permitindo inclusive a classificação e destinação dos frutos de acordo com os diferentes tipos de mercado.

Tabela 9. Descritores qualitativos utilizados para avaliação dos 94 genótipos de mamoeiro, com suas respectivas categorias fenotípicas, frequência percentual e nível de entropia.

Descritor	Categorias	Freq (%)	Nível de entropia
Formato do fruto (FFR)	Globular	0,01	1,8
	Elíptico	0,06	
	Elongata	0,34	
	Alongado - cilíndrico	0,02	
	Forma de pera	0,25	
	Forma de clava	0,04	
	Forma de ameixa	0,07	
	Alongado - forma de pera	0,02	
	Oblongo - forma de pera	0,17	
	Oval - forma de pera	0,03	
Formato da cavidade central (FCC)	Irregular	0,19	1,43
	Arredondada	0,26	
	Angular	0,03	
	Formato aproximado de estrela	0,37	
	Estrela	0,15	
Coloração da semente (CS)	Bronze	0,05	1,36
	Cinza - amarelada	0,04	
	Cinza	0,49	
	Marrom - escuro	0,28	
	Preta	0,06	
	Variável	0,08	
Tipo de hermafroditismo (TH)	Muitas flores estéreis e poucas hermafroditas perfeitas; ausência de carpeloidia e pentandria.	0,63	1,06
	Poucas flores estéreis e muitas hermafroditas perfeitas; ausência de carpeloidia e pentandria.	0,20	
	Poucas flores estéreis e muitas hermafroditas perfeitas; poucas carpelóides e pentândricas.	0,01	
	Muitas flores hermafroditas perfeitas e poucas carpelóides e pentândricas.	0,08	
	Poucas flores hermafroditas perfeitas e muitas carpelóides e pentândricas.	0,07	
Densidade de flores na inflorescência (DFI)	Densa	0,46	1,00
	Média	0,39	
	Esparsa	0,15	

continua...

continuação...

Descritor	Categorias	Freq(%)	Nível de entropia
Forma dos bordos foliares (FBOF)	Reta	0,59	0,95
	Convexa	0,11	
	Côncava	0,29	
	Outras	0,01	
Coloração da polpa (COP)	Amarelo b	0,01	0,95
	Amarelo c	0,25	
	Amarelo d	0,12	
	Laranja a	0,63	
Densidade da inflorescência (DI)	Densa	0,11	0,94
	Média	0,53	
	Esparsa	0,36	
Consistência da polpa (CPO)	Firme	0,28	0,93
	Intermediária	0,59	
	Mole	0,13	
Qualidade de mesa (QM)	Boa	0,36	0,92
	Média	0,54	
	Ruim	0,10	
Quantidade de mucilagem da semente (QMS)	Quase ausente	0,07	0,84
	Pequena	0,29	
	Intermediária	0,64	
Cor do caule (CC)	Esverdeada	0,02	0,75
	Cinza claro	0,14	
	Arroxeadas	0,07	
	Outras	0,77	
Brilho da superfície da semente (BSS)	Opaco	0,01	0,74
	Intermediário	0,56	
	Brilhante	0,43	
Coloração da casca do fruto maduro (CCFM)	Amarelo b	0,01	0,72
	Amarelo c	0,62	
	Amarelo d	0,38	
Tecido placentar (TEC)	Pouco	0,29	0,65
	Intemediário	0,70	
	Muito	0,01	
Formato da base do fruto (FBAF)	Leve depressão	0,14	0,63
	Achatado	0,81	
	Inflado	0,01	
	Pontiagudo	0,04	
Pigmentação do caule (PC)	Parte basal	0,28	0,59
	Indiscriminada	0,72	

continua...

continuação...

Descritor	Categorias	Freq(%)	Nível de entropia
Coloração das flores (CF)	Branco	0,03	0,48
	Amarelo	0,86	
	Amarelo/verde com manchas arroxeadas	0,11	
Uniformidade de distribuição de frutos (UDF)	Uniforme	0,15	0,43
	Desuniforme	0,85	
Aroma da polpa (AP)	Suave	0,85	0,42
	Intermediária	0,15	
Sulcos na superfície do fruto (SSF)	Superficial	0,95	0,23
	Intermediário	0,04	
	Profundo	0,01	
Coloração dos lóbulos da corola (CLC)	Branco	0,05	0,21
	Creme	0,95	
Cor do pecíolo (CP)	Verde normal	0,05	0,21
	Verde com manchas arroxeadas	0,95	
Coloração do pedúnculo da inflorescência (CPI)	Esverdeado	0,95	0,20
	Púrpura	0,05	
Forma da cavidade do limbo (FCL)	Aberta	0,98	0,12
	Levemente aberta	0,01	
	Fechada	0,01	
Forma da folha (FF)	1 - catálogo	0,99	0,06
	6 - catálogo	0,01	
Tipo de florescimento (TF)	Flores isoladas	0,01	0,06
	Inflorescência	0,99	
Mudança de sexo da flor (MS)	Sem mudança de sexo	1,0	0
Coloração da casca do fruto imaturo (CCFI)	Verde b	1,0	0
Presença de pelos (P)	Ausência	1,0	0
Presença de cera (C)	Ausência	1,0	0
Textura da casca (TC)	Lisa	1,0	0
Espessura da casca (EC)	Fina	1,0	0
Fibrose da polpa (FP)	Ausente	1,0	0
Formato da semente (FS)	Esférico ou ovóide	1,0	0

Expressão dos descritores selecionados

A variação entre os acessos para os descritores selecionados (23 quantitativos e 17 qualitativos) foi representada por meio do gráfico de calor (Figura 4). As diferenças de tonalidade estão relacionadas com a capacidade de discriminação dos descritores e a dissimilaridade entre os acessos. Para os descritores quantitativos verificou-se uma maior variação na escala de cores, conforme observado para os acessos CMF 038, 060, 188, 011 em relação aos descritores CPF8, CPFR, pH e AT, respectivamente, que possuem cores variando de azul escuro até vermelho intenso.

De modo geral, as informações apresentadas no mapa de calor confirmam os resultados anteriores, nos quais verificou-se que os 40 descritores selecionados apresentam alta variação entre acessos, podendo ser utilizados para caracterizar os acessos de mamoeiro.

A etapa de caracterização dos acessos de BAGs é necessária para catalogar a variação existente e disponibilizá-las nos dados de passaporte, de modo que todos os descritores são avaliados. Entretanto, na conservação *in vivo* do BAG de mamão, os ensaios são plantados a cada 18 meses e novas avaliações dos acessos são realizadas. Nesse sentido, a redução do número de descritores avaliados pode otimizar a tomada de informações, diminuindo o tempo e os recursos humanos e financeiros. A utilização de descritores altamente discriminantes é importante para aumentar a eficiência da caracterização morfológica e explorar a variabilidade genética disponível (GIRALDO et al., 2010).

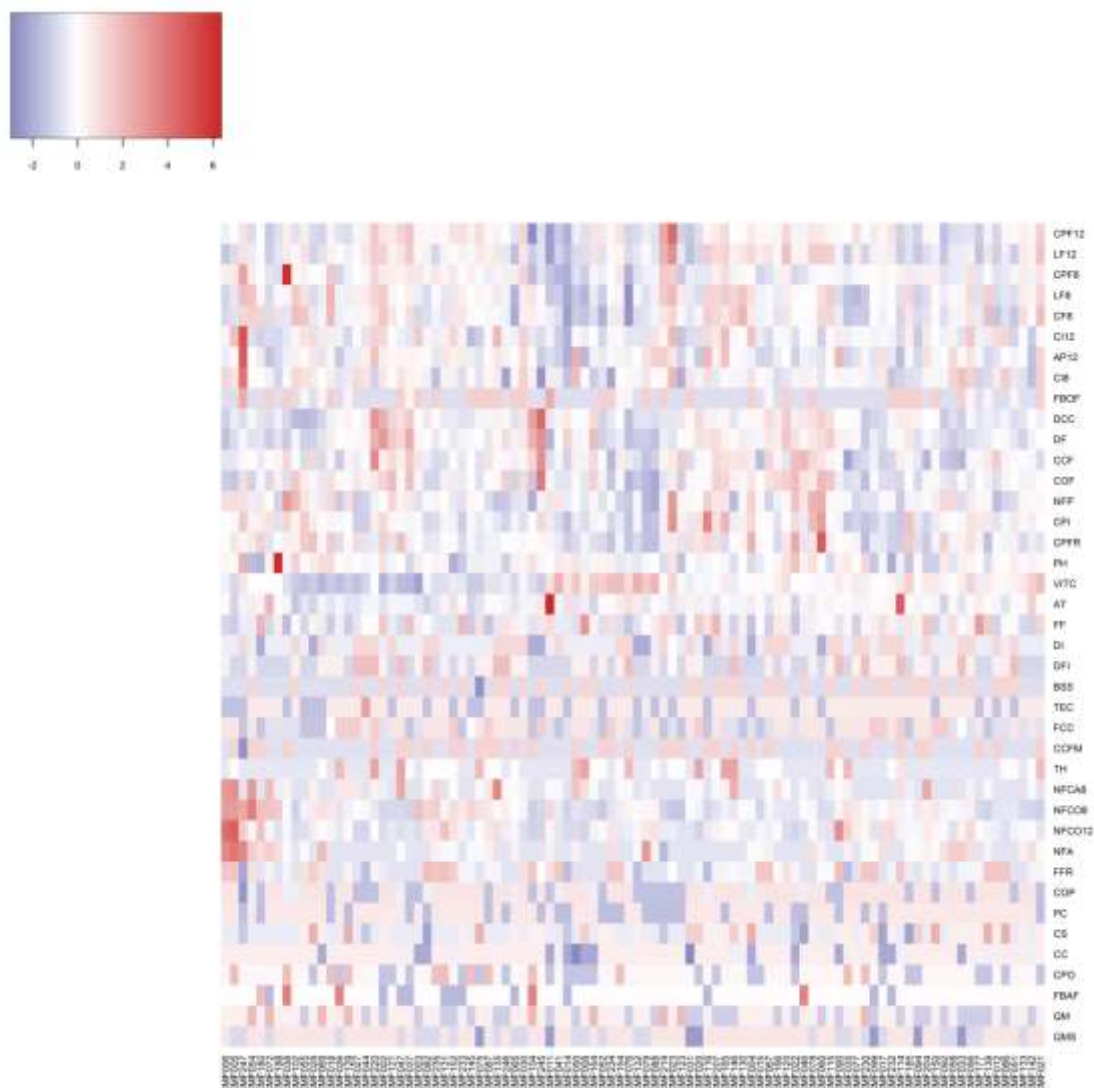


Figura 1. Representação gráfica da variação existente entre 94 acessos de mamoeiro avaliados por meio de 23 descritores quantitativos e 17 qualitativos. A escala de cores variando de azul a vermelho remete à diferença entre os acessos para cada descritor.

*CPF12: Comprimento do pecíolo da folha aos 12 meses; LF12: Largura da folha aos 12 meses; CPF8: Comprimento do pecíolo da folha aos 8 meses; LF8: Largura da folha aos 8 meses; CF8: Comprimento da folha aos 8 meses; CI12: Comprimento dos internódios aos 12 meses; AP12: Altura da planta aos 12 meses; CI8: Comprimento dos internódios aos 8 meses; FBOF: Forma dos bordos foliares; DCC: Diâmetro da cavidade central; DF: Diâmetro do fruto; CCF: Comprimento da corola da flor; COF: Comprimento do fruto; NFP: Número de flores por pedúnculo; CPI: Comprimento do pedúnculo da inflorescência; CPFR: Comprimento do pedúnculo do fruto; pH: concentração hidrogeniônica; VITC: Vitamina C; AT: Acidez titulável; FF: Firmeza dos frutos; DI: Densidade da inflorescência; DFI: Densidade de flores na inflorescência; BSS: Brilho da superfície da semente; TEC: Tecido placentar; FCC: Formato da cavidade central; CCFM: Coloração da casca do fruto maduro; TH: Tipo de hermafroditismo; NFCA8: Número de frutos carpeloides aos 8 meses; NFCO8: Número de frutos comerciais aos 8 meses; NFCO12: Número de frutos comerciais aos 12 meses; NFA: Número de frutos por axila; FFR: Formato dos frutos; COP: Coloração da polpa; PC: Pigmentação do caule; CS: Coloração da semente; CC: Cor do caule; CPO: Consistência da polpa; FBAF: Formato da base do fruto; QM: Qualidade de mesa; QMS: Quantidade de mucilagem na semente.

CONCLUSÕES

Foram selecionados 23 descritores quantitativos e 17 qualitativos mais informativos para quantificação da variabilidade genética dentro do BAG de mamão da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

O descarte de 42,86% dos descritores usualmente empregados na caracterização dos acessos de mamoeiro pode ser feito sem perdas significativas de informações da variabilidade genética existente entre os acessos.

REFERÊNCIAS

- ASUDI, G.O.; OMBWARA, F.K.; RIMBERIA, F.K.; NYENDE, A.B.; ATEKA, E.M.; WAMOCHO, L.S.; SHITANDA, D.; ONYANGO, A. Morphological diversity of Kenyan papaya germplasm. **African Journal of Biotechnology**, v.9, p.8754-8762, 2010.
- ALMEIDA, C. M. C. V.; DIAS, L. A. S.; OKABE, E. T.; MEDEIROS, J. R. P. Variability in genetic resources of cacao in Rondônia, Brazil. **Crop Breed Appl Biot**, v. 5, p. 318-324, 2005.
- BADILLO, V.M. *Carica L. vs Vasconcella St.-Hil. (Caricaceae)* con la rehabilitacion de este último. **Ernstia**, v.10, p.74-79, 2000.
- BADILLO, V.M. *Caricaceae*. **Revista de la Facultad de Agronomia-Alcance**, v.43, 111p, 1993.
- BRANDÃO, L. P.; SOUZA, C. P. F.; PEREIRA, V. M.; SANTOS-SEREJO, J. A.; LEDO, C. A. S.; AMORIM, E. P. Descriptor selection for banana accessions based on univariate and multivariate analysis. **Genetics and Molecular Research**, v.12, p. 1603-1620, 2013.
- CASTRO, J. A.; NEVES, C. G.; JESUS, O. N.; OLIVEIRA, E. J. Definition of morpho-agronomic descriptors for the characterization of yellow passion fruit. **Scientia Horticulturae**, v. 145, p. 17–22, 2012.
- CEAGESP. Companhia de Entrepósitos e Armazéns Gerais de São Paulo. **Programa brasileiro para modernização da horticultura**: normas de classificação do mamão. Disponível em: < <http://www.ceagesp.gov.br/wp-content/uploads/2015/07/mamao.pdf>>. Acesso em: 29. Agosto. 2018.
- CORTES, D. F. M.; SANTA-CATARINA, R.; AZEVEDO, A. O. N.; POLTRONIERI, T. P. S.; VETTORAZZI, J. C. F.; MOREIRA, N. F.; FERREGUETTI, G. A.; RAMOS, H. C.C.; VIANA, A. P.; PEREIRA, M. G. Papaya recombinant inbred lines selection by image-based phenotyping.

Scientia Agricola, v. 75, n. 3, p. 208-215, 2018.

DANTAS, J. L. L.; PINTO, R. M. S.; LIMA, J. F. de; FERREIRA, F. R. **Catálogo de germoplasma de mamão** (*Carica papaya* L.). Cruz das Almas, BA: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 40p., 2000. (Embrapa Mandioca e Fruticultura, Documentos, 94).

DIAS, N. L. P.; 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.

FAO. **Food and agriculture organization of the United Nations for a world without hunger**. Area harvested, yield and production in 2014/ FAOSTAT / FAO Statistics Division. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>>. Acesso em: 07. Fevereiro. 2018.

GIRALDO E, LÓPEZ-CORRALES M, HORMAZA JI. Selection of the most discriminating morphological qualitative variables for characterization of fig germplasm. **J Amer Soc Hort Sci**, v.135, p. 240–249, 2010.

IBGE. **Produção Agrícola Municipal**. 2015. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/estadosat/>>. Acesso em: 07. Fevereiro. 2018.

JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis; II. Realdata. **Applied Statistics**, v.22, p.21-31, 1973.

MARTINS, D. S.; COSTA, A. F. S. **A cultura do mamão: tecnologia e produção**. Vitória-ES: INCAPER, p. 59-102, 2003.

MADROÑERO, J.; RODRIGUES, S. P.; ANTUNES, T. F. S.; ABREU, P. M. V.; VENTURA, J. A.; FERNANDES, A. A. R.; FERNANDES, P. M. B. Transcriptome analysis provides insights into the delayed sticky disease symptoms in *Carica papaya*. **Plant Cell Reports**, v. 37, p. 967–980, 2018.

MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: J. Wiley, 504p, 1981.

OLIVEIRA, E. J.; OLIVEIRA FILHO, O. S.; SANTOS, V. S. Selection of the most informative morphoagronomic descriptors for cassava germplasm. **Pesq. agropec. bras**, v. 49, n. 11, p. 891-900, 2014.

OLIVEIRA, E. J.; DIAS, N. L. P.; DANTAS, J. L. L. Selection of morpho-agronomic descriptors for characterization of papaya cultivars. **Euphytica**, v. 185, p. 253–265, 2012.

OLIVEIRA, E. J.; OLIVEIRA, G.A. F.; COSTA, J. L.; OLIVEIRA, V. J. S.; DANTAS, A. C. V. L., DANTAS, J. L. L.; PÁDUA, J. G. Genetic diversity and marker-assisted inbreeding in papaya. **Scientia Horticulturae**, v. 147, p. 20-28, 2012.

OLIVEIRA, J. G.; VITÓRIA, A. P. Papaya: Nutritional and pharmacological characterization, and quality loss due to physiological disorders. An overview. **Food Research International**, v. 44, p. 1306–1313, 2011.

OLIVEIRA, M. S. P.; FERREIRA, D. F.; SANTOS, J. B. Seleção de descritores para caracterização de germoplasma de açaizeiro para produção de frutos. **Pesq. agropec. bras**, v. 41, n. 7, p. 1133-1140, 2006.

PINTO, J. F. N.; REIS, E. F.; FALEIRO, F. G.; BARBOSA, E. C. C.; NUNES, H. F.; PINTO, J. F. N. Seleção de descritores vegetativos para caracterização de acessos de guariroba (*Syagrus oleracea* (Mart.) Becc.). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.32, p.832-840, 2010.

R Development Core Team. R: A language and environment for statistical computing, reference index version 3.5.1. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, Available from, 2018.

RAMOS, H. C. C.; PEREIRA, M. G.; VIANA, A. P.; LUZ, L. N.; CARDOSO, D. L.; FERREGUETTI, G. A. 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.

RIVERA-PASTRANHA, D. M.; YAHIA, E. M.; GONZÁLEZ-AGUIAR, G. A. Phenolic and carotenoid profiles of papaya fruit (*Carica papaya* L.) and their contents under low temperature storage. **J Sci Food Agric**, v. 90, p. 2358-2365, 2010.

SILVA, W.C.J.; CARVALHO, S.I.C.; DUARTE, J.B. Identification of minimum descriptors for characterization of *Capsicum* spp. germplasm. **Horticultura Brasileira**, v. 31, p.190-202, 2013.

STRAPASSON, E.; VENCOVSKY, R.; BATISTA, L. A. R. Seleção de Descritores na Caracterização de Germoplasma de *Paspalum* sp. por meio de Componentes Principais. **Rev. bras. Zootec**, v. 29, n. 2, p. 373-381, 2000.

ZHANG, Z.; GRABCHAKT, M. Entropic Representation and Estimation of Diversity Indices. *Journal of Nonparametric Statistics*, v. 28, p. 563-575, 2016.

ARTIGO 2

**DIVERSIDADE GENÉTICA EM GERMOPLASMA DE MAMOEIRO COM BASE EM
DESCRITORES QUALITATIVOS E QUANTITATIVOS**

Diversidade genética em germoplasma de mamoeiro com base em descritores qualitativos e quantitativos

Resumo: O objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade genética de acessos de mamoeiro baseado na análise conjunta de descritores qualitativos e quantitativos. Foram caracterizados 94 acessos pertencentes ao banco ativo de germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura com uso de 23 descritores quantitativos e 17 qualitativos. As análises foram realizadas com base no método Ward-MLM, onde de acordo com os critérios do *pseudo-F*, *pseudo-t²* e máxima verossimilhança, foram identificados três grupos. A probabilidade máxima de alocação dos acessos dentro de cada grupo variou entre 99 e 100% para 92 acessos, indicando a eficiência do agrupamento. Os grupos 1, 2 e 3 foram formados por 38, 39 e 17 acessos, respectivamente. Em função das distâncias entre pares de grupos, observou-se que os grupos 1 e 3 foram os mais divergentes e os grupos 1 e 2 os mais similares. Os descritores quantitativos relacionados aos frutos foram os que mais contribuíram para indicar a diversidade genética existente entre os acessos. Em relação aos descritores qualitativos, 94,1% apresentaram três ou mais classes, sendo considerados altamente informativos. Apesar das classes que descrevem grande parte dos descritores estarem presentes nos três agrupamentos, pode-se atribuir o predomínio de determinadas características morfológicas aos grupos formados. O método de Ward-MLM possibilitou identificar a diversidade genética existente entre os acessos de mamoeiro, que poderá ser explorada em programas de melhoramento da cultura.

Palavras-chave: *Carica papaya* L., recursos genéticos, variáveis canônicas, Ward-MLM.

Genetic diversity in papaya germplasm based on qualitative and quantitative descriptors

Abstract: The goal of this research was to estimate the genetic diversity of accessions of papaya analyzing together qualitative and quantitative descriptors. A total of 23 quantitative and 17 qualitative descriptors was used to characterize 94 accessions belonging to the papaya germplasm bank of Embrapa Mandioca e Fruticultura. The analyzes were performed based on the Ward-MLM method, where according to the criteria of pseudo-F, pseudo-t² and maximum likelihood, three groups were defined. The maximum probability of accession allocation within each group varied between 99 and 100% for 92 accessions, indicating the efficiency of the clustering. Groups 1, 2 and 3 were composed by 38, 39 and 17 accessions, respectively. As a function of the distances between pairs of groups, it was observed that groups 1 and 3 were the most divergent and groups 1 and 2 were the most similar. The quantitative descriptors related to the fruits had higher contribution to the genetic diversity estimated between the accessions. Regarding the qualitative descriptors, 94.1% presented three or more classes, being considered highly informative. Although the classes that describe most of the descriptors are present in the three groups, the predominance of certain morphological traits can be attributed to the formed groups. The Ward-MLM method was efficient to estimate the genetic diversity existing between the accessions of papaya, which could be explored in the breeding programs of the crop.

Keywords: *Carica papaya* L., plant genetic resources, canonical variables, Ward-MLM.

INTRODUÇÃO

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) é uma das fruteiras mais cultivadas e consumidas nas regiões tropicais e subtropicais (CHEN et al., 2007). No ano de 2017, o Brasil se destacou com produção de 1,05 milhões de toneladas da fruta, sendo apenas superado pela Índia, com produção de 5,94 milhões de toneladas (FAO, 2019). Entre os estados brasileiros que produzem mamão destacaram-se, no ano agrícola de 2017, o Espírito Santo com uma produção de 317.754 toneladas, seguido pelo Rio Grande do Norte com 288.141 toneladas, Bahia com 232.406 toneladas e Ceará com 41.497 toneladas (IBGE, 2019). O valor da produção de frutíferas teve um acréscimo de 26,0%, de modo que seis principais produtos concentram 73,2% do valor da produção nacional, sendo eles: laranja (25,1%), banana (25,0%), abacaxi (7,3%), uva (6,4%), maçã (5,0%) e mamão (4,4%) (IBGE, 2018).

As variedades de mamoeiro mais cultivadas no Brasil são classificadas em dois grupos: Solo e Formosa (RUGGIEIRO et al., 2011). Em função do número restrito de variedades para o plantio comercial, a cultura apresenta uma base genética estreita que influencia, negativamente, sua expansão (OLIVEIRA et al., 2010). As plantas ficam mais susceptíveis a doenças, pragas e intempéries climáticas, comprometendo o bom desenvolvimento das lavouras (DIAS et al., 2011). Uma opção plausível para alterar esse cenário é o desenvolvimento de híbridos oriundos de diferentes grupos heteróticos (IDE et al., 2009) que agreguem resistência genética aos principais patógenos e insetos-pragas, além de maior estabilidade de produção nas diferentes regiões de cultivo do mamoeiro. Para tanto, é importante que se conheça o potencial do germoplasma disponível para uma melhor exploração da sua diversidade (BERTAN et al., 2009).

A Embrapa Mandioca e Fruticultura, localizada em Cruz das Almas, BA, Brasil, possui um banco de germoplasma de mamoeiro (BAG-Mamão) composto por 94 acessos da espécie *Carica papaya* L. A conservação dos acessos é feita *in vivo* sob condições de campo e por meio de armazenamento de sementes em câmara fria (10°C). O armazenamento de sementes do banco de germoplasma é realizado a cada dois anos, ou seja, quando os ensaios para conservação dos acessos do BAG são renovados. Como o mamoeiro é uma planta predominantemente autógama, mas com possibilidade de fecundação cruzada, alguns procedimentos são realizados para

garantir a identidade genética dos acessos durante a conservação no BAG. Para isso, uma média de três plantas de cada acesso são selecionadas, de modo que algumas flores são protegidas para evitar a polinização cruzada, por conseguinte, a autofecundação é realizada. Após a formação dos frutos oriundos de flores protegidas, as sementes são extraídas e armazenadas, as quais darão origem ao próximo ensaio de conservação do BAG de mamão.

A caracterização do germoplasma pode ser realizada por meio de lista de descritores morfológicos, agronômicos, marcadores moleculares, entre outros. Independente do método utilizado, o importante é que os resultados possibilitem uma boa distinção dos acessos, permitindo a identificação de duplicatas e acessos com características que possam ser relevantes (COSTA et al., 2009). No caso do mamoeiro, uma lista com diversos descritores morfológicos e agronômicos tem sido utilizada para a caracterização de acessos de germoplasma e de variedades (DANTAS et al., 2000). Estes descritores baseiam-se em caracteres fenotípicos, envolvendo características quantitativas e qualitativas.

Entre os diversos algoritmos multivariados utilizados para quantificar a diversidade genética entre plantas, o método de Ward-MLM (*Modified Location Model*) proposto por Franco et al. (1998) se destaca por possibilitar análises simultâneas de variáveis quantitativas e qualitativas, além de informações moleculares (SUDRÉ et al., 2010). Os acessos submetidos à referida análise são separados em grupos de acordo com suas similaridades, indicando a probabilidade de adesão de cada acesso a um grupo específico.

A praticidade de obtenção de informações sobre a diversidade genética baseadas em caracteres quantitativos, qualitativos e moleculares tem aumentado o número de trabalhos com a exploração do método de Ward-MLM. A aplicação desse método se estende a diversas culturas como feijão (BARBÉ et al., 2010), sorgo sacarino (SANTOS et al., 2018), entre outras, e também à quantificação da variabilidade genética de acessos de bancos de germoplasma (KUROSAWA et al., 2017) e de genótipos melhorados (RODRIGUES et al., 2016). Nestes trabalhos, o número de genótipos, assim como o número de características quantitativas e qualitativas e moleculares, quando utilizadas, é diverso, no entanto, os resultados são consistentes e geram grupos com alta dissimilaridade. Para a cultura da banana da

terra, que possui uma base genética estreita, o método de Ward-MLM possibilitou a formação de grupos divergentes (GONÇALVES et al., 2018).

Considerando a importância da quantificação da diversidade genética no banco de germoplasma de mamão da Embrapa Mandioca e Fruticultura, o objetivo deste estudo foi quantificar a diversidade genética entre os acessos de mamoeiro baseado na análise conjunta de descritores qualitativos e quantitativos.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 94 acessos de mamoeiro (*Carica papaya* L.), pertencentes ao banco ativo de germoplasma de mamoeiro (BAG-Mamão) da Embrapa Mandioca e Fruticultura (Cruz das Almas, Bahia), procedentes do Brasil e de vários outros países (Tabela 1). No entanto, não foi possível a identificação do local de origem de todos os acessos, devido à falta de informações nos dados de passaporte. Dos 94 acessos, 34 produzem fruto do tipo Solo e 60 do tipo Formosa.

Tabela 1. Identificação e origem dos 94 acessos pertencentes ao Banco de Germoplasma de Mamão da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

Acessos	Tipo de fruto	Sistema reprodutivo	País
CMF 002	Formosa	Ginodióico	Costa Rica
CMF 003	Formosa	Ginodióico	Taiwan
CMF 004	Formosa	Ginodióico	Havaí
CMF 005	Solo	Ginodióico	Havaí
CMF 006	Solo	Ginodióico	Havaí
CMF 008	Formosa	Ginodióico	Malásia
CMF 011	Formosa	Ginodióico	Costa Rica
CMF 012	Solo	Ginodióico	Malásia
CMF 014	Solo	Ginodióico	Malásia
CMF 015	Formosa	Ginodióico	Malásia
CMF 017	Formosa	Ginodióico	Taiwan
CMF 018	Formosa	Ginodióico	Taiwan
CMF 020	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 021	Solo	Ginodióico	Taiwan
CMF 022	Formosa	Ginodióico	Malásia
CMF 023	Formosa	Trióico	Malásia

continua...

...continuação

Acessos	Tipo de fruto	Sistema reprodutivo	País
CMF 026	Formosa	Ginodióico	Taiwan
CMF 027	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 028	Formosa	Ginodióico	Costa Rica
CMF 030	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 031	Formosa	Ginodióico	Costa Rica
CMF 033	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 035	Solo	Ginodióico	NR
CMF037	Solo	Ginodióico	NR
CMF 038	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 041	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 044	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 046	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 047	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 050	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 051	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 052	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 054	Formosa	Ginodióico	Havaí
CMF 055	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 056	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 058	Solo	Ginodióico	Havaí
CMF 060	Formosa	Ginodióico	Havaí
CMF 065	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 066	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 067	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 069	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 072	Solo	Ginodióico	NR
CMF 075	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 076	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 077	Solo	Ginodióico	Havaí
CMF 078	Solo	Ginodióico	NR
CMF 079	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 082	Solo	Ginodióico	África-do-Sul
CMF 087	Solo	Ginodióico	Havaí
CMF 088	Solo	Ginodióico	Havaí
CMF 090	Solo	Ginodióico	NR
CMF 092	Solo	Ginodióico	Havaí
CMF 094	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 099	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 102	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 104	Solo	Ginodióico	NR

continua...

...continuação

Acessos	Tipo de fruto	Sistema reprodutivo	País
CMF 114	Formosa	Ginodióico	África do Sul
CMF 115	Formosa	Ginodióico	África do Sul
CMF 116	Solo	Ginodióico	África do Sul
CMF 120	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 121	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 123	Formosa	Ginodióico	Tailândia
CMF 129	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 130	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 131	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 132	Solo	Ginodióico	Havaí
CMF 133	Formosa	Ginodióico	Havaí
CMF 135	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 139	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 142	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 145	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 146	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 150	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 152	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 154	Formosa	Ginodióico	Guatemala
CMF 164	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 165	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 166	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 177	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 180	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 185	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 188	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 204	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 207	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 219	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 220	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 230	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 232	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 233	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 234	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 235	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 245	Formosa	Trióico	Nicarágua
CMF 246	Formosa	Trióico	Brasil
CMF 247	Formosa	Ginodióico	Brasil

Legenda: NR - Acessos não referenciados.

O ensaio foi instalado em Cruz das Almas, BA, Brasil, na área experimental da Embrapa Mandioca e Fruticultura (12°48'38"S e 39°6'26"W). Utilizou-se o delineamento em blocos completos casualizados, com duas repetições. As parcelas foram constituídas por duas linhas com seis plantas cada. O plantio foi realizado no espaçamento de 2,0 x 2,0 m, seguindo-se todos os tratos culturais recomendados para a cultura (MARTINS; COSTA, 2003).

A avaliação foi realizada com uso de 23 descritores quantitativos e 17 qualitativos (Tabela 2) que fazem parte da lista de descritores proposta para o mamoeiro (DANTAS et al., 2000). Esses descritores foram selecionados por representarem de forma eficiente a variabilidade genética e por proporcionarem maior discriminação dos acessos do BAG de mamão Embrapa Mandioca e Fruticultura (OLIVEIRA et al., 2018 – dados não publicados).

Para os dados quantitativos, foi realizada análise de variância e obtidas as médias ajustadas. Essa análise foi realizada com auxílio do pacote *easynova* (ARHNOLD, 2013), implementado no software R versão 3.5.1 (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2018). Já os dados qualitativos foram classificados de acordo com o número de classes apresentadas.

Os dados quantitativos e qualitativos foram analisados, simultaneamente utilizando-se o procedimento Ward-MLM. O método de agrupamento de Ward foi obtido por meio da matriz de distância utilizando como medida de dissimilaridade a distância de Gower (1971). O número ideal de grupos foi definido com base nos critérios *pseudo-t²*, *pseudo-F* e na função logarítmica da probabilidade Log-likelihood.

Os dados quantitativos foram submetidos à análise discriminante por variáveis canônicas usando o procedimento CANDISC do SAS (SAS Institute, 2017).

Após o estabelecimento do número de grupos pelo método de Ward-MLM, a dispersão fenotípica de cada grupo foi apresentada por meio dos gráficos boxplots. Esses gráficos foram elaborados com auxílio do software R versão 3.5.1 (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2018), utilizando-se os pacotes computacionais *ggplot2*, *gridExtra*, *rgl* e *ellipse*.

Tabela 2. Descritores quantitativos e qualitativos utilizados na caracterização de 94 acessos de mamoeiro.

Partes da planta	Qualitativos	Abrev.	Quantitativos	Abrev.
Planta	Cor do caule	CC	Altura da planta (m) aos 12 meses	AP12
	Pigmentação do caule	PC	Comprimento dos internódios (cm) aos 8 e 12 meses	CI8/CI12
	Tipo de hermafroditismo	TH		
Folhas	Forma dos bordos foliares	FBOF	Largura da folha (cm) aos 8 e 12 meses	LF8/LF12
			Comprimento da folha (cm) aos 8 meses	CF8
			Comprimento do pecíolo da folha (cm) aos 8 e 12 meses	CPF8/CPF12
Flores	Densidade da inflorescência no caule	DI	Número de flores por pedúnculo	NFP
	Densidade de flores na inflorescência	DFI	Comprimento do pedúnculo da inflorescência (cm)	CPI
			Comprimento da corola da flor (cm)	CCF
Frutos	Formato dos frutos	FFR	Número de frutos comerciais aos 8 e 12 meses	NFCO8/NFCO12
	Coloração da casca do fruto maduro	CCFM	Comprimento do pedúnculo do fruto (cm)	CPFR
	Formato da base do fruto	FBAF	Comprimento do fruto (cm)	COF
	Formato da cavidade central	FCC	Diâmetro do fruto (cm)	DF
	Coloração da polpa	COP	Firmeza dos frutos (libras)	FF
	Consistência da polpa	CPO	Diâmetro da cavidade central (mm)	DCC
	Tecido placentar	TEC	Acidez titulável (% ácido nítrico)	AT
	Qualidade de mesa	QM	Vitamina C (mg de ácido ascórbico x 100g de polpa)	Vit C
			Concentração hidrogeniônica	pH
			Número de frutos por axila	NFA
		Número de frutos carpelóides aos 8 meses	NFCA8	
Sementes	Coloração da semente	CS		
	Brilho da superfície da semente	BSS		
	Quantidade de mucilagem na semente	QMS		

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O procedimento Ward-MLM indicou, de acordo com os critérios *pseudo-F* e *pseudo-t²*, a formação de três grupos de diversidade em função do valor máximo do incremento da função de verossimilhança (Figura 1). A probabilidade de alocação dos acessos nos grupos está apresentada na Tabela 3 e dos 94 acessos avaliados, 92

(97,8%) apresentaram entre 99 e 100% de probabilidade de alocação em seus respectivos grupos. Apenas os acessos CMF017 e CMF207 apresentaram probabilidade de alocação inferior, com 82% e 96% respectivamente, ambos no grupo dois.

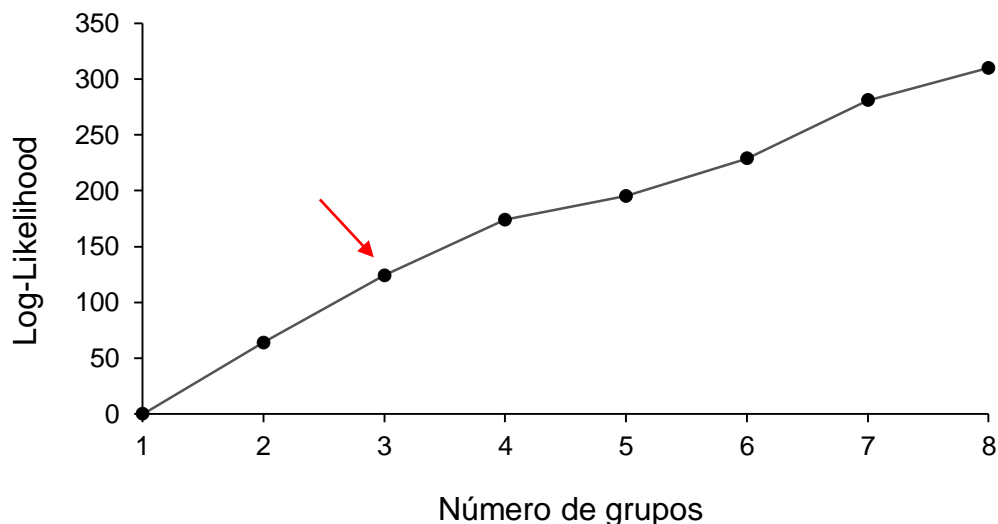


Figura 1. Gráfico da função logarítmica de likelihood (Log-Likelihood) para o número de grupos formado por meio do método de Ward-MLM obtido da avaliação de 94 acessos de mamoeiro.

O número de grupos definidos pela metodologia de Ward-MLM sofre variações em função da espécie em estudo, do número de acessos analisados, número e tipo de descritores utilizados. Além dos fatores citados, a base genética da espécie é um fator determinante na formação de grupos com maior diversidade (GONÇALVES et al., 2018), e que, somente métodos com alta capacidade de detecção de variabilidade genética, como o método de Ward-MLM, são capazes de alocar acessos com maior similaridade genética dentro de grupos, maximizando a distância entre grupos.

Campos et al. (2013), avaliando a diversidade existente entre 138 acessos de goiabeira por meio de cinco descritores qualitativos e oito quantitativos, observaram que o maior incremento na função logarítmica indicou a formação de oito grupos. Outro trabalho de mesma natureza foi desenvolvido por Oliveira et al. (2015) onde foram caracterizados 95 acessos de mandioca por meio de 35 descritores qualitativos e 13 quantitativos, com a constituição de quatro grupos. Por sua vez, Gonçalves et al. (2009) ao analisarem a diversidade genética entre 40 acessos de tomateiro com

auxílio de 22 descritores morfoagronômicos e 131 marcadores moleculares, observaram o maior incremento na função da probabilidade na formação de cinco grupos.

Tabela 3. Agrupamento formado pela estratégia Ward-MLM utilizando dados quantitativos e qualitativos em acessos de germoplasma de mamão e probabilidade de alocação dos acessos nos grupos estabelecidos.

Grupo	Número de acessos	Probabilidade de alocação	Acessos			
1	38	(0,9975 – 1,0000)	CMF005	CMF006	CMF008	CMF012
			CMF015	CMF018	CMF030	CMF037
			CMF041	CMF046	CMF051	CMF054
			CMF055	CMF065	CMF067	CMF069
			CMF072	CMF075	CMF078	CMF087
			CMF115	CMF121	CMF129	CMF131
			CMF132	CMF135	CMF139	CMF145
			CMF146	CMF150	CMF154	CMF164
			CMF180	CMF204	CMF230	CMF232
			CMF233	CMF246		
2	39	(0,8220 – 1,0000)	CMF002	CMF003	CMF004	CMF011
			CMF014	CMF017	CMF021	CMF022
			CMF026	CMF028	CMF031	CMF033
			CMF038	CMF047	CMF050	CMF076
			CMF077	CMF079	CMF082	CMF088
			CMF090	CMF092	CMF094	CMF099
			CMF102	CMF104	CMF114	CMF120
			CMF123	CMF130	CMF152	CMF166
			CMF177	CMF185	CMF188	CMF207
			CMF219	CMF245	CMF247	
3	17	(0,9977 – 1,0000)	CMF020	CMF023	CMF027	CMF035
			CMF044	CMF052	CMF056	CMF058
			CMF060	CMF066	CMF116	CMF133
			CMF142	CMF165	CMF220	CMF234
			CMF235			

O grupo 1 foi formado por 38 acessos (Tabela 3), sendo 16 acessos do tipo Solo e 22 do tipo Formosa. Os acessos que compõe esse grupo apresentaram, em média, maior número de NFA, associados também ao maior número de NFCO8 e NFCO12 (Figura 2). Por outro lado, os acessos desse grupo apresentaram, em média, os menores valores do CCF, COF, DF e LF12. A precocidade e a alta produção de frutos são fatores fundamentais que o produtor leva em consideração para a adoção de uma determinada variedade. Nesse sentido, os acessos do grupo 1 possuem potencial para gerar populações segregantes com maior precocidade e alta produção.

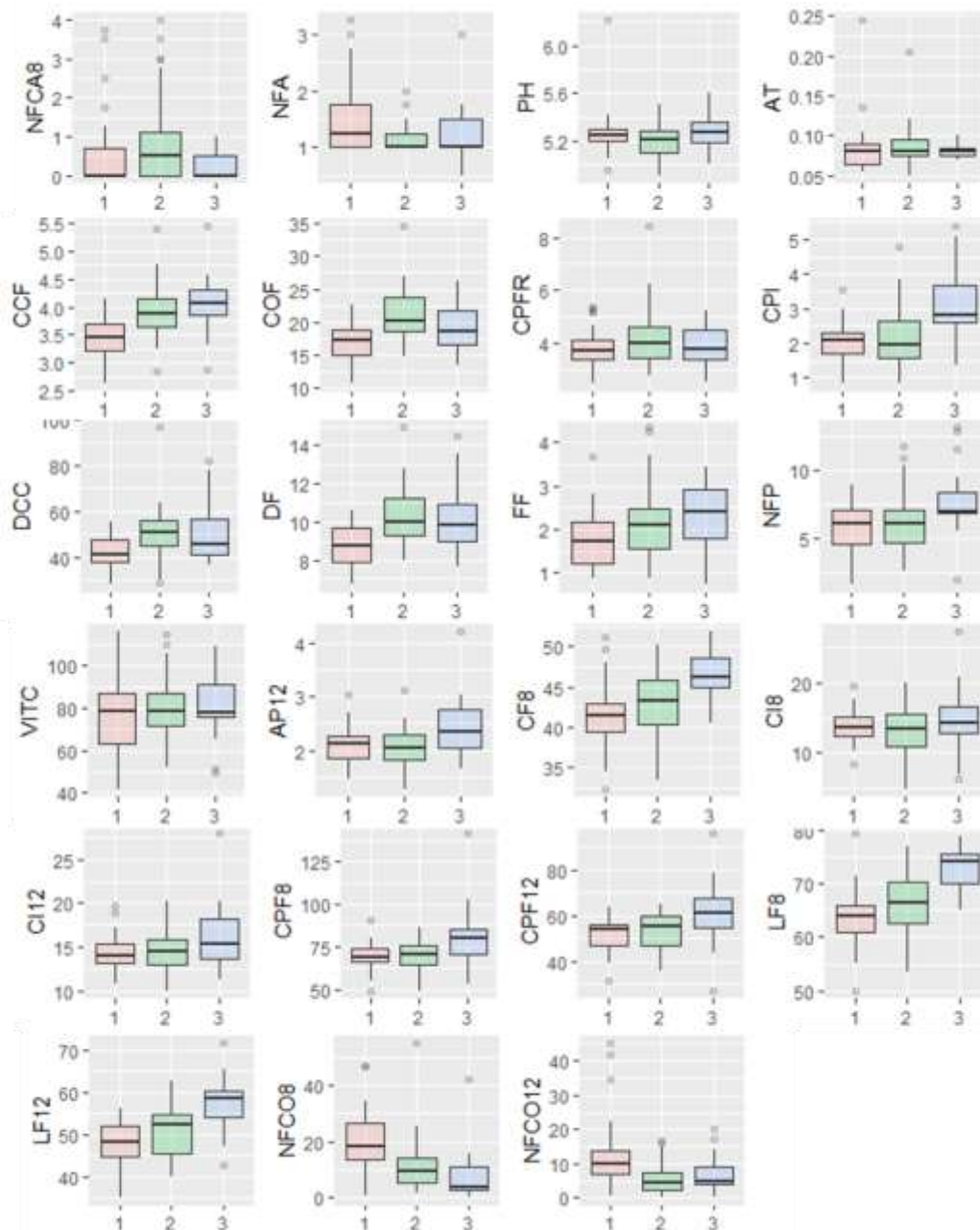


Figura 2. Representação gráfica da distribuição e dispersão dos valores médios das características quantitativas, para cada agrupamento formado pela estratégia Ward-MLM em acessos de germoplasma de mamão.

* NFCA8: Número de frutos carpelóides aos 8 meses; NFA: Número de frutos por axila; pH: Potencial hidrogeniônico; AT: Acidez titulável (% ácido cítrico); CCF: Comprimento da corola da flor (cm); COF: Comprimento do fruto (cm); CPF8: Comprimento do pedúnculo do fruto (cm); CPI: Comprimento do pedúnculo da inflorescência (cm); DCC: Diâmetro da cavidade central (mm); DF: Diâmetro do fruto (cm); FF: Firmeza dos frutos (kg); NFP: Número de flores por pedúnculo; VITC: Vitamina C (mg de ácido ascórbico x 100g de polpa); AP12: Altura da planta aos 12 meses (m); CF8: Comprimento da folha aos 8 meses (cm); C18: Comprimento dos internódios aos 12 meses (cm); CPF8: Comprimento do pecíolo da folha aos 8 meses (cm); CPF12: Comprimento do pecíolo da folha aos 12 meses (cm); LF8: Largura de folha aos 8 meses (cm); LF12: Largura de folha aos 12 meses (cm); NFCO8: Número de frutos comerciais aos 8 meses; NFCO12: Número de frutos comerciais aos 12 meses.

O grupo 2 alocou 39 acessos, os quais apresentaram maior variação para as médias referentes ao NFCA8 e COF, o oposto observado em NFCO12 e NFA, para as quais foram observadas baixa variação nos valores médios (Figura 2). Houve maior predomínio de acessos produtores de frutos do tipo Formosa nesse grupo (71,8%), corroborando com as maiores médias para COF. De acordo com Dias et al. (2011), o mercado externo tem preferência por frutos menores, com variação de peso entre 300 a 650 gramas para frutos do grupo Solo, entretanto, para o grupo Formosa, a demanda é por frutos de tamanho médio, com peso variando entre 1.000 a 1.300 gramas. Trata-se de híbridos comerciais que vêm ganhando espaço nos mercados nacional e internacional (DIAS et al., 2011; OLIVEIRA et al., 2011).

O grupo 3 foi composto por 17 acessos, sendo sete do tipo Solo e dez do tipo Formosa. Os acessos desse grupo, de modo geral, apresentaram maiores valores médios para CPI, NFP, AP12, CF8, CPF8, CPF12, LF8, LF12 (Figura 2). Por outro lado, para NFCO8 foi observado os menores valores médios. Além disso, foram observados nesse grupo os maiores valores para o teor de VITC (81,43mg). O teor de vitamina C presente na polpa do mamão imaturo varia entre 44 e 48 mg de ácido ascórbico para cada 100g de polpa, podendo duplicar durante o amadurecimento (WILLS; WIDJANARKO, 1995). Sendo assim, o valor de vitamina C encontrado está dentro do esperado, uma vez que todos os frutos foram avaliados no estágio cinco de maturação.

A distribuição dos descritores qualitativos entre os três grupos formados não indicou um grupo de descritores específicos que melhor caracteriza determinados agrupamentos (Tabela 4). Cabral et al. (2010), ao analisaram 57 acessos de feijoeiro com base em 26 descritores agrônômicos, morfológicas e moleculares, observaram entre os cinco grupos formados, uma distribuição homogênea entre as diversas classes dos descritores morfológicos. O mesmo foi observado por Oliveira et al. (2015) ao analisarem 95 acessos de mandioca utilizando 13 características contínuas, 10 binárias e 25 multcategóricas.

Apesar das classes que descrevem grande parte dos descritores estarem presentes nos três agrupamentos, pode-se atribuir o predomínio de determinadas características morfológicas aos grupos formados.

A dominância do formato dos frutos (FFR) que compuseram o grupo 1 foi o alongata, seguido por oblongo e forma de pera. O formato da cavidade central (FCC)

dos frutos apresentou maior variação entre a configuração aproximado de estrela e irregular. Frutos com consistência de polpa (CPO) intermediária predominaram nesse grupo (Tabela 4). A consistência da polpa, assim como a firmeza do fruto está relacionada com o grau de maturação. Frutos maduros apresentam menor firmeza e são menos resistentes ao manuseio, transporte e armazenamento (FAGUNDES; YAMANISHI, 2001).

Houve predominância de frutos com a base achatada (FBAF) para os acessos que compuseram o grupo 2, além de valores intermediários para quantidade de tecido placentar (TEC), quantidade de mucilagem na semente (QMS) e consistência da polpa (CPO). A coloração da polpa (COP) em destaque foi “laranja a” (56%) e grande parte das plantas (51,3%) apresentaram média densidade de flores na inflorescência (DFI) (Tabela 4). Vale ressaltar que os frutos que apresentam cor de polpa mais intensa são preferidos pelo consumidor.

Para o grupo 3, houve predominância de acessos com pigmentação do caule (PC) indiscriminada, forma dos bordos foliares (FBOF) reta, coloração da casca do fruto maduro (CCFM) “amarelo c” e formato da base do fruto (FBAF) achatado.

Observou-se que, de um total de 17 descritores qualitativos selecionados, apenas PC apresentou duas classes, seguidos por 8 (47,06%) que apresentaram três classes e 8 (47,06%) apresentando quatro ou mais classes (COP, FBAF, FBOF, CC, FCC, TH, CS e FFR), sendo considerados altamente informativos (Figura 3). O descritor formato do fruto (FFR) apresentou o maior número de classes durante a avaliação dos 94 acessos. Trata-se de uma variação interessante para o programa de melhoramento, uma vez que a seleção do formato do fruto ideal além de influenciar no peso, é de suma importância quando se refere ao transporte da produção e preferência do consumidor.

Tabela 4. Distribuição dos acessos de mamão entre os três grupos formados, com base nos descritores qualitativos.

Descritor	Classe	G1 (38)	G2 (39)	G3 (17)
CC	Esverdeada		2	
	Cinza claro	4	9	
	Arroxeadas	2	4	1
	Outras	32	24	16
PC	Parte basal	11	12	4
	Indiscriminada	27	27	13
FBOF	Reta	19	23	13
	Convexa	8	1	1
	Côncava	11	13	3
	Outras		2	
FFR	Globular		1	
	Elíptico	1	1	3
	Elongata	13	14	4
	Alongado - cilíndrico		2	
	Forma de pera	8	10	5
	Forma de clava	2	1	1
	Forma de ameixa	4	2	
	Alongada - forma de pera		2	
	Oblongo - forma de pera	9	3	3
	Oval - forma de pera	1	2	
	Acesso com dado perdido		1	1
		Muitas flores estéreis e poucas flores hermafroditas perfeitas; ausência de carpeloidia e pentandria.	21	26
	Poucas flores estéreis e muitas flores hermafroditas perfeitas; ausência de capeloidia e pentandria.	10	6	2
TH	Poucas flores estéreis, muitas flores hermafroditas e poucas carpelóides e pentândricas.		1	
	Muitas flores hermafroditas perfeitas e poucas carpelóides e pentândricas.	2	4	1
	Poucas flores hermafroditas perfeitas e muitas carpelóides e pentândricas.	2	1	3
	Acesso com dado perdido	3	1	3

continua....

...continuação

Descritor	Classe	G1 (38)	G2 (39)	G3 (17)
DI	Densa	2	5	2
	Média	20	20	9
	Esparsa	16	14	5
	Acesso com dado perdido			1
DFI	Densa	15	20	8
	Média	18	13	5
	Esparsa	5	6	3
	Acesso com dado perdido			1
CCFM	Amarelo b		1	
	Amarelo c	23	22	12
	Amarelo d	14	16	6
FBAF	Leve depressão	6	4	2
	Achatado	30	30	16
	Inflado	1		
	Pontiagudo	1	3	
	Acesso com dado perdido		1	
FCC	Irregular	10	7	2
	Arredondada	5	12	6
	Angular	2	1	
	Formato aproximado de estrela	18	12	5
	Estrela	3	7	4
COP	Amarelo b		1	
	Amarelo c	8	10	6
	Amarelo d	5	5	1
	Laranja a	25	23	10
CPO	Firme	9	14	2
	Intermediária	21	23	13
	Mole	8	2	2
TEC	Pouco	12	12	4
	Intermediário	26	27	12
	Muito			1
QM	Boa	8	18	7
	Média	24	18	10
	Ruim	6	3	
CS	Bronze	1	3	
	Cinza - amarelada		4	1
	Cinza	22	18	6
	Marrom - escuro	9	9	8
	Preta	1	3	2
	Variável	4	2	1

continua...

...continuação

Descritor	Classe	G1 (38)	G2 (39)	G3 (17)
BSS	Opaco	1		
	Intermediário	21	21	12
	Brilhante	16	18	5
QMS	Quase ausente	1	5	1
	Pequena	9	12	6
	Intermediária	28	22	10

* CC = Cor do caule; PC = Pigmentação do caule; FBOF = Forma dos bordos foliares; FFR = Formato do fruto; TH = Tipo de hermafroditismo; DI = Densidade de inflorescência; DFI = Densidade de flores na inflorescência; CCFM= Coloração da casca do fruto maduro; FBAF = Formato da base do fruto; FCC = Formato da cavidade central; COP = Coloração da polpa; CPO = Consistência da polpa; TEC = Tecido placentar; QM = Qualidade de mesa; CS = Coloração da semente; BSS = Brilho na superfície da semente; QMS = Quantidade de mucilagem na semente.

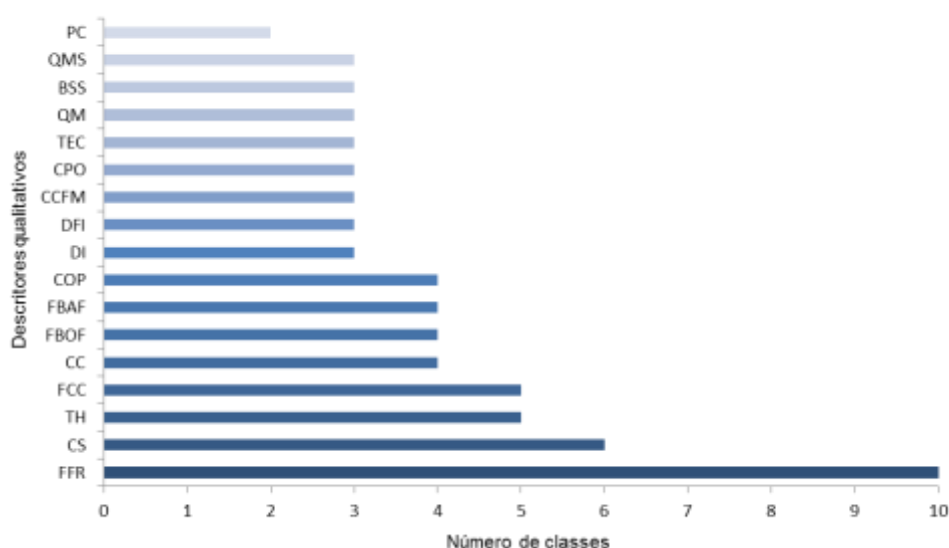


Figura 3. Distribuição dos descritores qualitativos de acordo com o número de classes encontradas.

*PC = Pigmentação do caule; QMS = Quantidade de mucilagem na semente; BSS = Brilho na superfície da semente; QM = Qualidade de mesa; TEC = Tecido placentar; CPO = Consistência da polpa; CCFM= Coloração da casca do fruto maduro; DFI = Densidade de flores na inflorescência; DI = Densidade de inflorescência; COP = Coloração da polpa; FBAF = Formato da base do fruto; FBOF = Forma dos bordos foliares; CC = Cor do caule; FCC = Formato da cavidade central; TH = Tipo de hermafroditismo; CS = Coloração da semente; FFR = Formato do fruto.

A primeira e a segunda variáveis canônicas, com base nas características quantitativas (Figura 4), foram responsáveis por explicar 57% e 43% da variação

total encontrada, respectivamente, explicando 100 % da variação total dos dados Paiva et al. (2014), analisando a variabilidade genética entre espécies do gênero *Passiflora*, verificaram que as duas primeiras variáveis canônicas explicaram cerca de 91,16% da variação total existente entre os oito grupos formados. Por sua vez, Padilla et al. (2005), ao analisar a diversidade genética existente em uma coleção de nabo do Noroeste da Espanha, verificaram que 90% da variabilidade encontrada entre os cinco grupos formados eram explicadas pelas duas primeiras variáveis canônicas. Em contrapartida, Campos et al. (2013), em seu estudo sobre diversidade genética entre acessos de goiabeira, observaram que as duas primeiras variáveis canônicas foram responsáveis por 61,79% da variação total encontrada entre os cinco grupos formados.

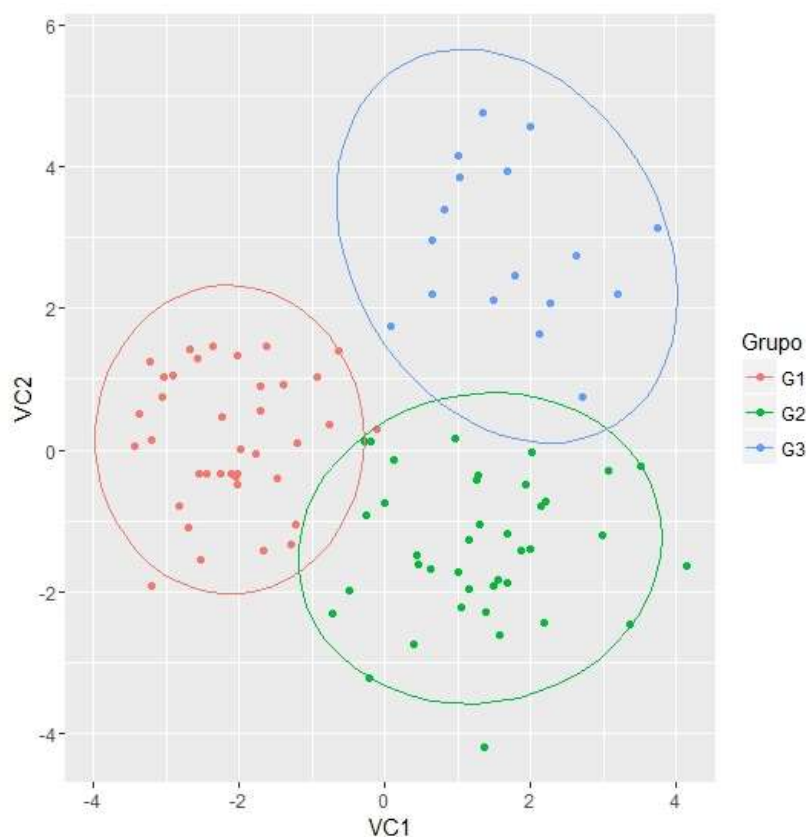


Figura 4. Dispersão dos acessos de mamão com base nas duas primeiras variáveis canônicas obtidas da análise dos dados quantitativos, de acordo com os três grupos de diversidade identificados com base na estratégia Ward-MLM. * VC1 e VC2 – variáveis canônicas 1 e 2.

A análise das variáveis canônicas (Tabela 5) demonstrou que as características quantitativas que mais contribuíram para a diversidade genética existente entre os acessos, na primeira variável canônica, foram diâmetro do fruto (0,58), comprimento da corola da flor (0,57) e número de frutos comerciais aos 8 meses (0,50). Os descritores comprimento do pedúnculo da inflorescência (0,45), largura dos frutos aos 8 e 12 meses (0,41) e altura da planta aos 12 meses (0,39) foram altamente correlacionados com a segunda variável canônica.

As maiores dissimilaridades estimadas envolveram o acesso CMF 245 que, quando relacionado aos acessos CMF 008 e CMF 020, CMF 076 e CMF 114 e CMF 164, apresentou um valor de 0,61, 0,59 e 0,58, respectivamente. Em contrapartida, os menores valores foram observados entre os acessos CMF 058 e CMF 133 (0,12), seguido pelos acessos CMF 030 e 120 (0,14) (Dados não mostrados).

Com base nas distâncias entre pares de grupos, observou-se que os grupos 1 e 3 foram os mais divergentes, apresentando uma distância de 22,02. Os grupos 1 e 2 foram os mais similares, seguidos pelos grupos 2 e 3 que apresentaram uma distância de 14,14 e 18,26, respectivamente. Ao analisar a figura 2, realmente, observa-se pequenas diferenças entre os grupos 1 e 2 para as características CPFR, CPI, NFP, VITC, AP12, CI8, CI12 e CPF8.

Tabela 5. Estimativas das variáveis canônicas obtidas da análise dos descritores quantitativos em acessos de mamoeiro.

Descritores	VC1	VC2	Descritores	VC1	VC2
NFCA8	0,07	-0,27	VITC	0,13	0,03
NFA	-0,37	0,17	AP12	0,12	0,39
PH	-0,17	0,17	CF8	0,41	0,33
AT	0,01	-0,06	CI8	-0,03	0,18
CCF	0,57	0,1	CI12	0,24	0,27
COF	0,49	-0,25	CPF8	0,21	0,39
CPFR	0,19	-0,14	CPF12	0,24	0,28
CPI	0,32	0,45	LF8	0,48	0,41
DCC	0,47	0,01	LF12	0,44	0,41
DF	0,58	-0,03	NFCO8	-0,5	-0,09
FF	0,27	0,06	NFCO12	-0,43	0,13
NFP	0,2	0,3			

CONCLUSÕES

A utilização simultânea de variáveis qualitativas e quantitativas possibilitou a detecção da diversidade genética existente entre acessos de mamoeiro que compõe pertencentes ao banco ativo de germoplasma (BAG-Mamão) da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

A formação de três grupos divergentes favorecerá a seleção de parentais contrastantes para utilização em trabalhos relacionados ao desenvolvimento de híbridos com características agronômicas superiores.

REFERÊNCIAS

BARBÉ, T. C.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; SCAPIM, C. A. Association between advanced generations and genealogy in inbred lines of snap bean by the Ward-Modified Location Model. **Euphytica**, v. 173, p. 337–343, 2010.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; VALÉRIO, I. P. Morphological, pedigree, and molecular distances and their association with hybrid wheat performance. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.2, p.155-163, 2009.

CABRAL, P. D. S.; SOARES, T. C. B.; GONÇALVES, L. S. A.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; LIMA, A. B. P.; RODRIGUES, R.; MATTA, F. P. Quantification of the diversity among common bean accessions using Ward-MLM strategy. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, n.10, p.1124-1132, 2010.

CAMPOS, B. M.; VIANA, A. P.; QUINTAL, S. S. R.; GONÇALVES.; PESSANHA, P. G. O. Quantificação da diversidade genética entre acessos de goiabeira por meio da estratégia WARD-MLM. **Revista Brasileira Fruticultura de Jaboticabal**, v. 35, n. 2, p. 571-578, 2013.

CHEN, C.; YU, Q.; HOU S.; LI, Y.J.; EUSTICE, M.; SKELTON, R.L.; VEATCH, O.; HERDES, R.E.; DIEBOLD, L.; SAW, J.; FENG, Y.; QIAN, W.; BYNUM, L.; WANG, L.; MOORE, P.H.; PAULL, R.E.; ALAM, M.; MING, R. Construction of a sequence-tagged high-density genetic map of papaya for comparative structural and evolutionary genomics in Brassicales. **Genetics**, v.177, p.2481-2491, 2007.

COSTA, F. R.; PEREIRA, T. N. S.; SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R. Marcadores RAPD e caracteres morfoagronômicos na determinação da diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões. **Ciência Rural**, v.39, p.696-704, 2009.

DANTAS, J. L. L.; PINTO, R. M. S.; LIMA, J. F. de; FERREIRA, F. R. **Catálogo de germoplasma de mamão** (*Carica papaya* L.). Cruz das Almas, BA: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 40p., 2000. (Embrapa Mandioca e Fruticultura, Documentos, 94).

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.1471-1479, 2011.

FAGUNDES, G. R.; YAMANISHI, O. K. Características físicas e químicas de frutos de mamoeiro do grupo Solo comercializados em quatro estabelecimentos de Brasília, DF. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 23, n. 3, p. 541-545, 2001.

FAO. **Food and agriculture organization of the United Nations for a world without hunger**. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>>. Acesso em: 09. abril. 2018.

FRANCO, J.; CROSSA, J.; VILLASEÑOR, J.; TABA, S. Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. **Crop Science**, Madison, v. 38, n. 6, p. 1688-1696, 1998.

IBGE. **Produção Agrícola Municipal**. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/estadosat/>>. Acesso em: 09. abril. 2018.

GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v. 27, p. 623-637, 1971.

GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; KARASAWA, M.; SUDRÉ, C. P. Heirloom tomato gene bank: assessing genetic divergence based on morphological, agronomic and molecular data using a Ward-modified location model. **Genetics and Molecular Research**, v. 8, n. 1, p. 364-374, 2009.

GONÇALVES, Z.,S.; INVENÇÃO, D. R. S.; LEDO, C. A. S.; FERREIRA, C. F.; AMORIM, E. P. Agronomic performance of plantain genotypes and genetic variability using Ward-MLM algorithm. **Genetics and Molecular Research**, v. 17, n. 1, p. 1-6, 2018.

IDE, C. D.; PEREIRA, M. G.; VIANA, A. P.; PEREIRA, T. N. S. Use of testers for combining ability and selection of papaya hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, p. 60-66, 2009.

KUROSAWA, R. N. F.; AMARAL JUNIOR, A. T.; SILVA, F. H. L.; SANTOS, A.; VIVAS, M.; KAMPHORST, S. H.; PENA, G. F. Multivariate approach in popcorn genotypes using the Ward-MLM strategy: morpho-agronomic analysis and incidence of *Fusarium* spp. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, 2017.

MARTINS, D. S.; COSTA, A. F. S. **A cultura do mamão: tecnologia e produção**. Vitória-ES: INCAPER, p. 59-102, 2003.

PADILLA, G.; CARTEA, M. E.; RODRIGUEZ, V. M.; ORDAS, A. Genetic diversity in a germplasm collection of *Brassica rapa* subsp *rapa* L. from northwestern Spain. **Euphytica**, v. 145, p.171–180, 2005.

PAIVA, C. L.; VIANA, A. P.; SANTOS, E. A.; SILVA, R. N. O.; OLIVEIRA, E. J. Diversidade genética de espécies do gênero *Passiflora* com uso da estratégia WARD-MLM. **Revista Brasileira Fruticultura de Jaboticabal**, v. 36, n. 2, p. 381-390, 2014.

PESTANA, R. K. N.; AMORIM, E. P.; FERREIRA, C. F.; AMORIM, V. B. O.; OLIVEIRA, L. S.; LEDO, C. A. S.; SILVA, S. O. Agronomic and molecular characterization of gamma ray induced banana (*Musa* sp.) mutants using a multivariate statistical algorithm. **Euphytica**, v. 178, p.151–158, 2011.

OLIVEIRA, E. J.; COSTA, L. C.; SANTOS, L. F.; CARVALHO, F. M.; SILVA, A. S.; DANTAS, J. L. L. Molecular characterization of papaya genotypes using aflu markers. **Revista Brasileira Fruticultura de Jaboticabal**, v. 33, n. 3, p. 848-858, 2011.

OLIVEIRA, E. J.; 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.; OLIVEIRA FILHO, O.; SANTOS, V. S. Classification of cassava genotypes based on qualitative and quantitative data. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, n. 1, p. 906-924, 2015.

R Development Core Team. R: A language and environment for statistical computing, reference index version 3.5.1. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, Available from, 2018.

RODRIGUES, W. P.; VIEIRA, H. D.; TEODORO, P.E.; PARTELLI, F.L.; BARBOSA, D. H. S. G. Assessment of genetic divergence among coffee genotypes by Ward-MLM procedure in association with mixed models. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 2, 2016.

RUGGIERO, C.; MARIN, S. L. D.; DURIGAN, J. F. Mamão, uma história de sucesso. **Revista Brasileira Fruticultura de Jaboticabal**, volume especial, 2011.

SANTOS, A.; CECCON, G.; RODRIGUES, E. V.; RIBEIRO, L. P.; CASTRO, K. S.; TEODORO, P. E. Genetic divergence between sweet sorghum genotypes by the ward-mlm procedure. **Biosci. J.**, v. 34, n. 5, p. 1326-1333, 2018.

SAS INSTITUTE. **SAS language and procedures: usage**. Version SAS 9.1.3. Cary, 2017.

SUDRÉ, C. P.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; RIVA-SOUZA, E. M.; BENTO, C. S. Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. **Genetics and Molecular Research**, n. 9, p. 283-294, 2010.

WILLS, R. B. H.; WIDJANARKO, S. B. Changes in physiology, composition and sensory characteristics of Australian papaya during ripening. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, n. 35, p. 1173-1176, 1995.

ARTIGO 3

**ESTABELECIMENTO DE COLEÇÃO NUCLEAR DE MAMOEIRO (*Carica papaya*
L.) COM BASE EM DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS**

Estabelecimento de coleção nuclear de mamoeiro (*Carica papaya* L.) com base em descritores morfoagronômicos

Resumo: O grande número de acessos que compõe as coleções de germoplasma promovem a subutilização dos recursos genéticos disponíveis, em função do alto custo envolvido na conservação, multiplicação e avaliação do material em condições de campo. Para reverter essa realidade, a formação de coleções nucleares tem sido utilizada como alternativa para estabelecimento de um grupo reduzido de acessos com a máxima variabilidade genética da espécie. A partir da caracterização de 94 acessos de mamoeiro, por meio de 61 descritores morfoagronômicos, subconjuntos foram criados com o auxílio de dois diferentes algoritmos (PowerCore e MSTRAT), baseados na estratégia M (maximização). Foram selecionados, de forma efetiva, 30 e 37 acessos para composição das coleções nucleares pelo MSTRAT e PowerCore, respectivamente, com 24 acessos concidentes entre elas. Após calculado os valores referentes a diferença média (MD%), diferença de variância (VD%), taxa de coincidência (CR%) e taxa variável (VR%) para a coleção formada pelo MSTRAT e para os 43 acessos selecionados em conjunto pelos dois algoritmos, pode-se observar que não houve diferenças significativas, nem mesmo quando comparados com a coleção estabelecida pelo PowerCore. Por se tratar de coleções pequenas, os 43 acessos selecionados pelos dois métodos apresentaram o maior valor referente a retenção da variabilidade existente na coleção completa (CR=83,23%), de modo que, esse conjunto de acessos foi selecionado para compor a coleção nuclear do programa de melhoramento de mamão da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

Palavras-chave: Diversidade genética, germoplasma, PowerCore, Mstrat.

Establishment of nuclear papaya collection (*Carica papaya* L.) based on morphoagronomic descriptors

Abstract: The large number of accessions that composes collections of plant germplasm promote the underutilization of available genetic sources, due to the high cost involved in the conservation, multiplication and evaluation of the plants under field conditions. To reverse this reality, the formation of core collections has been used as an alternative to establish a small group of accessions with the maximum genetic variability of the species. From the characterization of 94 accessions of papaya, by means of 61 morphoagronomic descriptors, subsets were created using two different algorithms (PowerCore and MSTRAT), based on the M strategy (maximization). A total of 30 and 37 accessions were selected for composition of the core collections by MSTRAT and PowerCore, respectively, with coincidence of 24 accessions among them. After calculating the values of mean difference (MD %), variance (VD %), coincidence rate (CR %) and variable rate (VR %) for the MSTRAT collection and for the 43 accessions selected jointly by the two algorithms, it can be observed that there were no significant differences, even when compared to the collection established by PowerCore. Because these were small collections, the 43 accessions selected by the two methods had the highest value regarding the retention of variability in the complete collection (CR = 83.23 %), so that this set of accessions was selected to compose the collection the Embrapa Mandioca e Fruticultura's breeding program.

Key words: Genetic diversity, germplasm, PowerCore, Mstrat.

INTRODUÇÃO

O mamoeiro (*Carica papaya* L.) pertence à família Caricaceae que possui 35 espécies distribuídas em seis gêneros, sendo *Carica* (1 espécie), *Horovitzia* (1 espécie), *Jacaratia* (7 espécies), *Jarilla* (3 espécies) e *Vasconcellea* (21 espécies) originários das Américas do Sul e Central, enquanto o gênero *Cylicomorpha* (2 espécies) pertence ao continente africano (VAN DROOGENBROECK et al., 2004).

A espécie *Carica papaya* L. é a única conhecida comercialmente, sendo de grande importância econômica para as regiões tropicais e subtropicais do mundo onde é amplamente cultivada e consumida (CHEN et al., 2007). Os principais produtores mundiais são a Índia, Brasil, México, Indonésia e Nigéria, que juntos alcançaram uma produção superior a nove milhões de toneladas em 2017 (FAO, 2019).

O crescimento do agronegócio do mamão no Brasil, ao longo dos anos, tem sido favorecido por um desenvolvimento tecnológico crescente e isso aumenta o potencial brasileiro de exportação da fruta. Segundo a BRAPEX (2019), o mamão brasileiro tem sido fortemente solicitado no mercado internacional. Apresentou recorde no crescimento das exportações em 2018, superando em 19% o ano de 2017 e em 6% os recordes obtidos em 2014. A expectativa para 2019 é de manutenção das exportações, uma vez que a demanda da União Europeia tem sido constante.

Entretanto, ainda existem muitos entraves que influenciam na expansão da cultura, a exemplo das doenças e das poucas variedades disponíveis para plantio que atendam às exigências dos mercados interno e externo. Do ponto de vista agrícola, ainda existe uma enorme demanda por novas variedades de mamão que possam reduzir o custo de produção da cultura, considerando os parâmetros de produtividade de frutos e maior resistência a doenças como *Phytophthora*, antracnose, varíola e mancha-anelar. Tais doenças são frequentes nos plantios e demandam constantes aplicações de defensivos que muitas vezes podem trazer problemas de comercialização e uso dos frutos para consumo humano, além de aumentar os custos para manutenção dos campos de produção.

Em relação ao desenvolvimento de novas variedades, todo programa de melhoramento de plantas tem como objetivo principal reunir em um acesso as características desejáveis, de interesse comercial. Para tanto, é fundamental conhecer, avaliar e utilizar todo o potencial genético disponível no germoplasma da

espécie. Contudo, a manutenção dos acessos e disponibilização de informações sobre os recursos genéticos para uso efetivo no melhoramento do mamoeiro tem sido um grande desafio, sobretudo pelo alto custo envolvido na conservação, multiplicação e avaliação do germoplasma em condições de campo.

Embora as sementes de mamão possam ser armazenadas por longos períodos, sua qualidade fisiológica é bastante influenciada pelo teor de umidade, forma e temperatura de armazenamento (BERBERT et al., 2008). O trabalho rotineiro de conhecimento da diversidade genética e a renovação do estoque de sementes necessariamente dependem da multiplicação em campo, que geralmente é acompanhada das atividades de caracterização e avaliação de germoplasma. Quando o número de acessos de germoplasma é elevado, os curadores tendem a reduzir o tamanho das parcelas experimentais ou mesmo reduzir a fenotipagem do germoplasma para apenas algumas características e isso reduz em muito a acurácia dos dados, ao mesmo tempo que aumenta o tempo necessário para a completa caracterização e avaliação dos recursos genéticos.

A caracterização do germoplasma pode ser realizada por meio de descritores morfológicos, agrônômicos, marcadores moleculares, entre outros. Independentemente do tipo de descritor utilizado, o importante é que os resultados possibilitem uma boa distinção dos acessos, permitindo a identificação de duplicatas e acessos com características que possam ser relevantes (COSTA et al., 2009). Os descritores morfoagronômicos são desenvolvidos para cada espécie, baseiam-se em caracteres fenotípicos, envolvendo características quantitativas e qualitativas. De modo geral, estes tipos de descritores ajudam os curadores e melhoristas no estudo da diversidade ao mesmo tempo que permite a seleção de parentais para realização de cruzamentos e geração de populações segregantes.

Como o tamanho excessivo dos bancos de germoplasma dificulta a sua caracterização, avaliação, documentação e manejo, levando a subutilização dos recursos genéticos disponíveis (VASCONCELOS et al., 2007), a formação de coleções nucleares tem sido utilizada como uma alternativa para aumentar o uso da variabilidade presente nos bancos de germoplasma e ao mesmo tempo focar na conservação, caracterização e avaliação de um grupo reduzido de acessos com a máxima variabilidade genética da espécie (SIVALINGAM et al., 2014).

Diferentes abordagens metodológicas foram criadas para a avaliação da diversidade genética, proporcionando grandes avanços no estabelecimento de coleções nucleares (FRANCO et al., 2006; AGRAMA et al., 2009; BHATTACHARJEE et al., 2012; BAKKALI et al., 2013). Entretanto, a estratégia M (maximização), criada por Schoen e Brown (1993), tem sido amplamente utilizada pois examina todas as possíveis coleções nucleares, eliminando a redundância e capturando a maior parte da diversidade genética em um número reduzido de acessos. É aplicada em estudos baseados em marcadores moleculares, podendo ser estendida para abordagens fenotípicas (GOUESNARD et al., 2001).

Diversos estudos estão relacionados ao estabelecimento de coleções nucleares, a exemplo do milho (LI et al., 2004), arroz (CHUNG et al., 2009), oliveiras (DIÉZ et al., 2012) e mandioca (OLIVEIRA et al., 2014). Porém, até o momento, nenhuma coleção nuclear foi desenvolvida para a cultura do mamoeiro.

Dessa forma, este trabalho teve como objetivo a comparação de métodos estatísticos visando o estabelecimento de uma coleção nuclear de mamoeiro por meio da caracterização morfoagronômica de acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Mamoeiro da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

MATERIAL E MÉTODOS

Materiais vegetais

Para esse trabalho, foram avaliados 94 acessos de mamoeiro (*Carica papaya* L.) pertencentes ao banco ativo de germoplasma de mamão (BAG-Mamão) da Embrapa Mandioca e Fruticultura, localizada em Cruz das Almas, Bahia, Brasil. O ensaio foi instalado no ano de 2014 na área experimental da Embrapa Mandioca e Fruticultura (12°48'38"S e 39°6'26"W). Foi utilizado delineamento em blocos completos casualizados, com duas repetições. As parcelas foram formadas por duas linhas com seis plantas cada. O plantio foi realizado no espaçamento de 2,0 x 2,0 m, seguindo-se todos os tratamentos culturais recomendados para a cultura (MARTINS; COSTA, 2003).

Os acessos, são oriundos de nove países, embora a maior parte do germoplasma seja de origem brasileira. De modo geral, há um predomínio do sistema reprodutivo ginodióico, onde 63,8% dos acessos produzem frutos do tipo formosa e

36,2% frutos do tipo solo (Tabela 1). Esta distribuição se justifica pela aleatoriedade das introduções de acessos realizadas.

Tabela 1: Acessos que compõem o Banco Ativo de Germoplasma de Mamoeiro (BAG-Mamão) da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas (BA).

Acesso	Tipo de fruto	Sistema reprodutivo	País	Acesso	Tipo de fruto	Sistema reprodutivo	País
CMF 002	Formosa	Ginodióico	Costa Rica	CMF 051	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 003	Formosa	Ginodióico	Taiwan	CMF 052	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 004	Formosa	Ginodióico	Havaí	CMF 054	Formosa	Ginodióico	Havaí
CMF 005	Solo	Ginodióico	Havaí	CMF 055	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 006	Solo	Ginodióico	Havaí	CMF 056	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 008	Formosa	Ginodióico	Malásia	CMF 058	Solo	Ginodióico	Havaí
CMF 011	Formosa	Ginodióico	Costa Rica	CMF 060	Formosa	Ginodióico	Havaí
CMF 012	Solo	Ginodióico	Malásia	CMF 065	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 014	Solo	Ginodióico	Malásia	CMF 066	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 015	Formosa	Ginodióico	Malásia	CMF 067	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 017	Formosa	Ginodióico	Taiwan	CMF 069	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 018	Formosa	Ginodióico	Taiwan	CMF 072	Solo	Ginodióico	NR
CMF 020	Formosa	Ginodióico	Brasil	CMF 075	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 021	Solo	Ginodióico	Taiwan	CMF 076	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 022	Formosa	Ginodióico	Malásia	CMF 077	Solo	Ginodióico	Havaí
CMF 023	Formosa	Trióico	Malásia	CMF 078	Solo	Ginodióico	NR
CMF 026	Formosa	Ginodióico	Taiwan	CMF 079	Formosa	Ginodióico	NR
CMF 027	Formosa	Ginodióico	NR	CMF 082	Solo	Ginodióico	África do Sul
CMF 028	Formosa	Ginodióico	Costa Rica	CMF 087	Solo	Ginodióico	Havaí
CMF 030	Formosa	Ginodióico	NR	CMF 088	Solo	Ginodióico	Havaí
CMF 031	Formosa	Ginodióico	Costa Rica	CMF 090	Solo	Ginodióico	NR
CMF 033	Formosa	Ginodióico	NR	CMF 092	Solo	Ginodióico	Havaí
CMF 035	Solo	Ginodióico	NR	CMF 094	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF037	Solo	Ginodióico	NR	CMF 099	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 038	Formosa	Ginodióico	Brasil	CMF 102	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 041	Formosa	Ginodióico	Brasil	CMF 104	Solo	Ginodióico	NR
CMF 044	Formosa	Ginodióico	Brasil	CMF 114	Formosa	Ginodióico	África do Sul
CMF 046	Formosa	Ginodióico	Brasil	CMF 115	Formosa	Ginodióico	África do Sul
CMF 047	Formosa	Ginodióico	Brasil	CMF 116	Solo	Ginodióico	África do Sul
CMF 050	Solo	Ginodióico	Brasil	CMF 120	Formosa	Ginodióico	Brasil

continua...

...continuação

Acesso	Tipo de fruto	Sistema reprodutivo	País	Acesso	Tipo de fruto	Sistema reprodutivo	País
CMF 121	Formosa	Ginodióico	NR	CMF 166	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 123	Formosa	Ginodióico	Tailândia	CMF 177	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 129	Formosa	Ginodióico	Brasil	CMF 180	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 130	Formosa	Ginodióico	NR	CMF 185	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 131	Formosa	Ginodióico	NR	CMF 188	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 132	Solo	Ginodióico	Havaí	CMF 204	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 133	Formosa	Ginodióico	Havaí	CMF 207	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 135	Formosa	Ginodióico	NR	CMF 219	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 139	Formosa	Ginodióico	Brasil	CMF 220	Formosa	Ginodióico	Brasil
CMF 142	Formosa	Ginodióico	NR	CMF 230	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 145	Formosa	Ginodióico	NR	CMF 232	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 146	Formosa	Ginodióico	NR	CMF 233	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 150	Solo	Ginodióico	Brasil	CMF 234	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 152	Formosa	Ginodióico	NR	CMF 235	Solo	Ginodióico	Brasil
CMF 154	Formosa	Ginodióico	Guatemala	CMF 245	Formosa	Trióico	Nicarágua
CMF 164	Formosa	Ginodióico	Brasil	CMF 246	Formosa	Trióico	Brasil
CMF 165	Formosa	Ginodióico	Brasil	CMF 247	Formosa	Ginodióico	Brasil

NR - Indivíduos sem origem definida.

Caracterização morfoagronômica

Todos os acessos foram caracterizados utilizando 35 descritores quantitativos e 26 descritores qualitativos (Tabela 2), conforme descrito por Dantas et al. (2000). Embora o mamoeiro apresente três formas sexuais básicas (plantas masculinas, femininas e hermafroditas), o mercado consumidor prefere frutos provenientes de plantas hermafroditas. Sendo assim, três plantas hermafroditas de cada acesso foram selecionadas e submetidas às mensurações dos caracteres.

As mensurações referentes aos descritores relacionadas às plantas, folhas e número de frutos foram realizadas aos 8 e 12 meses após o plantio. Em cada planta selecionada para caracterização, um total de cinco flores, cinco folhas e cinco frutos foram avaliados.

Tabela 2. Descritores quantitativos e qualitativos utilizados na caracterização de 94 acessos de mamoeiro para estabelecimento da coleção nuclear.

Descritores qualitativos	Abrev.	Descritores quantitativos	Abrev.
Cor do caule	CC	Acidez titulável (%)	AT
Pigmentação do caule	PC	Altura dos primeiros frutos (m)	APF
Forma da folha	FF	Sólidos solúveis (°brix)	SS
Forma dos bordos foliares	FBOF	Comprimento da corola (cm)	CCFH
Forma da cavidade do limbo	FCL	Comprimento do fruto (cm)	COF
Coloração dos lóbulos da corola	CLC	Comprimento do pedúnculo do fruto (cm)	CPFR
Coloração das flores	CF	Comprimento do pedúnculo da inflorescência (cm)	CPI
Coloração da casca do fruto imaturo (8 meses)	CCFI	Diâmetro da cavidade central (mm)	DCC
Formato dos frutos	FFR	Diâmetro do fruto (cm)	DF
Tipo de hermafroditismo	TH	Firmeza do fruto (libras)	FF
Densidade da inflorescência	DI	Número de flores por pedúnculo	NFP
Densidade de flores na inflorescência	DFI	Peso do fruto	PF
Coloração da casca do fruto maduro	CCFM	Peso fresco das sementes do fruto (g)	FPS
Formato da base do fruto	FBAF	Peso fresco de 100 sementes (g)	PS
Tipo de florescimento	TF	Vitamina C (mg / 100g de polpa)	VITC
Sulcos na superfície do fruto	SSF	Número de frutos por axila	NFA
Formato da cavidade central	FCC	Potencial hidrogeniônico	pH
Aroma da polpa	AP	Número de frutos carpelóides aos 8 e 12 meses	NFCA8/NFCA12
Coloração da polpa	COP	Altura da planta (m) aos 8 e 12 meses	AP8/AP12
Consistência da polpa	CPO	Comprimento da folha (cm) aos 8 e 12 meses	CF8/CF12
Tecido placentar	TEC	Comprimento dos internódios (cm) aos 8 e 12 meses	CI8/CI12
Qualidade de mesa	QM	Comprimento do pecíolo da folha (cm) aos 8 e 12 meses	CPF8/CPF12
Coloração da semente	CS	Diâmetro do caule (cm) aos 8 e 12 meses	DC8/DC12
Brilho da superfície da semente	BSS	Largura da folha (cm) aos 8 e 12 meses	LF8/LF12
Quantidade de mucilagem da semente	QMS	Número de frutos comerciais aos 8 e 12 meses	NFCO8/NFCO12
Coloração do pedúnculo da inflorescência	CPI	Número total de frutos aos 8 e 12 meses	NF8/NF12
Uniformidade de distribuição de frutos	UDF		

A acidez titulável (AT) foi calculada por meio da quantidade de ácido da amostra que reagia com uma base de concentração conhecida (hidróxido de sódio 0,1N), indicado pelo ponto de viragem da fenolftaleína. A concentração de sólidos solúveis (SS) foi verificada com o auxílio de um refratômetro. A análise de vitamina C foi realizada pela reação do ácido ascórbico com o 2,6-diclorofenol indofenol (DCFI) e leitura em espectrofotômetro (OLIVEIRA, 2010). Já a firmeza do fruto foi estipulada

com o auxílio de um penetrômetro. Todos esses parâmetros foram avaliados em triplicata e o valor final calculado em função da média das três medidas.

Construção da coleção nuclear

Dois diferentes algoritmos, baseados na estratégia M (maximização), foram testados com base nos dados oriundos da caracterização morfoagronômica:

1. Programa PowerCore v. 1.0 (KIM et al., 2007): utiliza a estratégia M avançada implementada através de um algoritmo heurístico modificado, com o poder de representar todas as classes fenotípicas no desenvolvimento de coleções nucleares. Sem atribuir peso diferencial para nenhuma característica, foram calculados a diferença média (MD%) diferença de variância (VD%), taxa de coincidência (CR%) e taxa variável (VR%) (HU et al., 2000), onde:

$$MD(\%) = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \left| \frac{Me - Mc}{Mc} \right| \times 100$$

(Me: média da coleção completa)
(Mc: média da coleção nuclear)
(m=número de características)

$$VD(\%) = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \left| \frac{Ve - Vc}{Vc} \right| \times 100$$

(Ve: variância da coleção completa)
(Vc: variância da coleção nuclear)

$$CR(\%) = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \frac{Rc}{Re} \times 100$$

(Rc: variação da coleção completa)
(Re: variação da coleção nuclear)

$$VR(\%) = \frac{1}{m} \sum_{j=1}^m \frac{CVc}{CVe} \times 100$$

(CVc: coeficiente de variação da coleção completa)
(CVe: coeficiente de variação da coleção nuclear)

A MD (%) exibe a diferença nas médias de acessos entre a coleção nuclear e a coleção completa e o VD (%) expõe a diferença na distribuição. O CR indica se os intervalos de distribuição de cada variável na coleção nuclear estão bem representados quando comparados com a coleção completa e o VR permite uma comparação entre os valores do coeficiente de variação existentes entre as duas coleções e determina o quão representativa é a coleção nuclear.

2. Programa MSTRAT (GOUESNARD et al., 2001): utiliza a estratégia M padrão descrita por Schoen e Brown (1993). Inicialmente é selecionado um subconjunto aleatório de entradas referentes ao total de acessos. Posteriormente, cada entrada é eliminada, sucessivamente, até reter o subconjunto que apresentar o nível mais alto de riqueza fenotípica. A

distribuição contínua das variáveis quantitativas são quebradas em uma série de classes discretas. Para cada variável qualitativa, o número de classes é determinado pelos possíveis valores tomados pela variável em questão. Ao considerar várias variáveis correspondendo a várias características, a riqueza total é definida como a soma dos valores de riqueza entre as variáveis. Além disso, o índice de diversidade de Shannon-Weaver é usado como segundo critério para classificar subconjunto criado. Para a função redundância dessa análise, foram utilizados 20 replicatas, com 20 interações.

Validação da representatividade das coleções

A estrutura genética das coleções nucleares em comparação com a coleção completa foi inferida com base nas relações genéticas entre os acessos, avaliados pela análise de componentes principais com dados mistos. A análise foi realizada com auxílio do software R versão 3.5.1 (R DEVELOPMENT CORE TEAM, 2018), utilizando-se o pacote *PCAmixdata*. Posteriormente, gráficos de densidade, referentes às características quantitativas, foram construídos com auxílio do pacote *ggplot2*, *plyr* e *gridExtra*.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Estabelecimento da coleção nuclear pelo PowerCore

Dos 94 acessos que compõe a coleção de mamoeiro, 37 (39,36 %) foram indicados para representar a coleção nuclear, de acordo com a estratégia M com pesquisa heurística do programa PowerCore. A diferença média (MD), diferença de variância (VD), taxa de coincidência (CR) e taxa variável (VR) foram de 3,67, 25,82, 81,60 e 102,94 %, respectivamente. Para Hu et al. (2000), é considerada uma coleção nuclear representativa aquela que apresentar MD (%) inferior a 20 e CR (%) igual ou superior a 80.

Pode-se observar na distribuição dos dados quantitativos que, de forma geral, não houve diferenças expressivas entre as densidades médias da maioria dos descritores avaliados, considerando os acessos selecionados para formação da coleção nuclear e a coleção completa (Figuras 1, 2 e 3), afirmando a excelência na seleção dos acessos para composição da coleção nuclear.

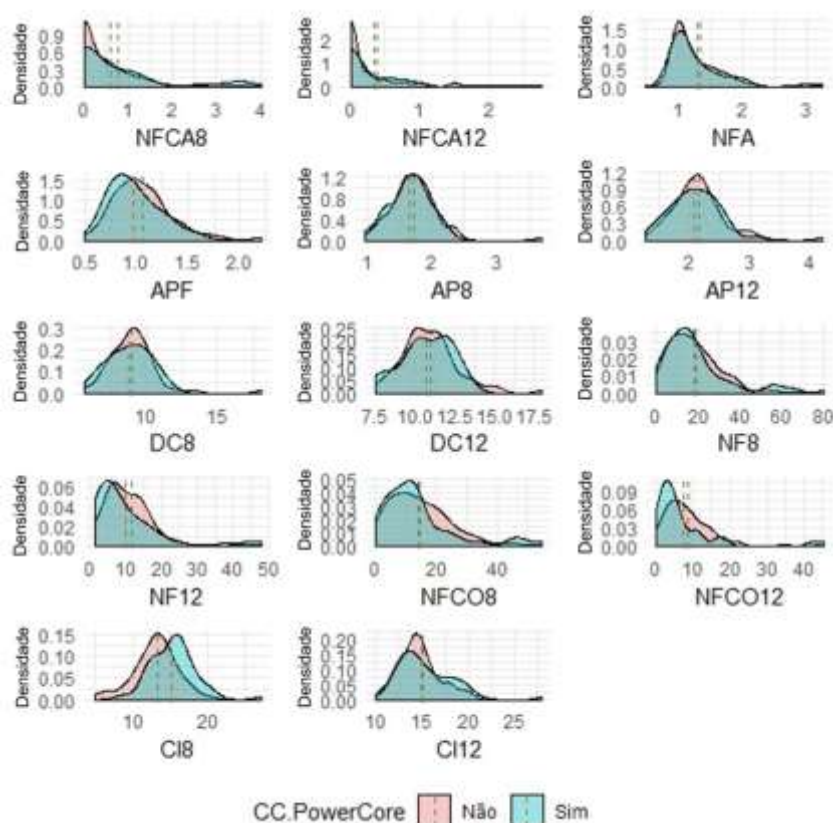


Figura 1. Gráficos de dispersão das características quantitativas relacionadas à planta, dos acessos que compõe a coleção completa de mamoeiro e daqueles selecionados para formação da coleção nuclear por meio do programa PowerCore. NFCA8/ NFCA12: número de frutos carpelóides aos 8 e 12 meses, NFA: número de frutos por axila, APF: Altura dos primeiros frutos, AP8/AP12: Altura da planta aos 8 e 12 meses, DC8/DC12: Diâmetro do caule aos 8 e 12 meses, NF8/NF12: Número de frutos aos 8 e 12 meses, NFCO8/NFCO12: Número de frutos comerciais aos 8 e 12 meses, CI8/CI12: Comprimento dos internódios aos 8 e 12 meses.

Sivaligam et al. (2014) utilizaram, com sucesso, a mesma estratégia para estabelecer uma coleção nuclear de *Ziziphus mauritiana* L., por meio de 23 características qualitativas e 20 quantitativas. A coleção completa, composta por 330 acessos, foi retratada por 52 acessos (15,8%) que, juntos, apresentaram MD de 6,1 % e CR de 98,1 %. Outro trabalho de mesma natureza foi desenvolvido por Lee et al. (2016), onde foi criada uma coleção nuclear de pimentas (MD = 9,45 % e CR = 98,40 %), baseada nas informações de 48 marcadores do tipo SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) e 32 características fenotípicas, formada por 240

acessos, correspondendo a 5,2 % da coleção completa. Por sua vez, trabalhando com uma coleção completa de arroz com 10.368 acessos, Chung et al. (2009) formaram uma coleção nuclear contendo 107 acessos, com MD de 10,07 % e CR de 95,57 %.

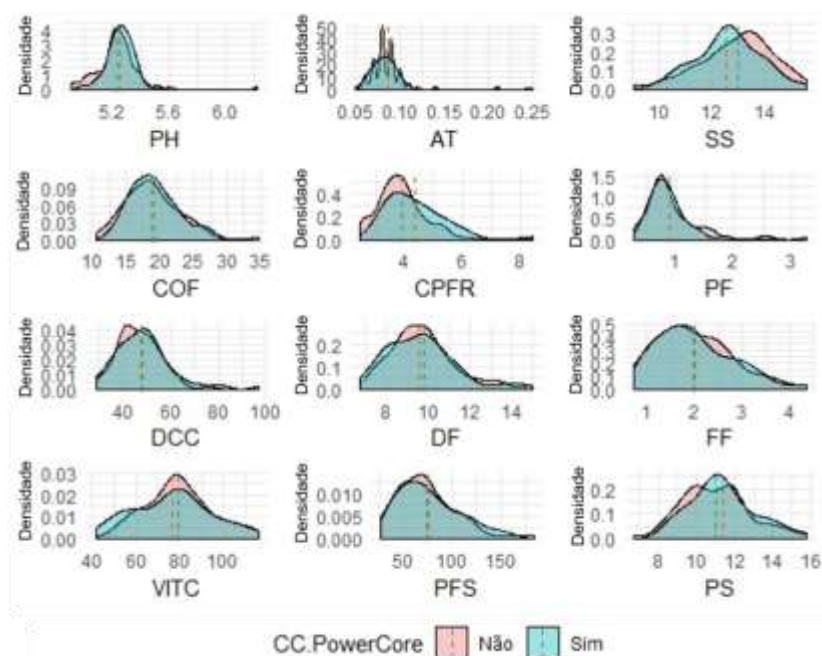


Figura 2. Gráficos de dispersão das características quantitativas relacionadas aos frutos e sementes, dos acessos que compõe a coleção completa de mamoeiro e daqueles selecionados para formação da coleção nuclear por meio do programa PowerCore. PH: Potencial hidrogeniônico, AT: Acidez titulável, SS: Sólidos solúveis, COF: Comprimento do fruto, CPFR: Comprimento do pedúnculo do fruto, PF: Peso do fruto, DCC: Diâmetro da cavidade central, DF: Diâmetro do fruto, FF: firmeza do fruto, VITC: Vitamina C, PFS: Peso fresco de semente, PS: Peso fresco de 100 sementes.

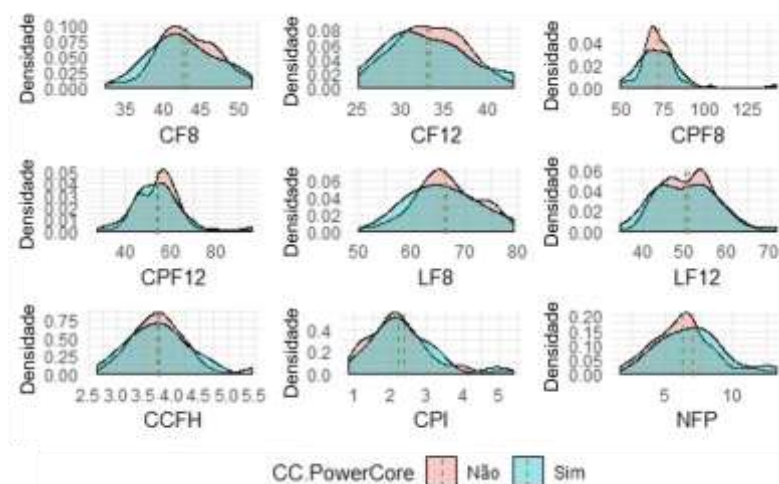


Figura 3. Gráficos de dispersão das características quantitativas relacionadas às folhas e inflorescências, dos acessos que compõe a coleção completa de mamoeiro e daqueles selecionados para formação da coleção nuclear por meio do programa PowerCore. CF8/CF12: Comprimento da folha aos 8 e 12 meses, CPF8/CPF12: Comprimento do pecíolo da folha aos 8 e 12 meses, LF8/LF12: Largura da folha aos 8 e 12 meses, CCFH: Comprimento da corola, CPI: Comprimento do pedúnculo da inflorescência, NFP: Número de flores por pedúnculo.

Estabelecimento da coleção nuclear pelo MSTRAT

Em contrapartida, a estratégia utilizada pelo programa MSTRAT indicou 30 acessos para formação da coleção nuclear de mamoeiro (31,91% da coleção completa), com o valor de 91,17 para índice de diversidade de Shannon-Weaver.

A distribuição dos valores referentes as características quantitativas se mostraram equilibradas, quando comparadas com a coleção nuclear estabelecida e a coleção completa, ressaltando a efetividade dos acessos selecionados (Figuras 4, 5 e 6).

A referida estratégia também foi aplicada com êxito em *Carthamus tinctorius* L., uma oleaginosa de sequeiro, onde foram indicados 4,9 % dos acessos correspondentes a coleção completa para formação de uma coleção nuclear representativa (KUMAR et al., 2016). Utilizando a mesma metodologia, Diéz et al. (2012) estabeleceram, também de forma eficiente, uma coleção nuclear de azeitonas, com intuito de melhorar a conservação e o manejo dos recursos

genéticos da cultura, além de favorecer estudos de interações diferenciais entre genótipo e ambiente.

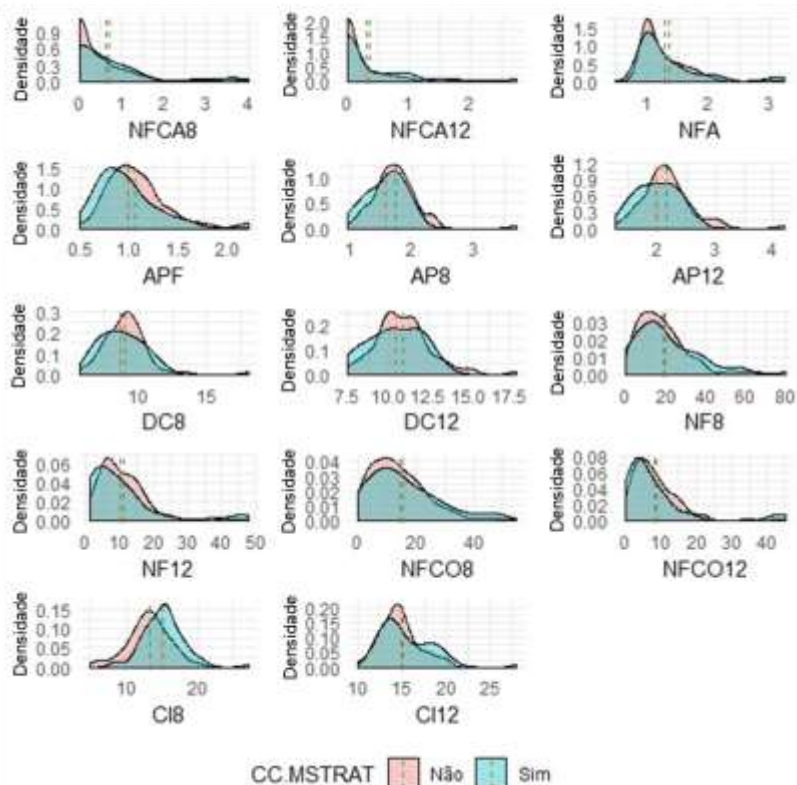


Figura 4. Gráficos de dispersão das características quantitativas relacionadas à planta, dos acessos que compõe a coleção completa de mamoeiro e daqueles selecionados para formação da coleção nuclear por meio do programa MSTRAT. NFCA8/ NFCA12: número de frutos carpelóides aos 8 e 12 meses, NFA: número de frutos por axila, APF: Altura dos primeiros frutos, AP8/AP12: Altura da planta aos 8 e 12 meses, DC8/DC12: Diâmetro do caule aos 8 e 12 meses, NF8/NF12: Número de frutos aos 8 e 12 meses, NFCO8/NFCO12: Número de frutos comerciais aos 8 e 12 meses, CI8/CI12: Comprimento dos internódios aos 8 e 12 meses.

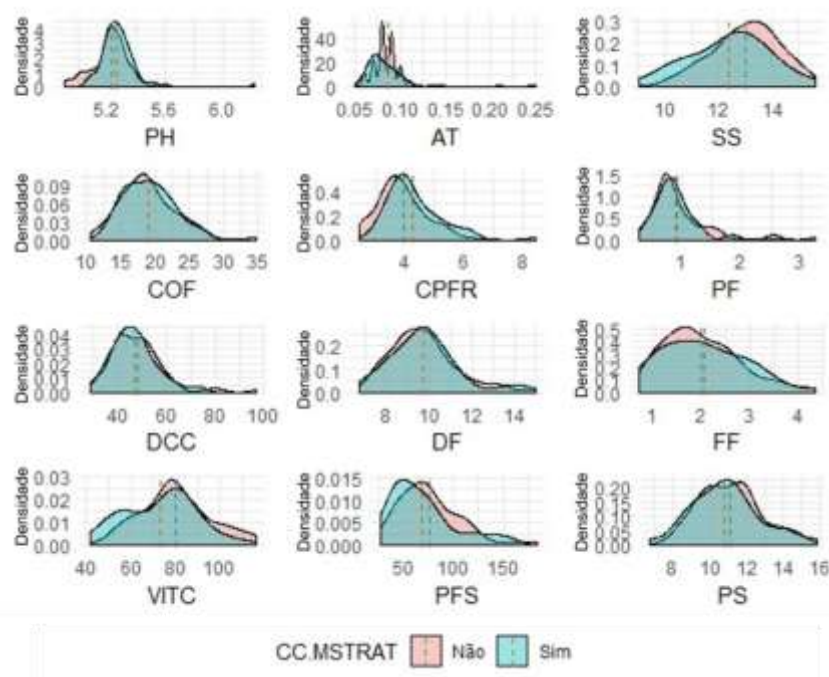


Figura 5. Gráficos de dispersão das características quantitativas relacionadas aos frutos e sementes, dos acessos que compõe a coleção completa de mamoeiro e daqueles selecionados para formação da coleção nuclear por meio do programa MSTRAT. PH: Potencial hidrogeniônico, AT: Acidez titulável, SS: Sólidos solúveis, COF: Comprimento do fruto, CPFR: Comprimento do pedúnculo do fruto, PF: Peso do fruto, DCC: Diâmetro da cavidade central, DF: Diâmetro do fruto, FF: firmeza do fruto, VITC: Vitamina C, PFS: Peso fresco de semente, PS: Peso fresco de 100 sementes.

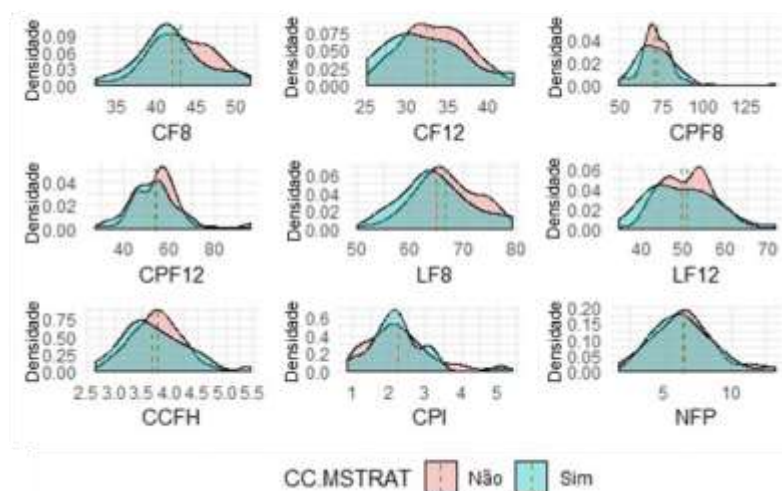


Figura 6. Gráficos de dispersão das características quantitativas relacionadas às folhas e inflorescências, dos acessos que compõe a coleção completa de mamoeiro e daqueles selecionados para formação da coleção nuclear por meio do programa MSTRAT. CF8/CF12: Comprimento da folha aos 8 e 12 meses, CPF8/CPF12: Comprimento do pecíolo da folha aos 8 e 12 meses, LF8/LF12: Largura da folha aos 8 e 12 meses, CCFH: Comprimento da corola, CPI: Comprimento do pedúnculo da inflorescência, NFP: Número de flores por pedúnculo.

Comparação entre as coleções nucleares estabelecidas

O desenvolvimento de uma coleção nuclear envolve estratégias de intensidade e procedimento de amostragem. Os métodos implementados pelos algoritmos PowerCore e MSTRAT foram muito semelhantes na formação das coleções nucleares de mamoeiro, havendo coincidência entre 24 acessos selecionados pelos dois métodos (Figura 7).

Segundo Franco et al. (2006), a estratégia M é considerada uma função poderosa para a seleção de acessos divergentes, por eliminar as redundâncias resultantes de co-ancestralidade. Esta estratégia é capaz de selecionar os acessos para compor a coleção nuclear, maximizando a probabilidade de que qualquer alelo existente na coleção completa esteja presente na coleção nuclear (SCHOEN E BROWN, 1993). O uso da estratégia M via MSTRAT permite que os alelos sejam selecionados de forma interativa, alcançando alta diversidade pelos critérios de riqueza alélica e grandes valores de soma dos quadrados das variáveis analisadas (GOUESNARD et al., 2001). Em contrapartida, o algoritmo PowerCore utiliza uma

busca heurística baseada no conceito de pesquisa “A”, que é definido pelos critérios de avaliação da cobertura variável, levando em consideração a razão entre os valores referentes a coleção nuclear e aqueles relacionados a coleção completa e a média de todas as variáveis (KIM et al., 2007).

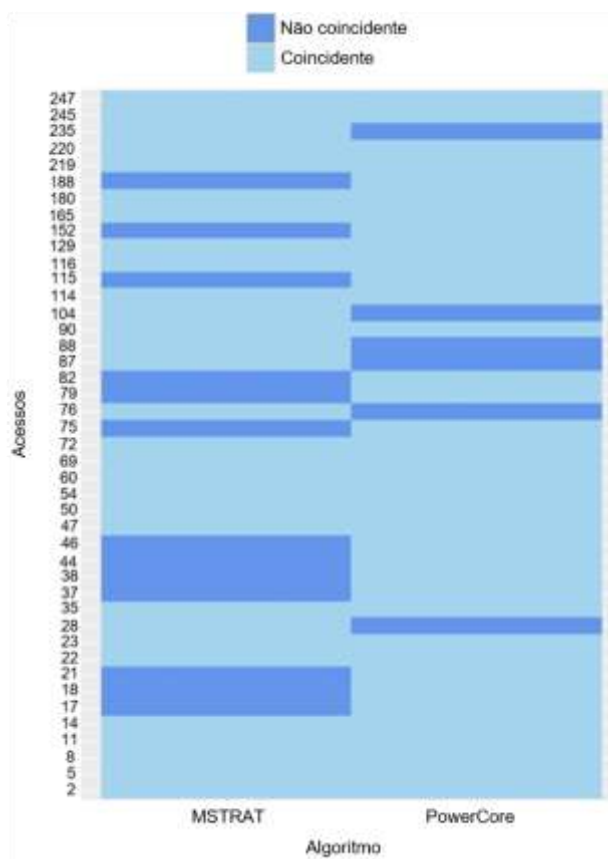


Figura 7. Relação dos acessos de mamoeiro indicados para formação das duas coleções nucleares com base nos algoritmos MSTRAT e PowerCore.

Em relação ao tipo de fruto produzido pelo mamoeiro (solo e formosa), houve uma distribuição proporcional dos acessos para as duas coleções nucleares em comparação à coleção completa (Figura 8). Além disso, as duas coleções formadas também mostraram proporções equilibradas na distribuição dos acessos em relação a origem geográfica, embora os dois algoritmos não tenham selecionado acessos oriundos da Tailândia e Guatemala. Vale ressaltar que ambos os países foram representados por apenas um acesso. Em contrapartida, o único acesso oriundo da Nicarágua foi selecionado para compor as duas coleções nucleares, o que indica alta

dissimilaridade com os demais acessos que compõe a coleção completa (Figura 9).

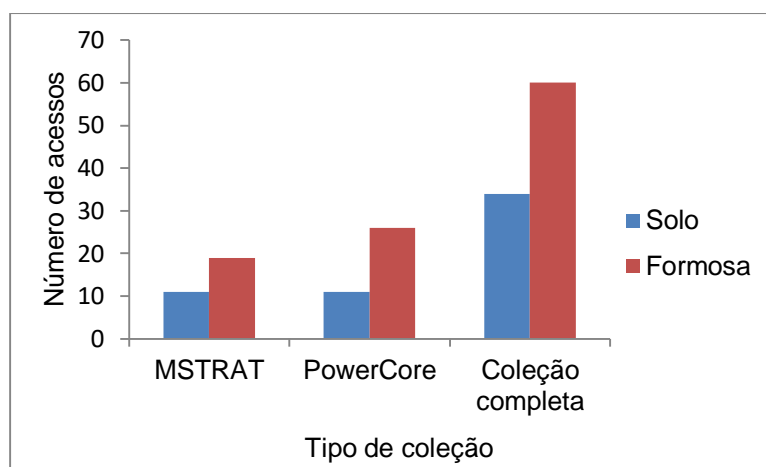


Figura 8. Distribuição dos acessos de mamoeiro de acordo com o tipo de fruto (solo e formosa) nas coleções nucleares estabelecidas com descritores morfoagronômicos de acordo com os algoritmos MSTRAT e PowerCore em comparação com a coleção completa.

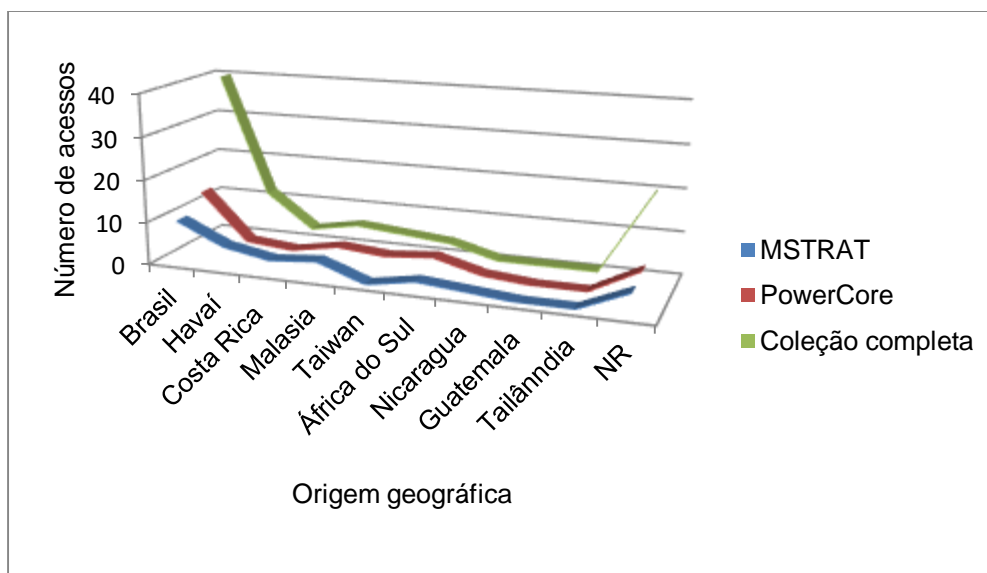


Figura 9. Distribuição dos acessos de mamoeiro de acordo com a origem geográfica nas coleções nucleares estabelecidas com descritores morfoagronômicos de acordo com os algoritmos MSTRAT e PowerCore em comparação com a coleção completa.

PowerCore onde, pode-se observar que não houve grandes discrepâncias entre as três possíveis coleções (MSTRAT, PowerCore e MSTRAT+PowerCore) (Tabela 3).

Tabela 3. Diferença média (MD%), diferença de variância (VD%), taxa de coincidência (CR%) e taxa variável (VR%) para as três possíveis coleções nucleares de mamoeiro.

Parâmetros	Coleções nucleares		
	PowerCore (37 acessos)	MSTRAT (30 acessos)	PowerCore + MSTRAT (43 acessos)
MD(%)	3,67	4,04	3,99
VD(%)	25,82	29,82	24,59
CR(%)	81,60	77,06	83,23
VR(%)	102,94	103,62	101,38

Seleção da melhor coleção nuclear

Normalmente, as coleções nucleares são compostas por 10% dos acessos da coleção original, com aproximadamente 70% da riqueza alélica encontrada na coleção completa (BROWN, 1989). Na prática, observa-se que a proporção de amostras tem variado de 5 a 20%, com 70 a 90% da diversidade (CRISTO-ARAÚJO, 2015). Vale ressaltar que o número de acessos nas coleções nucleares depende do tamanho, objetivos e necessidades de cada banco de germoplasma, considerando que, de modo geral, a representação da coleção nuclear é bastante influenciada pela natureza dos dados utilizados para caracterização e também pela estratégia de amostragem. É considerada uma boa coleção nuclear aquela que incorpora a diversidade máxima das espécies com redundância mínima, associada ao menor tamanho possível para facilitar seu manejo e uso no desenvolvimento de novas variedades (OLIVEIRA et al., 2014).

De acordo com Kumar et al. (2016), para uma coleção nuclear ser considerada representativa, o valor de MD deve ser inferior a 20%, o CR deve ser igual ou superior a 80% e o VR deve apresentar um valor superior a 100%. Sendo assim, as coleções formadas por 37 (PowerCore) e 43 acessos (PowerCore + MSTRAT) estão aptas para seleção.

Com a evolução da genética molecular, surgiram diversos tipos de marcadores moleculares permitindo a identificação direta dos genótipos em nível de DNA, superando grande parte das limitações das análises fenotípicas. Assim, estudos

dessa natureza, utilizando dados moleculares, podem ser desenvolvidos com a cultura do mamoeiro para confirmação dos resultados obtidos.

CONCLUSÃO

Como se trata de coleções de pequeno porte, a coleção formada pelos 43 acessos selecionados em conjunto pelos dois métodos (PowerCore e MSTRAT) é a mais indicada para ser utilizada no programa de melhoramento da Embrapa Mandioca e Fruticultura, uma vez que apresentou o maior valor referente à retenção da variabilidade existente na coleção completa.

A redução de 54,26% dos acessos facilitará a execução de trabalhos voltados para ampliação da base genética do mamoeiro, fator determinante para a expansão da cultura.

REFERÊNCIAS

AGRAMA, H. A.; YAN, W.; LEE, F.; FJELLSTROM, R.; CHEN, M. H.; JIA, M.; MCCLUNG, A. Genetic Assessment of a Mini-Core Subset Developed from the USDA Rice Genebank. **Crop Science**, v. 49, p. 1336-1346, 2009.

BAKKALI, A. E.; HAOUANE, H.; MOUKHLI, A.; COSTES, E.; DAMME, P. V.; KHADARI, B. Construction of Core Collections Suitable for Association Mapping to Optimize Use of Mediterranean Olive (*Olea europaea* L.) Genetic Resources. **PLOS ONE**, v. 8, n. 5, p. 1-13, 2013.

BERBERT, P. A.; CARLESSO, V. O.; SILVA, R. F.; ARAÚJO, E. F.; THIÉBAUT, J. T. L.; OLIVEIRA, M. T. R. Qualidade fisiológica de semente de mamão em função da secagem e do armazenamento. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 30, n. 1, p. 40-48, 2008.

BHATTACHARJEE, R.; DUMET, D.; ILONA, P.; FOLARIN, S. Establishment of a cassava (*Manihot esculenta* Crantz) core collection based on agro-morphological descriptors. **Plant Genet. Resour**, v.10, p.119-127, 2012.

BRAPEX. **Associação Brasileira dos Exportadores de Papaya**. Disponível em: <<http://brapex4.hospedagemdesites.ws/mamao-perspectiva-2019>>. Acesso em: 19. janeiro. 2019.

BROWN, A. H. D. Core collections: a practical approach to genetic resources management. **Genome**, v. 31, p. 818-824, 1989.

CHEN, C.; YU, Q.; HOU S.; LI, Y.J.; EUSTICE, M.; SKELTON, R.L.; VEATCH, O.; HERDES, R.E.; DIEBOLD, L.; SAW, J.; FENG, Y.; QIAN, W.; BYNUM, L.; WANG, L.; MOORE, P.H.; PAULL, R.E.; ALAM, M.; MING, R. Construction of a sequence-tagged high-density genetic map of papaya for comparative structural and evolutionary genomics in Brassicales. **Genetics**, v.177, p.2481-2491, 2007.

CHUNG, H. K.; KIM, K. W.; CHUNG, J. W.; LEE, J. R.; LEE, S. Y.; DIXIT, A.; KANG, H. K.; ZHAO, W.; MCNALLY, K. L.; HAMILTON, R. S.; GWAG, J. G.; PARK, Y. J. Development of a Core Set from a Large Rice Collection using a Modified Heuristic Algorithm to Retain Maximum Diversity. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 51, n. 12, p. 1116-1125, 2009.

COSTA, F. R.; PEREIRA, T. N. S.; SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R. Marcadores RAPD e caracteres morfoagronômicos na determinação da diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões. **Ciência Rural**, v.39, p.696-704, 2009.

CRISTO-ARAÚJO, M.; RODRIGUES, D. P.; ASTOLFI-FILHO, S.; CLEMENT, C. R. Peach palm core collection in Brazilian Amazonia. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 15, p. 18-25, 2015.

DANTAS, J. L. L.; PINTO, R. M. S.; LIMA, J. F.; FERREIRA, F.R. Catálogo de germoplasma de mamão (*Carica papaya* L.). Cruz das Almas, BA: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2000, 40 p. (Embrapa Mandioca e Fruticultura, **Documentos**, 94).

DÍEZ, C. M.; IMPERATO, A.; RALLO, L.; BARRANCO, D.; TRUJILLO, I. Worldwide core collection of olive cultivars based on simple sequence repeat and morphological markers. **Crop Science**, v. 52, p. 211-221, 2012.

FAO. **Food and agriculture organization of the United Nations for a world without hunger**. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>>. Acesso em: 19. janeiro. 2019.

FRANCO, J.; CROSSA, J.; WARBURTON, M. L.; TABA, S. Sampling strategies for conserving maize diversity when forming core subsets using genetic markers. **Crop Science**, v. 46, p. 854-864, 2006.

GOUESNARD, B.; BATALLION, T. M.; DECOUX, G.; ROZALE, C.; SCHOEN, D, J.; DAVID, J.L. MSTRAT: An algorithm for building germ plasm core collections by maximizing allelic or phenotypic richness. **The Journal of Heredity**, v. 92, n. 1, p. 93-94, 2001.

HU, J.; ZHU, J.; XU, H. M. Methods of constructing core collections by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic values of crops. **Theor Appl Genet**, v. 101, p. 264–268, 2000.

KIM, K. W.; CHUNG, H. KI.; CHO, G. T.; MA, K. H.; CHANDRABALAN, D.; GWAG, J. G.; KIM, T. S.; CHO, E. G.; PARK, Y.J. PowerCore: a program applying the

advanced M strategy with a heuristic search for establishing core sets. **Bioinformatics**, v. 23, n. 16, p. 2155-2162, 2007.

KUMAR, S.; AMBREEN, H.; VARIATH, M. T.; RAO, A. R.; AGARWAL, M.; KUMAR, A.; GOEL, S.; JAGANNATH, A. Utilization of molecular, phenotypic, and geographical diversity to develop compact composite core collection in the oilseed crop, safflower (*Carthamus tinctorius* L.) through maximization strategy. **Original Research**, v. 7, p. 1-14, 2016.

LEE, H. Y.; RO, N. Y.; JEONG, H. J.; KWON, J. K.; JO, J.; HA, Y.; JUNG, A.; HAN, J. W.; VENKATESH, J.; KANG, B. C. Genetic diversity and population structure analysis to construct a core collection from a large *Capsicum* germplasm. **BMC Genetics**, v. 17, n. 142, p. 1-13, 2016.

LI Y.; SHI, Y, CAO, Y.; WANG, T. Establishment of a core collection for maize germplasm preserved in Chinese National Genebank using geographic distribution and characterization data. **Genetic Resources and Crop Evolution**, n. 51, p. 845–852, 2004.

MARTINS, D. S.; COSTA, A. F. S. **A cultura do mamão: tecnologia e produção**. Vitória-ES: INCAPER, p. 59-102, 2003.

OLIVEIRA, L. A. **Manual de laboratório: análises físico-químicas de frutas e mandioca**. Cruz das Almas, BA: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2010, 248p.

OLIVEIRA, E. J.; FERREIRA, C. F.; SANTOS, V. S.; OLIVEIRA, G. A.F. Development of a cassava core collection based on single nucleotide polymorphism markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 3, p. 6472-6485, 2014.

R Development Core Team. R: A language and environment for statistical computing, reference index version 3.5.1. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, Available from, 2018.

SCHOEN, D. J.; BROWN, A. H. D. Conservation of allelic richness in wild crop relatives is aided by assessment of genetic markers. **Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.**, v. 90, p. 10623-10627, 1993.

SIVALINGAM, P. N.; SINGH, D.; CHAUHAN, S.; CHANGAL, H. K.; BHAN, C.; MOHAPATRA, T.; MORE, T. A.; SHARMA, S. K. Establishment of the core collection of *Ziziphus mauritiana* Lam. from India. **Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization**, v. 12, n. 1, p. 140–142, 2014.

VAN DROOGENBROECK, B.; KYNDT, T.; MAERTENS, I.; ROMEIJN-PEETERS, E.; SCHELDEMAN, X.; ROMERO-MOTOCHI, J.P.; VAN DAMME, P.; GOETGHEBEUR, P.; GHEYSEN, G. Phylogenetic analysis of the highland papayas (*Vasconcellea*) and allied genera (*Caricaceae*) using PCR-RFLP. **Theoretical and Applied Genetics**, v.108, p.1473-1486, 2004.

VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; FERREIRA, A. Estratégias de amostragem e estabelecimento de coleções nucleares. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.4, p.507-514, 2007.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O mamoeiro, *Carica papaya* L., além de apresentar expressiva importância para o Brasil, um dos principais países produtores da fruta, tem grande relevância social uma vez que utiliza de mão-de-obra durante todo o ano em função da necessidade constante de manejo. Os tratos culturais, a colheita e a comercialização dos frutos são efetuados de maneira contínua nas lavouras, além dos plantios serem renovados, em média, a cada dois anos.

Entretanto, a sustentabilidade e expansão da cultura do mamoeiro dependem do surgimento de novas variedades com características superiores, que atendam às exigências dos mercados interno e externo. Para isso, se faz necessário conhecer, avaliar e utilizar todo o potencial genético disponível no banco de germoplasma da espécie.

Uma lista com diversos descritores morfológicos e agronômicos, baseados em caracteres fenotípicos, tem sido utilizada para a caracterização de acessos de germoplasma de mamoeiro. Para auxiliar o programa de melhoramento de mamão da Embrapa Mandioca e Fruticultura, tais descritores foram utilizados para uma ampla caracterização e avaliação de todos os acessos que compõem o banco de germoplasma da referida instituição. Tais resultados possibilitaram a identificação dos descritores que mais contribuíram para a discriminação dos acessos de mamoeiro, além da detecção da diversidade genética existente dentro do BAG-Mamão.

Entretanto, o tamanho excessivo dos bancos de germoplasma tem levado à subutilização dos recursos genéticos disponíveis. Com o intuito de reverter essa situação, foi estabelecido uma coleção nuclear para o mamoeiro composta por 43 acessos que preservaram 83,26 % da diversidade genética encontrada na coleção completa. A redução de 54,26% dos acessos certamente facilitará os procedimentos clássicos de melhoramento genético, permitindo maior versatilidade e dinamismo aos trabalhos envolvendo a cultura.

Sugere-se que os acessos que compõem a coleção completa sejam caracterizados molecularmente para posterior estabelecimento de uma coleção nuclear baseada em dados genotípicos e confirmação da participação dos acessos selecionados para compor a coleção principal. Tais resultados certamente auxiliarão

na orientação de cruzamentos específicos, a fim ampliar a base genética da espécie, visando a obtenção de genótipos com características de interesse agrônomo.